

平成21年度科学研究費補助金実績報告書（研究実績報告書）

1. 機関番号 1 4 6 0 3 2. 研究機関名 奈良先端科学技術大学院大学
3. 研究種目名 若手研究 (B) 4. 研究期間 平成20年度～平成21年度
5. 課題番号 2 0 7 1 0 1 5 2
6. 研究課題名 新型遺伝子トラップ法による未知遺伝子の発掘と機能解析
7. 研究代表者

研究者番号	研究代表者名	所属部局名	職名
4 0 4 5 7 1 4 8	シゲオカ トシアキ 重岡 稔章	バイオサイエンス研究科	研究員

8. 研究分担者(所属研究機関名については、研究代表者の所属研究機関と異なる場合のみ記入すること。)

研究者番号	研究分担者名	所属研究機関名・部局名	職名
	フリガナ		
	フリガナ		
	フリガナ		
	フリガナ		
	フリガナ		

9. 研究実績の概要

下欄には、当該年度に実施した研究の成果について、その具体的内容、意義、重要性等を、交付申請書に記載した「研究の目的」、「研究実施計画」に照らし、600字～800字で、できるだけ分かりやすく記述すること。また、国立情報学研究所でデータベース化するため、図、グラフ等は記載しないこと。

レトロウイルス型遺伝子トラップベクター、あるいはメダカTo12トランスポゾン由来のDNAトランスポゾン型遺伝子トラップベクターを用いて、UPATrap法に基づいた遺伝子トラップを行い、未知遺伝子の探索・解析を試みた。これらの遺伝子トラップベクターは、遺伝子発現の有無に関わらずランダムに遺伝子を破壊することが可能である。この手法により作製された多数の変異体ES細胞クローン中のトラップベクター挿入部位の解析を行った。3'RACE法により、トラップされた遺伝子/遺伝子候補のcDNAを増幅し、塩基配列を解読した後、公共データベース (NCBI GenBank, UCSC genome browser) に対する相対性検索を行った。その結果、約31%のクローンにおいて、登録されているいかなる遺伝子配列とも一致しない未知遺伝子の候補配列がトラップされていることが判明した。また、3'RACEで増幅されたcDNA配列とゲノム配列を比較した結果、未知遺伝子候補cDNAの約15%がエクソン-イントロン構造を持ちスプライシングを受けていることが明らかになった。これらの候補配列の中から、機能的に重要な未知遺伝子を発掘するため、生物種間における塩基配列上の保存性の有無を検証した。未知遺伝子候補配列中でヒトゲノム上の塩基配列と高い保存性を示すものは約19%であったが、open reading frame (ORF) あるいはアミノ酸配列レベルでの保存性が見出される例は非常に少なかった。しかし、RT-PCR等による発現解析の結果、遺伝子トラップにより得られた未知遺伝子の候補配列中で、実際に組織特異的発現を示す遺伝子が複数存在することが確認されており、アミノ酸レベルでの保存性が見出されないcDNA配列中に、non-coding RNAとして機能する未知遺伝子が含まれる可能性が示唆された。

10. キーワード

(1) ノックアウトマウス	(2) 遺伝子トラップ	(3) ES細胞
(4)	(5)	(6)
(7)	(8)	(裏面に続く)

11. 研究発表（平成21年度の研究成果）

〔雑誌論文〕 計（0）件 うち査読付論文 計（0）件

著者名	論文標題			
雑誌名	査読の有無	巻	発行年	最初と最後の頁
			□ □ □	

著者名	論文標題			
雑誌名	査読の有無	巻	発行年	最初と最後の頁
			□ □ □	

著者名	論文標題			
雑誌名	査読の有無	巻	発行年	最初と最後の頁
			□ □ □	

〔学会発表〕 計（0）件 うち招待講演 計（0）件

発表者名	発表標題		
学会等名	発表年月日	発表場所	

〔図書〕 計（0）件

著者名	出版社		
書名	発行年	総ページ数	
	□ □ □		

12. 研究成果による産業財産権の出願・取得状況

〔出願〕 計（0）件

産業財産権の名称	発明者	権利者	産業財産権の種類、番号	出願年月日	国内・外国の別

〔取得〕 計（0）件

産業財産権の名称	発明者	権利者	産業財産権の種類、番号	取得年月日	国内・外国の別

13. 備考

※ 研究者又は所属研究機関が作成した研究内容又は研究成果に関するwebページがある場合は、URLを記載すること。

http://bsw3.naist.jp/kawaichi/naistrap.html
