

研究課題別事後評価結果

1. 研究課題名： 動的遺伝子ネットワークの多次元構造解析による高精度な細胞分化制御技術の開発

2. 研究代表者名及び主たる研究参加者名（研究機関名・職名は研究参加期間終了時点）：

研究代表者

洪 実（慶應義塾大学医学部 教授）

主たる共同研究者

阿久津 英憲（国立成育医療研究センター再生医療センター生殖医療研究部 部長）

小原 收（かずさDNA研究所 ヒトゲノム研究部 研究部長・副所長）

的場 亮（(株)DNAチップ研究所 代表取締役社長）

西村 邦裕（(株)テック 代表取締役社長）

古澤 力（理化学研究所生命システム研究センター チームリーダー）

木立 尚孝（東京大学大学院新領域創成科学研究科 准教授）

松本 拓高（理化学研究所情報基盤センター 研究員）

3. 事後評価結果

○評点：

A 優れている

○総合評価コメント：

本研究は、ヒトES細胞を対象とし、多種類の転写因子をコードする遺伝子を、1つずつ個別に発現誘導し、転写産物量変化を網羅的に解析することで、遺伝子発現を調節する転写因子ネットワークの構造、およびその動態を明らかにすることを目的とした。

プロジェクトを通して、810転写因子分のES細胞株を構築するとともに、日本で初めてヒトES加工細胞の寄託・分配の道筋をつけたことは、社会的なインパクトも含め、高く評価される。

また、網羅的な個々の転写誘導によって、ヒトES細胞の転写ネットワークに対する膨大かつ貴重なデータが得られ、データベース化を行った。本データベースの価値はこれから評価されるであろうが、様々な研究で利用される可能性があると期待している。

一方で、網羅的な解析、データの創出に多くのリソースを投資したため、データを用いたモデリングの方法論、モデルそのものを系統的に構築するには至らなかった。モデルの構築と、解析結果の早期の論文発表を求める。また、当初の目標に入っていないとはいえ、細胞株を用いて、新規の興味深い知見を引き出すという課題は、将来の発展が期待される。