

# 健康安心イノベーションプログラム基本計画

平成22年4月1日  
産業技術環境局  
製造産業局

## 1. 目的

今後、世界に類を見ない少子高齢化が進展する我が国において、国民が健康で安心して暮らせる社会を実現することは喫緊の課題である。具体的には、個の医療を通じて健康寿命の延伸、QOL（Quality of Life：生活の質）の向上を図ることが求められている。

この目的を達成するため、創薬に資する基盤技術の開発、再生医療の確立、医療機器・福祉機器の開発等の手段を適切に組み合わせることによって、健康維持増進、疾患の早期診断、及び適切な治療法の提供を実現するほか、関連産業の競争力強化・ベンチャー企業の創出を図る。

## 2. 政策的位置付け

### ○新成長戦略（基本方針）（2009年12月30日）

強みを活かす成長分野として「グリーン・イノベーション」分野と「ライフ・イノベーション」分野を策定、人材育成や技術開発を後押しするほか、需要を創造すると同時に利用者の立場に立った社会ルールの変更に取り組む。また、政府は新たな分野に挑戦する人々を支援するとしている。

### ○革新的医薬品・医療機器創出のための5か年戦略（2009年2月12日改訂）

内閣府、文部科学省、厚生労働省及び経済産業省の間において革新的な医薬品・医療機器の創出に向け、研究資金の集中投入、ベンチャー企業の育成、臨床研究・治験環境の整備、アジアとの連携、薬事法における審査の迅速化・質の向上、イノベーションの適切な評価、官民対話等、研究から上市に至る過程の一貫かつ集中的な支援を実施することとしている。

### ○「ドリームBTジャパン」（2008年12月11日BT戦略推進官民会議）

2002年に策定した「バイオテクノロジー戦略大綱」以降、バイオテクノロジーをめぐる状況が変化してきたことを背景に、新産業の育成・創出、食糧問題解決、バイオマス利活用等の課題に対処すべく、イノベーション強化11項目や官民が協働で取り組むべき最重点課題を策定した。

### ○新経済成長戦略のフォローアップと改訂（2008年9月19日閣議決定）

2006年6月に経済産業省がとりまとめた「新経済成長戦略」を、資源価格の高騰等の構造変化を踏まえフォローアップと改訂を行った。「資源生産性競争」時代における経済産業構造の構築、世界市場獲得と持続的発展のためのグローバル戦略の再構築、地域・中小企業・農林水産業・サービスの未来志向の活性化を3つの柱として、「新経済成長戦略」を強化した。

○「iPS細胞研究の推進について（第一次とりまとめ）」（2008年7月3日総合科学技術会議 iPS細胞研究WG）

iPS細胞研究の成果がもたらす医療への波及効果や新しいバイオインダストリーの進展等について検討を行い、iPS細胞研究を推進するための研究推進体制、国の支援の在り方、知的財産戦略、国際化協力の在り方等を取りまとめた。

○「イノベーション25」（2007年6月閣議決定）

生涯健康な社会形成に向けて中長期的に取り組むべき課題として、治療重点の医療から予防・健康増進を重視する保健医療体系の転換、生命倫理・安全性と医療技術促進政策の調和などをとりあげ、再生医療及び在宅医療・介護に係る社会還元加速プロジェクトを実施するとともに、臨床研究・臨床への橋渡し研究をはじめとする研究開発ロードマップの提示により所要の措置を講じていくこととしている。

○がん対策推進基本計画（2007年6月閣議決定）

がん対策基本法に基づき、国、地方公共団体及び関係者等が、がん対策を総合的かつ計画的に推進するために策定された基本方針であり、取り組むべき施策の一つとして「がん研究」が取り上げられている。具体的には、現状、診断薬・診断機器の開発、治療薬・治療機器の開発等が推進されているが、さらに、有用な早期診断技術についての研究開発の推進等に取り組むことが提示されている。

○新健康フロンティア戦略（2007年4月新健康フロンティア戦略賢人会議）、同アクションプラン（2007年12月）

健康寿命の延伸や生活の質の向上を図ることを目的として策定された新健康フロンティア戦略及び新健康フロンティア戦略アクションプランの中で、「人間の活動領域の拡張に向けた取組」及び「医療・福祉技術のイノベーション」において、「先進的予防・診断・治療技術の開発」や「医薬等ベンチャー・基盤産業支援対策」等の施策が提示されている。

### 3. 達成目標

- ①医薬品開発の成功確率の向上に資する技術開発や、基礎研究から臨床への橋渡し研究等を通じた、医薬品の上市期間の短縮や開発コストの低減を図る。
- ②再生医療の早期実現を目標とし、産業化を促進する。
- ③医療機器<sup>1</sup>など先進的な技術開発等の推進による国際競争力の強化、厚生労働省との連携事業（医療機器開発ガイドラインの策定など）による開発から製品に至るまでの期間の短縮等を達成する。
- ④高齢者・障害者の自立促進や介護者の負担軽減等のため、優れた技術や創意工夫のある福祉機器の実用化支援を行う。

<sup>1</sup> 医療機器は、画像診断システムなどの「診断機器」、内視鏡下手術支援システムなどの「治療機器」、その他家庭用医療機器、歯科材料、眼科用品を含む。

#### 4. 研究開発内容

##### I. 創薬・診断

##### I-1. 革新的医薬品の創出

##### (1) 糖鎖機能活用技術開発（運営費交付金）

###### ①概要

我が国が強みを持つ糖鎖工学分野において、これまでに取得・開発した「糖鎖遺伝子ライブラリー」「糖鎖構造解析技術」「糖鎖合成技術」を活用し、癌や感染症など様々な疾病に関与する糖鎖の機能を解析する基盤技術を確立し、我が国の優位性を維持するとともに、創薬・診断等の分野における糖鎖機能の産業利用の促進を図る。

###### ②技術目標及び達成時期

2010年度までに、糖鎖や糖タンパク質などの機能を分子レベルで効率的に解明するための基盤技術、糖鎖の機能解析・検証技術、及び、有用性が認められた糖鎖機能を産業利用するための基盤技術を開発する。

###### ③研究開発期間

2006年度～2010年度

##### (2) ゲノム創薬加速化支援バイオ基盤技術開発（化合物等を活用した生物システム制御基盤技術開発）（運営費交付金）

###### ①概要

我が国が強みとする完全長cDNAライブラリーやタンパク質相互作用解析技術等を最大限に活用し、重要なタンパク質ネットワーク解析等により創薬の対象となるタンパク質の効率的な絞り込みを行うとともに、疾患等の生物現象を制御する化合物の探索まで、一貫した技術開発を行う。

###### ②技術目標及び達成時期

2010年度までに、超高速・高感度にタンパク質の相互作用を解析する技術や疾患を制御する化合物の探索・評価技術を開発する。

###### ③研究開発期間

2006年度～2010年度

##### (3) ゲノム創薬加速化支援バイオ基盤技術開発（創薬加速に向けたタンパク質構造解析基盤技術開発）

###### ①概要

創薬上重要な膜タンパク質は複合体を形成していることも多く、その構造解析及び相互作用の情報を取得することは創薬研究において重要であるが、その解析は非常に困難である。そこで、膜タンパク質やその複合体の構造情報を取得する新たな技術等の開発に向けて、タンパク質の立体構造及びその構造変化や膜タンパク質複合体の構造情報等の解析及び構造情報を基にした高精度なシミュレーション技術を開発する。

②技術目標及び達成時期

2011年度までに生体内に近い状態での膜タンパク質及びその複合体の構造解析手法、リガンド分子との相互作用解析手法を確立するとともに、当該技術から得られた情報に基づく in silico スクリーニング手法を確立する。

③研究開発期間

2007年度～2011年度

(4) 新機能抗体創製技術開発 (運営費交付金)

①概要

ポストゲノム研究や診断・創薬等において重要となっている機能を有する抗体を創製するため、創薬標的として産業利用上重要だが、解析が困難な膜タンパク質やタンパク質複合体を特異的に認識できる抗体を系統的に作成する技術や抗体の分離・精製を高効率に行うための技術の開発を行う。

②技術目標及び達成時期

2010年度までに、産業上有用と考えられるタンパク質やその複合体を特異的に認識する抗体を創製するための基盤技術、及び、製造コスト低減に向けた抗体の分離・精製等を高効率に行う技術を開発する。

③研究開発期間

2006年度～2010年度

(5) 基礎研究から臨床研究への橋渡し促進技術開発 (運営費交付金)

①概要

がん対策等の国民医療高度化を目指し、急速に発展している多様なバイオ技術の融合と医療現場への円滑な橋渡しによるイノベーションの創出・加速のため、総合科学技術会議のもと文部科学省及び厚生労働省と連携し、橋渡し研究の強化に一体的に取り組む。具体的には、民間企業と臨床研究機関（文部科学省や厚生労働省が整備する橋渡し研究拠点等）が一体となって行う、医薬品、医療機器、診断ツール等の開発を推進する。

②技術目標及び達成時期

2011年度までに医療現場及び臨床研究からのフィードバックに基づく研究開発により、医薬品、医療機器、診断ツール等の研究開発成果を円滑に実用化につなげる仕組みを確立する。

③研究開発期間

2007年度～2012年度

(6) 幹細胞産業応用促進基盤技術開発 (運営費交付金)

①概要

創薬プロセス効率化や再生医療への応用が期待される iPS 細胞等幹細胞について、産業応用に不可欠な基盤技術の開発や、iPS 細胞に関連した産業応用例創出の促進を行う。

## ②技術目標及び達成時期

2013年度までに、安全で効率的なiPS細胞の作製技術を開発するとともに、産業応用に繋げるために必要となるiPS等幹細胞の選別・評価・製造技術を開発し、産業上利用可能な創薬スクリーニングシステムを確立する。

## ③研究開発期間

2009年度～2013年度

## (7) 後天的ゲノム修飾のメカニズムを活用した創薬基盤技術開発

### ①概要

がんや生活習慣病などの後天的疾患の原因として重要な因子である「後天的な遺伝子の変化（後天的ゲノム修飾）」を解析する技術や疾患との関連づけにより診断の指標を特定する手法の開発等を実施する。

### ②技術目標及び到達時期

2014年度までに、後天的ゲノム修飾解析技術開発として、極微量サンプルに対応した解析技術の高精度・高感度化、システム化を行うとともに、開発した技術やモデル動物等を活用し、後天的ゲノム修飾と疾患との関連づけを行う。また、探索的実証研究として、制御因子の探索・同定、制御に関する検証を行う。

### ③研究開発期間

2010年度～2014年度

## I-2. 診断ツールの開発

### (1) 個別化医療実現のための技術融合バイオ診断技術開発（運営費交付金）

#### ①概要

我が国が有する微細加工技術・表面処理技術といったナノテク等の強みを活かし、染色体異常を高感度、高精度かつ迅速、安価で非コード領域までを検出するゲノムアレイや解析基盤技術開発を行うとともに、診断への応用を可能とする全自動解析システムの開発を行う。

#### ②技術目標及び達成時期

2010年度までに、BACを用いた非コード領域を含むゲノム全領域を検出できる高精度ゲノムアレイを開発する。さらに、臨床現場において、微量サンプル（数ナノグラム）から、12時間以内に染色体異常（増幅、欠失、コピー数多型等）を、低コストかつ定量性・再現性を確保して検出ができる自動染色体異常解析システムのプロトタイプを開発する。

#### ③研究開発期間

2006年度～2010年度

### (2) 糖鎖機能活用技術開発（運営費交付金）【再掲】

### (3) 基礎研究から臨床研究への橋渡し促進技術開発（運営費交付金）【再掲】

### I-3. 創薬・診断に係る基盤整備

#### (1) 統合データベースプロジェクト

##### ①概要

ライフサイエンス分野では、自身の研究成果と既存の研究成果と対比することにより、自身の研究成果の仮説を考案する手がかりが得られたり、新しい実用化の発想が得られたりする可能性があるため、国家プロジェクト等により産生された研究データを一括して活用できるデータベースが、産業界や社会から要望されている。

このため、政府全体の“生命科学データベース統合化の取組”の一環として、経済産業省関連の公的資金研究から産出される研究データを、産業上の有用性を評価のうえ、統合化し、産業界等に提供する。

##### ②技術目標及び達成時期

2010年までに経済産業省関連機関により実施されたライフサイエンス分野の研究開発プロジェクトの成果に関する情報提供サイトを構築・運用する。また、ヒト遺伝子に関連した各種研究成果に関しては、平成17～19年度に実施したゲノム情報統合プロジェクトにおいて構築した「ヒト全遺伝子のアノテーション統合データベース (H-Invitational)」を基礎として、経済産業省関連の研究成果を連携して利用できるシステムを構築する。

##### ③研究開発期間

2008年度～2010年度Ⅱ. 再生医療

## Ⅱ. 再生医療

### Ⅱ-1. 再生医療の実用化

(1) 次世代機能代替技術研究開発事業（うち、次世代再生医療技術研究開発）（運営費交付金）

#### ①概要

生体内で自己組織の再生を促すセルフフリー型再生デバイスや、少量の細胞により生体内で自律的に成熟する自律成熟型再生デバイスの実用化を促進するとともに、これら再生デバイスにおける有効性・安全性の評価技術等を確立する。

#### ②技術目標及び達成時期

2014年度までに、生体内で自己組織の再生を促進するための細胞外マトリクス、幹細胞誘導・分化促進因子等の再生医療技術を確立し、工学的技術との組み合わせにより、セルフフリー型再生デバイス及び自律成熟型再生デバイスを作製する。また、それらを用いて再生した組織等の有効性・安全性に関して、低侵襲で高精度な評価技術の標準化に取り組む。さらに、開発する再生デバイスを低侵襲に植込む技術を確立する。

#### ③研究開発期間

2010年度～2014年度

(2) 基礎研究から臨床研究への橋渡し促進技術開発（運営費交付金）【再掲】

### Ⅱ-2. 再生医療に係る基盤整備

## (1) 医療機器開発ガイドライン策定事業

### ①概要

医療機器産業への投資、新規企業参入、医療機器研究開発の促進及び薬事法審査の円滑化・迅速化にも資する「医療機器開発ガイドライン」を厚生労働省との連携の下、産学の協力を得て、個別の機器ごとに策定し、国内での機器開発促進の環境整備を図るとともに、医療機器産業に製品として、または部品・部材の供給として参入しやすい環境を整備するための方策を検討し、医療機器分野の活性化・国際競争力の強化を図る。

### ②技術目標及び達成時期

2010年度までに、今後実用化が期待される先進的な医療機器について、工学的安定性や生物学的安定性等に関する詳細な評価基準を策定し、開発ガイドラインとして取りまとめる。また、平成21年度事業において検討・整理された医療機器産業への参入を促す方策や部材供給の活性化方策の具体化を図るため、様々なマッチング機会をコーディネートする人材育成や事業者の海外展開支援策並びに部材供給取引契約にかかるガイドラインの作成及びPL保険のあり方や普及方法等についてさらに検討を加え、医療機器産業の活性化に資するものとする。

### ③研究開発期間

2008年度～2010年度

## III. 医療機器

### III-1. 医療機器の開発

#### (1) がん超早期診断・治療機器総合研究開発プロジェクト（運営費交付金）

##### ① 概要

がんの診断・治療の革新を一体の課題として捉え、多様な治療法選択が可能なより早期のステージのがんに対して、治療方針を決定するために必要ながん性状、並びに位置に関する正確な情報を確実に取得し、得られた診断情報に基づく侵襲性の低い治療を可能とすることで、患者のQOLを向上させる。

##### ② 技術目標及び到達時期

診断機器システムとしては、分子プローブ等の薬剤並びにそれらの薬剤を用いる高感度・高解像度な画像診断システム、病理診断の効率・信頼性を向上させる病理画像等診断支援システム、遺伝子診断の信頼性を向上させる検体前処理技術を備えた血中がん分子・遺伝子診断システム等を開発する。

治療機器システムとしては、より侵襲性の低い外科的治療を実現する内視鏡下手術支援システム並びに高精度で容易なオペレーションを可能とするX線治療機器を開発する。

##### ③ 研究開発期間

2010年度～2014年度

(うち、内視鏡下手術支援システムは 2007年度～2011年度)

#### (2) 基礎研究から臨床研究への橋渡し促進技術開発（運営費交付金）【再掲】

(3) 次世代機能代替技術研究開発事業（うち次世代心機能代替治療技術研究開発）（運営交付金）

①概要

小柄な体格にも適用可能な小型の製品で、血栓形成や感染を防ぎ、長期在宅使用が可能な植込み型補助人工心臓を開発する。

②技術目標及び達成時期

2014年度までに、小児を含めた小柄な患者への適用を可能とする、長期使用可能な小型の植込み型補助人工心臓を作製するとともに、有効性及び機械的・電氣的・生物学的な安全性の評価を行う。

③研究開発期間

2010年度～2014年度

Ⅲ－2. 医療機器の開発に係る基盤整備

(1) 医療機器開発ガイドライン策定事業【再掲】

①概要

医療機器産業への投資、新規企業参入、医療機器研究開発の促進及び薬事法審査の円滑化・迅速化にも資する「医療機器開発ガイドライン」を厚生労働省との連携の下、産学の協力を得て、個別の医療機器ごとに策定し、国内での機器開発促進の環境整備を図るとともに、医療機器産業に製品として、または部品・部材の供給として参入しやすい環境を整備するための方策を検討し、医療機器分野の活性化・国際競争力の強化を図る。

②技術目標及び達成時期

2010年度までに、今後実用化が期待される先進的な医療機器について、工学的安定性や生物学的安定性等に関する詳細な評価基準を策定し、開発ガイドラインとして取りまとめる。また、平成21年度事業において検討・整理された医療機器産業への参入を促す方策や部材供給の活性化方策の具体化を図るため、様々なマッチング機会をコーディネートする人材育成や事業者の海外展開支援策並びに部材供給取引契約にかかるガイドラインの作成及びPL保険のあり方や普及方法等についてさらに検討を加え、医療機器産業の活性化に資するものとする。

③研究開発期間

2008年度～2010年度

Ⅳ. 福祉機器

Ⅳ－1. 福祉機器の開発

(1) 福祉用具実用化開発推進事業（運営費交付金）

①概要

「福祉用具の研究開発及び普及の促進に関する法律」（福祉用具法）に基づき、高齢者・障害者及び介護者の生活の質の向上を目的として、生活支援分野、社会活動支援分野を中心とした福祉用具の実用化開発を行う民間企業等に対し、研究開発費



用の2/3以内を補助することで、多様な福祉ニーズに対応するとともに、当該分野における新産業の創出、成長の促進に資する。

②技術目標及び達成時期

高齢者、障害者の生活支援、社会参加支援に資する福祉用具の実用化開発を促進することにより、高齢者等の生活における負担の軽減を図り、安全で安心のできる生活を実現する。より具体的な目標として、各々の補助対象事業終了後3年経過した時点で50パーセント以上を製品化する。

③研究開発期間

1993年度～

IV-2. 福祉機器の開発に係る基盤整備

(1) 福祉機器情報収集・分析・提供事業

①概要

福祉用具法に基づき、民間による福祉機器の実用化のための研究開発を促進するため、福祉機器に関する産業技術に係る情報の収集・分析・提供事業を実施することで、当該分野における福祉機器の普及や新規産業の創出・成長の促進を図る。

②技術目標及び達成時期

各年において福祉機器に係るニーズ等の調査の実施及び福祉用具実用化推進事業で開発された福祉機器の各種展示会等への出展による情報収集・分析・情報の提供を実施する。

③研究開発期間

1993年度～

5. 政策目標の実現に向けた環境整備（成果の実用化、導入普及に向けた取組）

[標準化]

- ・各プロジェクトで得られた成果のうち、標準化すべきものについては、適切な標準化活動（国際規格（ISO/IEC）、日本工業規格（JIS）、その他国際的に認知された標準の提案等）を実施する。具体的には、統合データベースの情報やインターネットに公開されている情報資源等を相互運用するために、必要なデータ形式、フォーマット等の標準化を推進する。
- ・高齢者等支援機器については、関係省庁との緊密な連携の下、標準化等の手法による実用化及び普及の方策を検討する。

[導入普及促進]

- ・ゲノム研究の進展は、個人遺伝情報を用い、情報技術を駆使した幅広い医療・健康サービスによる人々の健康や福祉の向上、さらには新しい医療・健康サービス産業の育成に重要な役割を果たそうとしているが、その際、人権を尊重し、社会の理解と協力を得て、個人遺伝情報の厳格な管理の下で適正に事業を実施することが不可欠である。そのため、個

人遺伝情報を安全に保護するために作成した事業者が遵守すべきルール「経済産業分野のうち個人遺伝情報を用いた事業分野における個人情報保護ガイドライン（2004年12月17日告示）」（個人遺伝情報保護ガイドラインという）を適切に運用する。

#### [産業間連携]

- ・バイオベンチャーは商品を市場に送り出すまでに長期間を要する、研究開発のために多額の資金調達を必要とする、事業を行うために様々な規制・審査を経る必要がある等、他業種のベンチャー企業と比較して困難な問題を抱えていることが多い。そのため、バイオベンチャーの様々な問題に対して施策への反映を検討し、補助金等の施策の紹介を通じてバイオベンチャー振興を図る。
- ・「産業クラスター計画」に基づき、全国のバイオクラスターにおいて、企業間のネットワーク形成の支援、産学連携による研究開発プロジェクトの支援、地域系ベンチャーファンドによる資金調達支援等を実施していく。
- ・医療の進歩・国民の健康に貢献する医療機器・用具の産業技術力向上及び国際競争力強化を目指し、研究開発から市場化までのすべてのプロセスにおけるマクロな戦略の検討と、医療機器の重要性について社会的認知の向上を実現するための仕組み及び個別プロジェクトの形成をはかることを使命とした「医療技術産業戦略コンソーシアム（METIS）」が平成13年に設立され、平成21年10月より第4期に入っている。

#### [プロジェクト等間の連携について]

- ・ゲノム創薬加速化支援バイオ基盤技術開発（化合物等を活用した生物システム制御基盤技術開発）については、タンパク質機能解析・活用プロジェクトの成果を活用することで、超高速・高感度にタンパク質の相互作用を解析する技術を開発する。
- ・ゲノム創薬加速化支援バイオ基盤技術開発（創薬加速に向けたタンパク質構造解析基盤技術開発）については、「生体高分子立体構造情報解析」の成果を活用することで、膜タンパク質やその複合体の構造情報を取得する新たな技術等の開発に向けて、タンパク質の立体構造及びその構造変化や膜タンパク質複合体の構造情報等の解析及び構造情報を基にした高精度なシミュレーション技術を開発する。
- ・糖鎖機能活用技術開発については、糖鎖合成関連遺伝子ライブラリー構築、糖鎖エンジニアリングプロジェクトの成果を活用することで、糖鎖の機能を効率的に解析するための基盤技術を開発する。
- ・ゲノム創薬加速化支援バイオ基盤技術開発の「化合物等を活用した生物システム制御基盤技術開発」、「創薬加速に向けたタンパク質構造解析基盤技術開発」については、必要に応じ、各々の成果を活用し、効率的、効果的な研究開発を図る。

#### [関係機関との連携]

- ・総合科学技術会議が推進する基本政策推進専門調査会 分野別推進総合PT ライフサイエンスPT及び科学技術連携施策（「生命科学の基礎・基盤」、「臨床研究・臨床への橋渡し研究」）の下、各プロジェクトについて、関係府省との適切な連携を図る。

#### [その他]

・一段と激化する特許戦争の中、成果実用化・効率的な研究開発を推進するため、プロジェクト企画段階から、研究テーマ周辺の論文及び特許状況のサーベイ実施やプロジェクト実施段階における特許出願後の事業化構想等、特許に関する戦略的取組（プロパテントアプローチの導入）を実施する。

・医療機器の審査体制の強化による薬事法審査の迅速化の観点から、2004年より独立行政法人産業技術総合研究所の工学系研究者を独立行政法人医薬品医療機器総合機構へ派遣しているところである。

・福祉機器においても、中小企業等産業側の観点を福祉政策に活かすため2008年より独立行政法人産業技術総合研究所の職員を厚生労働省に派遣中である。

## 6. 研究開発の実施に当たっての留意事項

事業の全部又は一部について独立行政法人の運営費交付金により実施されるもの（事業名に（運営費交付金）と記載したものは、中期目標、中期計画等に基づき、運営費交付金の総額の範囲内で、当該独立行政法人の裁量によって実施されるものである。

なお、適切な時期に、実用化・市場化状況等について検証する。

## 7. 改訂履歴

- (1) 平成12年12月28日付けがん・心疾患等対応高度医療機器プログラム制定。
- (2) 平成14年2月26日付け健康維持・増進のためのバイオテクノロジー基盤研究プログラム基本計画制定。
- (3) 平成14年2月28日付け健康寿命延伸のための医療福祉機器高度化プログラム基本計画制定。がん・心疾患等対応高度医療機器プログラム（平成12・12・27工総第13号）は、廃止。
- (4) 平成15年1月27日付け健康維持・増進のためのバイオテクノロジー基盤研究プログラム基本計画制定。健康維持・増進のためのバイオテクノロジー基盤研究プログラム基本計画（平成14・02・25産局第4号）は、廃止。
- (5) 平成15年3月10日付け健康寿命延伸のための医療福祉機器高度化プログラム基本計画制定。健康寿命延伸のための医療福祉機器高度化プログラム基本計画（平成14・02・05産局第2号）は、廃止。
- (6) 平成16年2月3日付け制定。健康維持・増進のためのバイオテクノロジー基盤研究プログラム基本計画（平成15・01・23産局第4号）及び健康寿命延伸のための医療福祉機器高度化プログラム基本計画（平成15・03・07産局第17号）は、本プログラム基本計画に統合することとし、廃止。
- (7) 平成17年3月31日付け制定。健康安心プログラム基本計画（平成16・02・03産局第12号）は、廃止。
- (8) 平成18年3月31日付け制定。健康安心プログラム基本計画（平成17・03・25産局第1号）は、廃止。
- (9) 平成19年4月2日付け制定。健康安心プログラム基本計画（平成18・03・31産局第2号）は、廃止。
- (10) 平成20年4月1日付け制定。健康安心プログラム基本計画（平成19・03・20産局第5号）は、廃止。

- (11) 平成21年4月1日付け制定。健康安心プログラム基本計画（平成20・03・25産局第6号）は廃止。
- (12) 平成22年4月1日付け制定。健康安心プログラム基本計画（平成21・03・26産局第3号）は廃止。

(健康安心イノベーションプログラム)  
「機能性 RNA プロジェクト」基本計画

バイオテクノロジー・医療技術開発部

## 1. 研究開発の目的・目標・内容

### (1) 研究開発の目的

本研究開発は、創薬に資する基盤技術の開発、再生医療の確立、医療機器・福祉機器の開発等の手段を適切に組み合わせることによって、健康維持増進、疾患の早期診断、及び適切な治療法の提供を実現し、個の医療を通じた健康寿命の延伸、生活の質の向上を図り、今後、成果に類を見ない少子高齢化が進展する我が国において、国民が健康で安心して暮らせる社会の実現をめざすことを目的とする「健康安心イノベーションプログラム」の一環として実施する。

Non-coding RNA (ncRNA : 非コード RNA) は、タンパク質をコードする mRNA 以外の RNA の総称である。細胞内に存在する全転写産物には相当量の ncRNA が存在することが推測されており、細胞機能を理解する上でそれらの機能解析は欠くことのできない重要課題である。昨今、このように機能を有すると推定される ncRNA、即ち、機能性 RNA による遺伝子発現調節機構が生命の発生や細胞の分化に重要な役割を果たすことが明らかになりつつある。したがって、生体における機能性 RNA の機能を解析し、その機能の抑制や促進による生体応答を総合的に把握する基盤研究をさらに強力に進めることは、再生医療や疾患治療等の実現に資する重要な課題である。

本プロジェクトにおいては、バイオインフォマティクスの活用による機能性 RNA を推定する技術の開発、機能性 RNA 解析のための新たな支援技術・ツールの開発、及び機能性 RNA の機能解析を実施する。これらを通して、その遺伝子発現調節機構を明らかにすることにより、細胞分化誘導因子、遺伝子発現抑制因子、タンパク質翻訳調節因子等の機能を持った機能性 RNA を同定し、成果をすばやく特許化することにより、バイオの新たな基盤形成を目指す。これにより、再生医療や RNA 医療、遺伝子治療、疾患治療等、産業応用の促進、新産業の創出が期待される。また同時に、機能性 RNA を解析する手法及びツールの開発により、機能性 RNA 解析研究を飛躍的に進めることで、本分野における我が国の優位性の確立を目指す。

### (2) 研究開発の目標

(最終目標：平成 21 年度)

機能性 RNA 候補をゲノム上から推測するバイオインフォマティクス技術を確立する。また、機能性 RNA を高感度、定量的かつ網羅的に捉える新しい方法、手法の確立と、機能性 RNA をゲノムワイドに解析するためのツールを確立する。これらのツールを活用して、機能性 RNA の機能解明に取り組む。また、ヒト疾患に関連する機能性 RNA 及び発生・分化などをはじめ細胞機能に重要な働きを示す数十個の機能性 RNA 候補の機能解析を行い、医薬品開発や再生医療等に有用な基盤知見の取得や、基盤技術の構築を目指す。

(中間目標：平成 19 年度)

二次構造、機能を有する RNA 配列を推測する。機能性 RNA の分子機構の発現に必須の因子を同定するとともに、必要な実験系の確立を行う。また、疾患関連等の細胞をターゲットに機能解析を行

うことができる実験系を確立する。

### (3) 研究開発の内容

上記目標を達成するために、以下の研究開発項目について、別紙の研究開発計画に基づき研究開発を実施する。

- ① 機能性 RNA の探索・解析のためのバイオインフォマティクス技術の開発
- ② 機能性 RNA 解析のための支援技術・ツールの開発
- ③ 機能性 RNA の機能の解明

## 2. 研究開発の実施方式

### (1) 研究開発の実施体制

本研究開発は、平成17年度に経済産業省産業技術環境局研究開発課及び製造産業局生物化学産業課において基本計画を策定し事業を実施したが、平成18年度以降は、独立行政法人新エネルギー・産業技術総合開発機構（以下「NEDO技術開発機構」という）において委託して実施する。「委託契約事務の取扱いに関する機構達（平成15年機構達第8号）第14条 公募によらない場合の適用基準」に基づき、NEDO技術開発機構において公募による研究開発実施者の選定は行わない。

また、独立行政法人産業技術総合研究所バイオメディシナル情報研究センター 研究技術統括 渡辺公綱氏を研究開発責任者（以下「プロジェクトリーダー」という）とし、その下に研究者を可能な限り結集して効果的な研究開発を実施する。

### (2) 研究開発の運営管理

研究開発全体の管理・執行に責任を有するNEDO技術開発機構は、経済産業省及びプロジェクトリーダーと密接な関係を維持しつつ、プログラムの目的及び目標、並びに本研究開発の目的及び目標に照らして適切な運営管理を実施する。具体的には、必要に応じて、NEDO技術開発機構に設置する委員会及び技術検討会等、外部有識者の意見を運営管理に反映させる他、四半期に1回程度プロジェクトリーダー等を通じて研究開発の進捗について報告を受けること等を行う。

## 3. 研究開発の実施期間

本研究開発の期間は、平成17年度から平成21年度までの5年間とする。

## 4. 評価に関する事項

NEDOは、技術的及び政策的観点から、研究開発の意義、目標達成度、成果の技術的意義並びに将来の産業への波及効果について、外部有識者による研究開発の中間評価を平成19年度に、事後評価を平成22年度に実施する。また、中間評価結果を踏まえ必要に応じ、プロジェクトの加速、縮小、中止等見通しを迅速に行う。なお、評価の時期については、当該研究開発に係わる技術動向、政策動向や当該研究開発の推進状況等に応じて、前倒しする等、適宜見

直するものとする。

## 5. その他の重要事項

### (1) 研究開発成果の取扱い

#### ①共通基盤技術の形成に資する成果の普及

得られた成果のうち、下記共通基盤技術に係る研究開発成果については、実施者において普及に努めるものとする。

- (a) 機能性 RNA の探索・解析のためのバイオインフォマティクス技術
- (b) 機能性 RNA 解析のための支援技術・ツール
- (c) 機能性 RNA の機能の解明に係る技術

#### ②知的基盤整備事業又は標準化等との連携

得られた研究開発成果については、知的基盤整備又は標準化との連携を図るため、データベースへのデータの提供、標準情報（TR）制度への提案等に努めることとする。

#### ③知的所有権の帰属

委託研究開発の成果に関わる知的財産権については、「独立行政法人新エネルギー・産業技術総合開発機構新エネルギー・産業技術業務方法書」第25条の規定等に基づき、原則として、すべて受託先に帰属させることとする。

#### ④成果の産業化

- a) 受託者は、本研究開発から得られる研究開発成果の産業面での着実な活用を図るため、本研究開発の終了後に実施すべき取り組みのあり方や研究開発成果の産業面での活用のビジネスモデルを立案するとともに、立案した取り組みのあり方とビジネスモデルについて、研究開発の進捗等を考慮して、本研究開発期間中に必要な見直しを行う。
- b) 受託者は、上記 a) で立案した取り組みとビジネスモデルを本研究開発終了後、実行に移し、成果の産業面での活用に努めるものとする。

### (2) 基本計画の変更

NEDO技術開発機構は、研究開発内容の妥当性を確保するため、社会・経済的状況、内外の研究開発動向、政策動向、プログラム基本計画の変更、第三者の視点からの評価結果、研究開発費の確保状況、当該研究開発の進捗状況等を総合的に勘案し、達成目標、実施期間、研究開発体制等、基本計画の見直しを弾力的に行うものとする。

### (3) 根拠法

本研究開発は、独立行政法人新エネルギー・産業技術総合開発機構法第15条第1項2号に基づき実施する。

### (4) 関連指針の厳守

当該プロジェクトの実施にあたっては、「ヒトゲノム・遺伝子解析研究に関する倫理指針」（平成13年度文部科学省・厚生労働省・経済産業省告示第1号）等、研究開発関連の指針を厳守しなければならない。また、本研究開発成果の事業化においては、「経済産業分野のうち個人情報を用いた事業分野における個人情報保護ガイドライン」（平成16・12・24製局第1号）を厳守しな

ければならない。

#### 6. 基本計画の改訂履歴

- (1) 平成18年3月制定。ただし、本事業は、平成17年度に経済産業省の直轄事業として開始され、経済産業省において基本計画が策定されている。
- (2) 平成20年6月、[イノベーションプログラム基本計画の制定により、「\(1\) 研究開発の目的」の記載を改訂](#)。また、人事異動に伴いプロジェクトリーダーの所属・役職を改訂。



## (別紙) 研究開発計画

### 研究開発項目①「機能性RNAの探索・解析のためのバイオインフォマティクス技術の開発」

#### 1. 研究計画の必要性

膨大な塩基配列データから、機能を持つRNA配列部分をすべて実験によって発見することは困難であるため、ゲノム配列・cDNA配列などから機能性RNAを網羅的に発見する情報技術が必要である。また、配列類似性と同時に二次構造が重要な機能性RNAの情報解析には、既存の配列相同性解析だけでは不十分であり、機能性RNAに特化したバイオインフォマティクスの研究開発が必要である。さらに、本プロジェクト等で得られた情報を広く一般に効果的に活用するために、そのデータベースを構築することが必要である。

#### 2. 研究開発の具体的内容

機能性RNA配列を予測するバイオインフォマティクス手法の開発を実施する。また、このような技術等を活用し、ゲノム配列からの機能性RNAの網羅的な予測を行い、さらに機能性RNAのデータベースを構築する。

##### (1) 機能性RNAに特化したバイオインフォマティクス技術の開発

二次構造の類似性を考慮できるRNA配列に特化した、配列比較・検索手法を開発する。また、RNA配列の整列、配列群からの二次構造予測、機能推定を行う情報技術を開発する。また、機能性RNAをターゲットとするマイクロアレイ情報の解析技術を開発する。

##### (2) ゲノム配列からの機能性RNAの網羅的予測

機能性RNAに特化したバイオインフォマティクス技術を活用し、ゲノム配列全体から機能性RNAを網羅的に予測する。

##### (3) 機能性RNAデータベースの構築

機能性RNAデータを広く一般に効果的に活用するため、機能性RNAデータベースを構築する。

#### 3. 達成目標

(中間目標：平成19年度)

ゲノム配列から機能性RNAを網羅的に検出するバイオインフォマティクス技術を確立する。機能性RNAの機能を予測するための情報技術を開発する。

(最終目標：平成21年度)

バイオインフォマティクス技術を活用して新規の機能性RNA候補を網羅的に予測し、機能性RNAデータベースを構築する。

## 研究開発項目②「機能性RNA解析のための支援技術・ツールの開発」

### 1. 研究開発の必要性

現在、機能性RNAを単離、精製して *in vitro* 実験で解析する手法・ツールは、開発されつつあるが、感度面と安定性において課題が残っている。特に機能性RNAは発現が極微量でありながら、発生や分化などの生命現象で重要な機能を持つことが知られており、機能性RNAの発現量や発現変動を捉えるためには高感度なバイオツール開発が不可欠である。さらに、機能性RNA解析を加速するため、*in vitro* 実験においてハイスループットに解析する手法・ツール開発が必要である。

### 2. 研究開発の具体的内容

機能性RNAをハイスループットに、網羅的に、かつ定量的に再現性をもって解析できるバイオツールの開発を行う。また、発生・分化・疾患等により変動する機能性RNAの発現変動を網羅的に解析する技術の開発を行う。さらに、RNAはタンパク質と比較して更に微量であるため、測定を極限まで高感度化をはかることで、細胞から抽出した超微量な機能性RNAを高感度で直接測定する技術・手法を開発する。

### 3. 達成目標

(中間目標：平成19年度)

機能性RNAを網羅的に、かつ定量的に再現性をもって解析できるバイオツールの開発。

(最終目標：平成21年度)

機能性RNAをハイスループット、高感度、網羅的に解析できるバイオツールを開発する。また、超微量な機能性RNAを高感度(サブフェムトモルオーダー)で直接測定することが可能な方法・手法等の開発。

## 研究開発項目③「機能性RNAの機能解析」

### 1. 研究開発の必要性

種々の機能性RNAが、どの遺伝子を標的として、どういった機構で作用することによって発現制御を行っているか、また、機能性RNA自身の発現・機能調節はどの様に行われているか、等に関する知見は極めて少ないのが現状であり、これらの機能性RNAに関する発現・機能制御機構の解明が非常に重要となっている。さらに、疾患に関連した機能性RNAを同定、解析し、診断マーカーとしての展開、及び疾患治療や再生医療等を目指した医薬品の開発基盤を確立することも必要である。

### 2. 研究開発の内容

ヒト疾患に関連する機能性RNAの同定とその機能解析、機能性RNAの作用機序の解明、また発生・分化など重要な働きを示す機能性RNAの同定とその機能解析を行う。

#### (1) ヒト疾患に関連する機能性RNAの同定とその機能解析

ヒト疾患に関連する機能性RNA候補を選抜し、疾患細胞株、疾患モデル動物等での評価を実施し、疾患で変異あるいは発現変動が見られる機能性RNAを同定する。これらの各種疾患関連機能性RNAに対して、*in vitro*、及び*in vivo*系で各種解析手法を駆使して機能解析を行う。特定された機能性RNAについては、核酸関連低分子化合物等を用いて機能性RNAの発現・機能を制御するための研究開発を行う。

#### (2) 発生・分化などをはじめ細胞機能に重要な働きを示す機能性RNAの同定とその機能解析

発生・分化等におけるダイナミックな機能性RNAの発現変動解析、同定を行い、新規な機能を有する機能性RNAの発見を目指す。さらに機能性RNAの生体細胞内での生合成経路、局在、結合パートナーの同定を通して、機能性RNAの機能を解明し、その機能を人為的に制御するシステムを構築する。

### 3. 達成目標

(中間目標：平成19年度)

数十個～百個程度の機能性RNA候補を取得する。それらの機能解析のための*in vitro*、及び*in vivo*系で各種解析手法を確立し、有用かつ重要な機能性RNAの発見と機能解析を行う。

(最終目標：平成21年度)

ヒト疾患に関連する機能性RNA及び発生・分化などをはじめ細胞機能に重要な働きを示す数十個の機能性RNA候補の機能解析を行い、医薬品開発や再生医療等に有用な基盤知見の取得や、基盤技術の構築を目指す。

# 創薬・診断分野

健康寿命の延伸、QOL（Quality of Life：生活の質）の向上は世界全体の願いであり、特に、今後、少子高齢化が他国に先駆けて進行する日本にとっては、喫緊の課題である。このために創薬・診断分野では、①「疾患の早期診断」、「適切な治療法の提供」によって、より良い医療サービスを提供していくとともに、②「予防医療による健康維持増進」によって、治療から予防へと転換し、より個人に適切に対応する「個の医療」を実現することを目指す。また、これらの手段の進展に伴い、健康産業のプレーヤー及び市場の拡大が見込まれる。

創薬・診断分野の目標実現に向けた各般の取組みを進めるため、導入シナリオ、技術マップ、技術ロードマップからなる技術戦略マップを策定する。導入シナリオは関連施策を含む、当該分野の全体像をまとめたものであり、技術マップ、技術ロードマップは以下に示す技術の観点から策定されている。

- ・ 治療にあたっての医薬品開発、疾患の早期発見及び個人の遺伝情報等に合わせた医薬品の投与を可能とする診断技術
- ・ 医療関連分野において共通基盤となるポストゲノム研究に係る知見・技術

また、技術戦略マップの策定にあたっては、医薬品の開発・上市には長期間を要することを踏まえて、今後 20 年間程度を見据えたものとする。

## 創薬・診断分野の技術戦略マップ

### I. 導入シナリオ

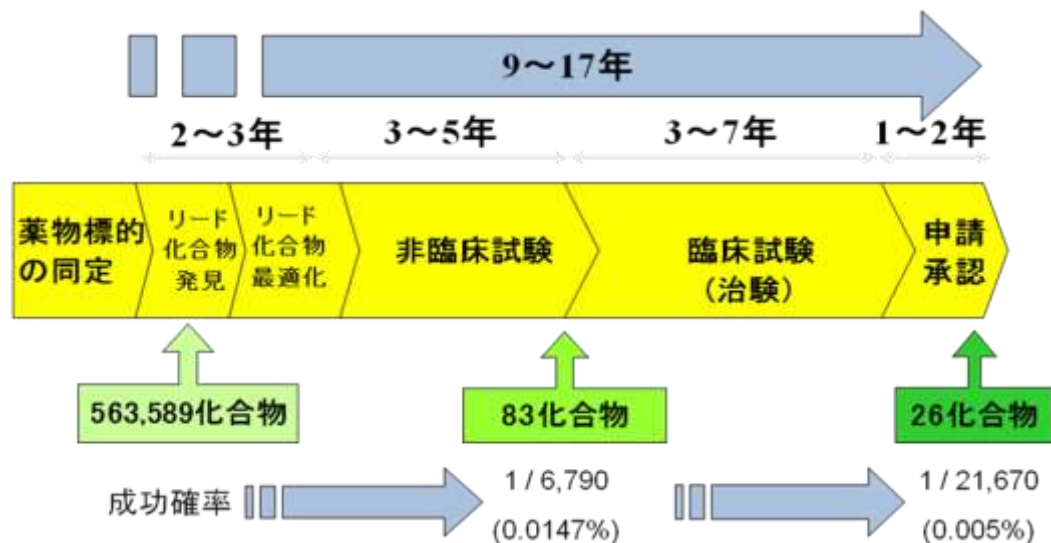
#### (1) 創薬・診断分野の目標と将来実現する社会像

今後、世界に類を見ない少子高齢化社会を迎える我が国において、国民が健康で安心して暮らせる社会を実現することは、喫緊の課題である。そのために創薬・診断分野が果たす役割は大きい。具体的には、①疾患を予防することによる健康維持増進、②疾患の早期診断・早期治療による迅速な社会復帰、③適切な治療法の提供による個々の医療の実現を通じて健康寿命の延伸、QOLの向上を図るとともに、本分野における関連産業の国際競争力強化を目指す。

#### (2) 研究開発の取組み

現在の創薬プロセスにおいては、1つの医薬品が製品化されるまでに9～17年程度の期間及び500億円を超える開発費が必要であるといわれている。研究開発費のうちの7割強は臨床試験までに投入されている。

図1 新薬開発の特質（03年～07年の例）



出典：てきすとぶっく 製薬産業 2009

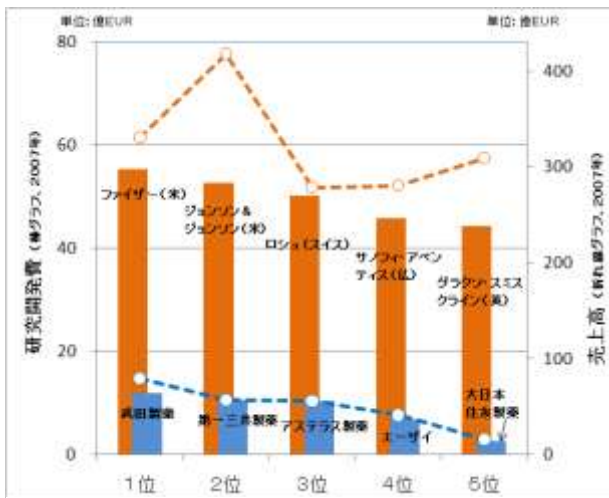
また、臨床試験開始後の成功確立が減少傾向にあることから、製薬企業における研究開発費の総額は増大し、創薬におけるR&Dリスクはますます高まる傾向にある。

我が国の企業の研究開発投資は、欧米と比べると規模で劣る。例えば全世界・日本の製薬企業の研究開発投資トップ5社を比べると、研究開発費・売上高ともに、規模の格差が顕著である。また、政府の研究開発規模も10倍近くの差がある。

一方で、このような状況下、売上高は必ずしも多くないが、医薬品の世界売り上げランキング50位以内に日本オリジンの医薬品が9品目入っており、差別化された領域

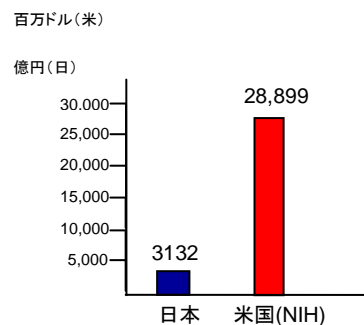
での強みが伺われる。

図2：全世界・日本の製薬企業トップ5社の比較



(出典) European Commission The 2008 EU Industrial R&D Investment Scoreboard より経済産業省

図3：政府における研究開発費の日米比較(2007年)



(出典) NIHホームページ、総合科学技術会議ライフサイエンスPTより経済産業省作成

また、バイオベンチャーは他分野ベンチャー企業以上に重要な役割を担うところであるが、企業数、ベンチャーキャピタルからの投資額、開発起源企業別にみたバイオ医薬品数において我が国のバイオベンチャーは、欧米との比較において未成熟といえる。

このため、我が国が少ない研究開発費で効率的な創薬を達成し、国際競争力を高めていくためには、基礎研究の成果を迅速に臨床に橋渡ししていくことを含め、産業界のニーズや我が国の強みを踏まえつつ、創薬プロセスにおける初期段階で成功率を高める研究開発に政府予算を投資していくことが重要である。

このような状況の中、経済産業省においては、ポストゲノム研究等により進展してきている遺伝子やタンパク質、糖鎖、RNA等の生体分子の機能・構造・ネットワーク解析やそれら研究を強力に推進するためのバイオツールやバイオインフォマティクスの開発、成果を高度に活用するためのデータベース整備等を行うことにより、個々人に適切に対応した医療、予防医療の実現や画期的な新薬の開発、健康維持・増進に係る新しい産業の創出に係る取組を行ってきたところである。また、文部科学省、厚生労働省、経済産業省における創薬分野の関連予算を俯瞰した図を【参考資料 1：平成 20 年度→21 年度医薬品研究俯瞰図】に示す。

また、日本製薬工業会が「革新的創薬等のための官民対話」において平成21年度重点化施策として「安全性バイオマーカー」や「疾患の進行度や治療効果の度合いを示すバイオマーカーの探索」を基礎研究領域として提言しているように、これまでのプロジェクト等により定量・同定されたバイオマーカーデータの生物学的意味づけと検証が今後重要となってくることがうかがえる。

### (3) 関連施策の取組み

創薬・診断分野における将来像を実現するためには、研究開発のみならず、開発の迅速化や成果普及につながる制度整備、標準化等の関連施策を一体的に推進する必要がある。このため、政府関係機関において以下の取組がなされている。

#### [起業・事業支援]

- ・ バイオベンチャーの抱える諸問題に対し、「革新的創薬等のための官民対話」ベンチャーWG等の場を通じた取組。
- ・ 「産業クラスター計画」に基づき、全国のバイオクラスターにおいて、企業間のネットワーク形成の支援、産学連携による研究開発プロジェクトの支援、地域系ベンチャーファンドによる資金調達支援等の実施。

#### [導入補助・支援]

- ・ 個人遺伝情報保護ガイドラインの適切な運用
- ・ バイオインダストリー安全対策調査の実施
- ・ バイオ事業化に伴う生命倫理問題等に関する研究の実施

#### [ガイドライン整備]

- ・ 検体の品質管理マニュアル(JCCLS)、テーラーメイド医療用診断機器(DNAチップ)ガイドラインの積極的活用。
- ・ 「分子遺伝学的検査における精度保証に関するガイドライン」(OECD)に準拠した日本版ガイドラインの策定と積極的活用。

#### [規制・制度改革・他省庁との連携]

- ・ 総合科学技術会議が推進するライフサイエンスPT、革新的技術戦略、社会還元プロジェクト、iPS(induced pluripotent stem cell)細胞研究WGの下での関係府省間における適切な連携の実施。
- ・ 内閣府、文部科学省、厚生労働省及び経済産業省の間で2009年2月に改訂した「革新的医薬品・医療機器創出のための5か年戦略」に基づき、研究資金の集中投入、ベンチャー企業の育成、臨床研究・治験環境の整備、アジアとの連携、薬事法における審査の迅速化・質の向上、イノベーションの適切な評価など、本分野における研究から上市に至る過程の一貫かつ集中的な支援の実施。【参考資料2-1：革新的医薬品・医療機器創出のための5か年戦略の概要】
- ・ 「革新的創薬等のための官民対話」の場を通じ、医薬品分野のイノベーション創出と産業の国際競争力強化に係る諸施策の方向性に対する製薬業界、教育・研究機関、行政(内閣府、文部科学省、厚生労働省、経済産業省)のトップの認識の共有化。
- ・ 2008年7月22日に設置された「健康研究推進会議」による、先端医療開発特区(スーパー特区)制度の推進と各省が実施している臨床研究や橋渡し研究を一体的に運用していくための司令塔機能の発揮。【参考資料2-2：平成21年度健康研究関係施策額】

〔基準・標準化〕

- ・ バイオチップのデータ信頼性・互換性向上のための基準・標準化活動の推進。

〔知的基盤整備〕

- ・ 研究開発の企画段階から研究テーマ周辺の論文及び特許状況のサーベイ実施や研究開発の実施段階における特許出願後の事業化構想等、特許に関する戦略的取組の実施をサポート。

〔特許化〕

- ・ 特許庁は、2008年10月より現行の早期審査よりも更に早期に審査を行う「スーパー早期審査制度」を創設、早期の事業化を目指す発明やライフサイクルが短い発明への早期審査のニーズを充足させるべく制度を構築。

#### （４）海外での取組み

米国では、NIHにおける約3兆円の研究開発予算のうち、83%が大学や病院といった外部研究に充当され、10%がNIH クリニカルセンターなどの内部研究に充てられている。また、NIHにおける生物医療学研究を推進するため、NIHに属する27研究所全体として取り組むべき研究分野を見極めることを目的にNIHロードマップを2003年9月に作成している。

NIHロードマップでは以下の主要テーマについて取組が行われている。

①New Pathways to Discovery :

生体メカニズムの理解を主眼とした細胞や組織を構成する生体分子のネットワーク、分子イメージング、構造生物学、バイオインフォマティクス、ナノ医療等に係る研究開発。

②Research Team of the Future

専門分野を越えた学際的研究を行うチーム、新しい組織モデルの検討。

③Re-Engineering the Clinical Research Enterprise

研究上の発見や諸成果を迅速に臨床現場に展開するためのシステム構築。

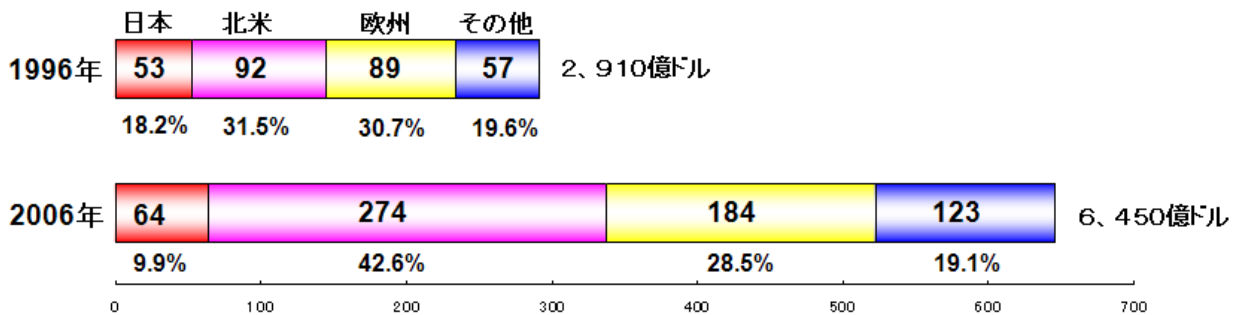
欧州では、科学技術に関する総合的なプログラム（Framework Programme）を3～4年単位で実施している。2006年12月には2007年～2013年の取組を示したFP7が策定・開始されている。FP7においては欧州レベルでの官民パートナーシップを実現化する新たな手法として共同研究イニシアチブが取り組まれており、6領域のイニシアチブの1つとして「革新的医薬品イニシアチブ」が展開されている。当該イニシアチブではアンメットメディカルニーズを含む医療領域に研究成果の迅速な橋渡しを促進する仕組みを構築することを狙いとしている。

#### （５）民間での取組み

過去10年で世界の医薬品市場はおおよそ倍近く拡大しているが、日本市場の伸びは2割程度にとどまり、結果として日本が占める割合は半減している。



図 4 世界の医薬品市場の推移



出典：「革新的創薬等のための官民対話」資料（IMS Health, IMS World Review 1998 2007）

こうした中、経営基盤の強化を図るため、企業間の再編や外部リソースの活用が進んでいる。

表 1：近年の再編動向（国内）

| 統合年   | 主たる企業名   |
|-------|--|
| 2005年 | ・アステラス製薬（山之内製薬、藤沢薬品工業）<br>・大日本住友製薬（大日本製薬、住友製薬） |
| 2007年 | ・第一三共（三共、第一製薬）<br>・田辺三菱製薬（田辺製薬、三菱ウェルファーマ）      |
| 2008年 | ・協和発酵キリン（協和発酵、キリンファーマ）                         |

外部リソースの活用は経営基盤の強化を図ることに止まらず、企業にとってこれまで研究が立ち後れていた有用技術の早期導入に役立っているケースもあり、技術が国境を越える一つの契機にもなっている。

また、主要薬が相次いで特許切れになる「2010年問題」を見据え、米国企業を中心とした大規模な買収・合併の動きが加速していることも、今後の企業における研究開発に影響を与えることが予想される。

表 2：国境を越えた組織再編・技術提携

| 公表時期    | 内容   |
|---------|--|
| 2008年5月 | 武田薬品工業がミレニアム・ファーマシューティカルズ社（米）を88億ドルで買収                         |
| 2008年9月 | ベーリンガーインゲルハイム（独）と北海道大学発ベンチャー、イーベックが5,500万ユーロで抗体作成技術のライセンス契約を締結 |
| 2009年1月 | ファイザー（米）がワイス（米）を680億ドルで買収                                      |
| 2009年3月 | メルク（米）がシェリング・プラウ（米）を411億ドルで買収                                  |
| 2009年3月 | ロシュ（スイス）がジェネンティック（米）を468億ドルで買収                                 |

なお、iPS細胞研究をめぐる新しい動きとして、2008年7月に、京都大学をはじめ

とする iPS 細胞研究成果の産業界への円滑な移転を促進するため、「有限責任中間法人 iPS ホールディングス」が京都大学及び金融機関 3 社により設立された。

このほか、日本製薬工業会において、2008 年 11 月から活動期間 1 年として、iPS 細胞関連技術を研究する大学など各研究機関の知財戦略構築・遂行を支援するプロジェクトを開始している。

診断関連市場としては、2017 年には医療分野において 1 兆 3,000 億円、健康管理・予防分野において 1,500 億円の市場規模が見込まれる。特に医療分野では今後 10 年で 2,000 億円の伸びが見込まれ、製薬企業と素材・分析機器メーカー等の診断技術開発企業との連携、制度整備、標準化等のさらなる取組が重要となっている。

こうした中、診断ツールとして大きな役割を担う DNA チップをはじめとするバイオチップの標準化を推進することにより、バイオチップ関連の産業化の促進及び市場の創生を目的としたバイオチップコンソーシアムが 2007 年 10 月に設立され、国内連携を軸に DNA チップのデータ信頼性・互換性向上のための基準・標準化の取り組みを開始した。

## (6) 改訂のポイント

- 世界・日本の製薬会社のトップ5の比較、政府における研究開発費の日米比較、世界の医薬品市場の推移のベンチマーク等を策定、変更した。
- 民間での取組みに、京都大学が中心となって設立した「有限責任会社 iPS ホールディングス」の記述を挿入した。
- 関連施策として、「健康研究推進会議」及び「先端医療特区」の記述を追加した。
- 導入シナリオに新規プロジェクトを追加した。

## II. 技術マップ

### (1) 技術マップ

国民にとって最大の関心事項である健康とは、病気になった場合に早期に健康状態に戻れること、そして、そもそも病気にならず健康であり続けることに大きく二分される。この 2 つのニーズに対応するためには、副作用の少ない最適な医薬品の提供を可能とするとともに、将来の疾患リスクを事前に把握した上で、各人において日々の健康管理を行える環境の整備が重要となっている。

このため、①「より良い医薬品の開発・提供」及び②「健康産業の創造（治療から予防への転換）」を研究開発の柱として位置づけ、ニーズに従って必要な技術を技術マップ上に俯瞰した。

#### ① より良い医薬品の開発・提供

個々人の病態や遺伝的背景に応じて薬剤を選択することを可能とするためには、画期的な医薬品の開発を促進し、薬剤の母数を拡大することが重要であり、このためには、疾患メカニズムを踏まえ、医薬品のターゲットとなるタンパク質、糖鎖、RNA 等

の生体分子を探索・特定し、これを医薬品としていち早く市場化することが必要である。また、薬効や副作用の大小は個々人により異なるため、多数の医薬品の中から個々人に応じた最適な医薬品の選択・処方が求められている。このため、技術マップでは、画期的な医薬品開発のための技術課題と医薬品の最適な使用のための技術課題に分け、前者については、医薬品の種類と医薬品開発プロセスという軸から技術課題を整理している。

なお、疾患と医薬品との関係については、がんやその他の疾患を見ても、その疾患メカニズムはある特定の疾患の中でも異なっており、また治療用のターゲットが複数存在することから、開発過程において、それぞれの疾患に対し固有の医薬品形態にとられない複数のアプローチが取られている。

## ② 健康産業の創造

病気を予防するためには、自らの罹患リスクを遺伝的に認識した上で、日々の健康管理を行える環境の整備が必要であり、このための技術課題を整理している。さらに、バイオマーカーに着目し、当該技術より可能な予防及び超早期診断による健康維持のあり方について深化して検討を行い、技術マップを整理している。

また、①、②の戦略を推進するうえで重要となる「ゲノム情報等をベースとした新規診断技術」のビジネスモデルを【参考資料3】に示す。このビジネスモデルから以下の点が見込まれる。

- 現在の臨床現場における利用は治療に比べて相対的に保険点数が低いものの、健康産業を含む公的保険以外の自己負担、民間保険、雇用主負担等でカバーするエリアでの展開は有望である。
- 医薬品開発におけるファーマコゲノミクスの進展により、医薬品と診断法の一体化開発や臨床現場での薬物療法における投薬前診断分野における市場の成長性が期待できる状況である（ただし、この分野では診断技術を提供する企業と製薬企業との密な協業が必要）。

## (2) 重要技術の考え方

この分野の具体的目標である

- ・ 画期的な医薬品をより早く効率的に提供することにより、優れた治療法を提供する。
- ・ 個の医療を支える薬剤のバラエティを拡大し、幅広い選択肢を提供する。
- ・ 個々人の特性・病態に合わせた最適な医療を実現する。
- ・ 疾患・罹患リスクの把握とこれに対応した予防・早期診断による適切な健康管理を実現する。

を踏まえて、下記の観点から重要技術を抽出し、技術マップに示している。

なお、我が国発の技術として脚光を浴びているヒト iPS 細胞については、再生医療分野だけでなく、創薬分野においても「健常人 iPS 細胞に由来する健常モデル細胞（心筋細胞、肝細胞など）を用いた毒性評価」、「患者 iPS 細胞由来の疾患モデル細胞を用

いた創薬スクリーニング」系の構築による創薬プロセスの効率化（成功率の向上やスピードアップ）や疾患メカニズム解明による新規医薬品の創出などに資する重要技術として幅広い観点から期待されており、技術マップ及びロードマップの該当箇所に明示している。また、iPS細胞研究の展開には、これまで取り組んできているES細胞及び体性幹細胞における知見が大いに活用されるものであり、我が国における幹細胞研究全体の加速が期待できる。

① 「画期的な医薬品・診断技術の開発」

創薬シーズの創出、バイオマーカーの探索、疾病状態における細胞内分子状態の把握等、画期的な医薬品及び診断技術の開発のために重要であると考えられる技術・機器。

具体的には、画期的な医薬品ターゲットや各種診断マーカー探索のために重要となるゲノム、プロテオーム、糖鎖、RNA等の生体分子とこれらの相互作用解析や、研究を支援する研究ツール・機器の開発といった診断・医薬品開発への応用に必要な技術開発が挙げられる。

② 「医薬品開発の効率化」

成功確率の向上、製造コスト低減、開発期間短縮等、医薬品開発の効率化のために重要であると考えられる技術・機器。

具体的には、医薬品開発の早期段階において毒性や薬剤有効性の評価に利用されるモデル生物系（iPS細胞から構築されるモデル細胞を含む）の構築、細胞ネットワーク解析、バイオマーカーの活用、化合物ライブラリーの充実、ファーマコゲノミクス等が挙げられる。

③ 「QOLの向上」

診断の正確さや早期性・簡便性を向上し、日々の健康状態を把握し、疾病状況に応じた適切な医薬品投与や治療を可能とする技術・機器、また、将来の疾患リスクを予測可能とし、日々の健康状態の把握により疾患を未然に防ぐ技術・機器。

具体的には、遺伝子情報と疾患との関連解明のための研究開発で得られた情報を有効に活用したバイオマーカーの同定、薬剤投与前に医療現場において安価かつ迅速に個人毎の疾患状態を詳細に診断するためのツールの開発と測定データの評価方法の標準化、薬物動態の個人差を考慮した薬効・毒性把握等が挙げられる。

④ 「日本の強みが活かせる技術分野の更なる強化」

日本における研究が進んでいる分野や他分野での技術力を踏まえた分野等、現在及び将来の技術競争力を保持する上で重要であると考えられる技術・機器。

具体的には、糖鎖、完全長cDNA、iPS細胞作製技術、発酵技術、中間体生産技術、微細加工技術等が挙げられる。

⑤ 「波及効果の高い技術」

他分野への波及も含め、波及効果の高い技術・機器。

具体的には、新たな研究領域として開拓されつつあり、画期的な医薬品開発への寄与が期待される機能性 RNA 等が挙げられる。

### (3) 改訂のポイント

- バイオマーカーの利用のうち、バイオチップについて「データの標準化」を追加した。

## Ⅲ. 技術ロードマップ

### (1) 技術ロードマップ

技術マップで抽出された重要技術を中心として作成したロードマップにおいては、個別技術の進展を示すⅢ、「技術進捗」、技術の進展により得られる直接的な効果を上記の重要技術の分類のうち①～③毎に示したⅡ、「具体的効果」、及び、この「具体的効果」がもたらす医療現場における変化をⅠ、「医療現場における進展」として三段階に分けて整理した。

例えば、具体的効果の部分では、①2010 年にはがんの抗体医薬のターゲットがほぼ探索され、2025 年には自己免疫疾患や生活習慣病及び精神・神経疾患等の発症メカニズムがほぼ解明されているなど、種々の疾患に対する分子レベルでの解明が進むとともに、これを活用した医薬品の開発が進展することが予想される。②また、医薬品の臨床時のドロップアウトを低減する、ヒト臨床症状を反映した疾患モデルの作製技術の確立等により、医薬品の成功確率が現在の 5%程度から 2025 年には 50%程度まで向上するなど医薬品の開発効率の向上が予想される。③更に、早期診断・確定診断に有効な疾患マーカー、罹患リスク診断マーカー及び健康モニターマーカーが順次開発され、予防のための環境が整備されるとともに、1 つの診断ツールで複数の薬剤の薬効を評価できるなど 2015～2025 年には個々人の特性を踏まえた治療方法を提供するための技術の確立が見込まれる。

これらの技術的効果により、現在の治療を中心とした医療から、予防を重視した医療へと変遷し、また、病気になった場合であっても、現在、治療困難な疾患も含め、患者の体質・遺伝情報や病態に応じた個別療法の提供が可能になるなど、個別化医療が進展していると考えられる。

### (2) 改訂のポイント

- 疾患モデル動物に「ヒト化マウスによる疾患モデル系の確立」を挿入した。

## Ⅳ. その他の改訂のポイント

### ○ベンチマーキングの更新

- 研究開発投資額・企業数の各国比較を追加した。
- 国際競争力ポジションの改訂を行った。
- 参考資料に平成 21 年度健康研究関係施策内示額を追加した。

# 創薬・診断分野の導入シナリオ

現状(2009年)

2010年

2015年

2025年

## 健康維持増進

～「疾患を予防する」ことが幅広く行われ、病気になる人が減ると共に、健康産業が拡大される～

## 疾患の早期診断

～疾患の早期診断により、早期段階での治療を行い、より早く回復すると共に医療費増大が抑制可能となる～

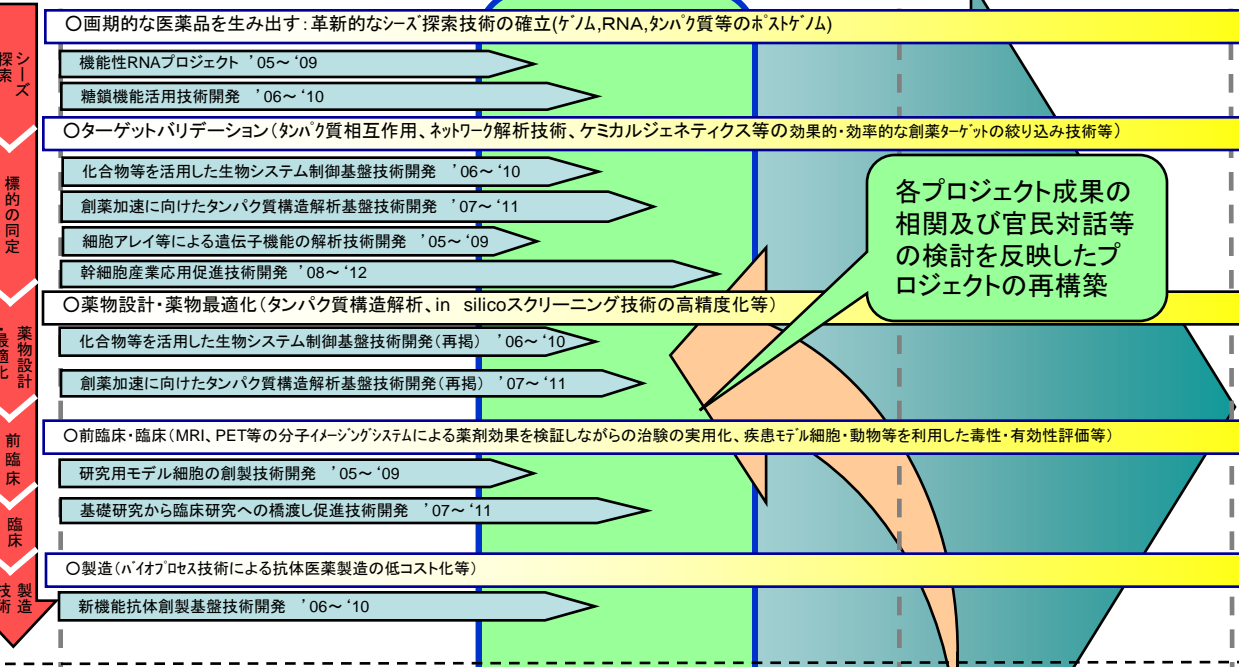
## 適切な治療法の提供

～治療がより低侵襲になり回復が早くなるとともに、患者の病状や個人差に基づき適切な治療法が選択できるようになり、治療効果の向上、QOLの向上が図られる～

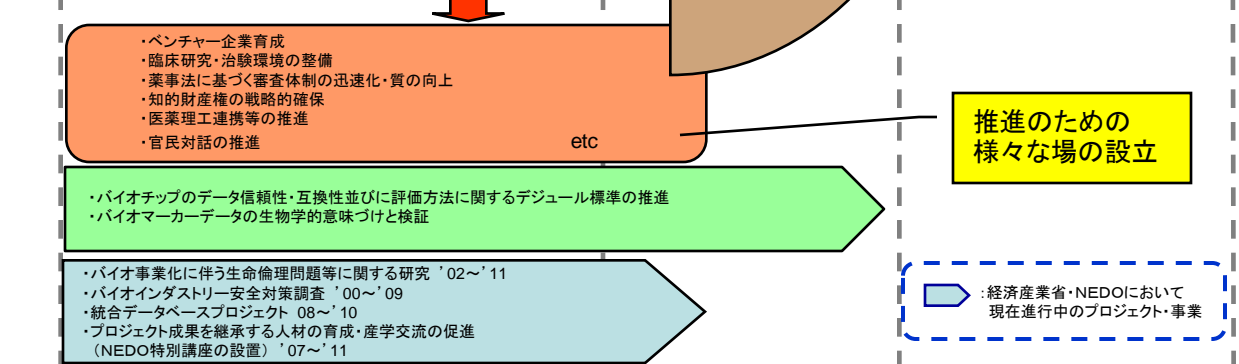
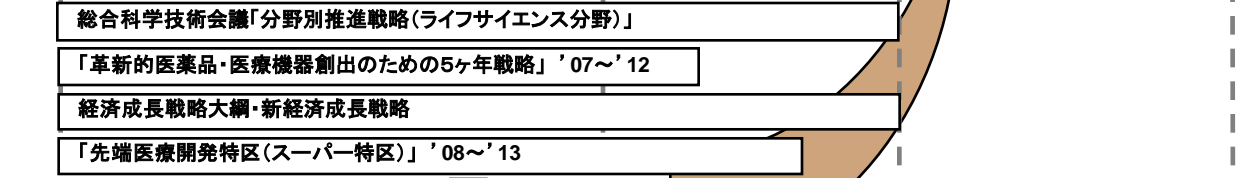
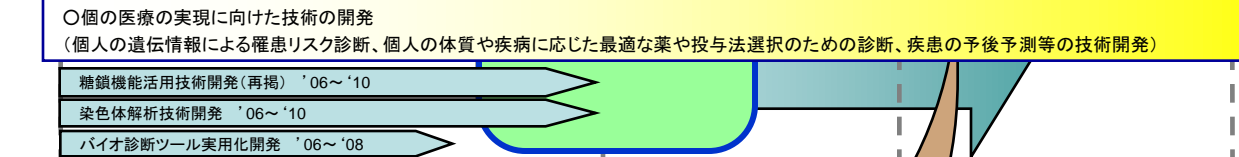
将来像

|        |                                   |  |
|--------|-----------------------------------|--|
| 疾患別・目標 | がん患者<br>5年生存率                     | 60% (20%向上※1)                                |
|        | <生活習慣病関連><br>・糖尿病<br>・脳卒中<br>・心疾患 | ・発生率の20%改善※1<br>・死亡率の25%改善※1<br>・死亡率の25%改善※1 |
| 産業構造   | 創薬<br>創薬ベンチャーの増加<br>異業種参入の進展      | 創薬開発プロセスの分業化の進展                              |
|        | 健康<br>健康管理と医療の連携による健康サービス産業の創出    | 健康産業の拡大                                      |

※1:健康フロンティア戦略(2005年~2014年)による!



創薬パイプラインに即した基盤技術の確立





# 創薬・診断分野の技術マップと重要技術(1/2)

ニーズ

| 重要技術の抽出項目         | 凡例    |
|-------------------|-------|
| 画期的な医薬品・診断技術の開発   | 水色    |
| 医薬品開発の効率化         | 黄色    |
| QOLの向上            | ピンク   |
| 強みが活かせる技術分野の更なる強化 | 茶色・太字 |
| 波及効果の高い技術         | 下線・太字 |

\* マップ上、上記のいずれかの色がついている技術が重要技術

## 戦略1 より良い医薬品を生み出し、利用できるようにする

### 【革新的なシーズ探索技術の確立】

#### シーズ探索

○シーズを探索する方法としては、  
 ・文献や学会発表の先行品調査から推測  
 ・民間伝承療法(薬)調査から推測  
 ・病態研究から明らかになった新規生理作用から推測  
 ・ゲノム情報、新規疾患遺伝子から推測

### 【個別製品毎に特異的に見られる課題】

#### ターゲットハ'リ'ーション

○創薬標的タンパク質の同定方法としては、  
 ・タンパク質の分離は二次元電気泳動法に依存する  
 ・タンパク質の同定は伝統的な方法による  
 ・遺伝子改変生物(ノックアウトマウスなど)も用い同定する  
 ・評価用の標的タンパク質は、少量しか得られない  
 ・ハイパフォーマンスを利用し配列情報検索、データマイニング'実施

#### 低分子化合物の薬物設計・

○創薬標的タンパク質と反応する化合物の選別・最適化  
 ・多数の化合物をスクリーニングし候補化合物を見出す  
 ・試行錯誤的にリード化合物の最適化を行う  
 ・薬物構造活性相関(SAR)を利用し薬物構造を設計する  
 ・invitro invivo試験で薬効スクリーニングを行う  
 ・研究者の経験や勘に負うところが多い

#### 前臨床・臨床

○治療対象化合物の薬効/安全性の確認  
 ・疾患モデル動物を用いて既存薬との効果/安全性を比較  
 ・薬物動態試験の実施  
 ・製剤技術の開発  
 ・急性/亜急性/慢性など毒性確認技術の実施

#### 製造技術

○最適な製造方法の確立  
 ・化学合成法による製造技術を確立する  
 ・発酵法による製造技術を確立する  
 ・精製技術を確立する  
 ・品質安定化技術を確立する

従来技術

★臨床データとゲノム研究の統合的推進による疾患メカニズムの解明

○遺伝子機能解析  
 ・ゲノム解読(DNAシーケンサー、PCR、ゲノム・mRNA、ゲノムの多様性(SNP、欠失等)、エピジェネティクス、比較ゲノム)  
 ・遺伝子操作・導入技術(マイクロインジェクション、ベクター、導入試薬、機能性RNA)

○疾患遺伝子の推定  
 ・マイクロアレイ、SNPs、ゲノム・染色体構造解析  
 ・SNPアソシエーション技術

○タンパク質の取得技術  
 ・組換えタンパク質(動物細胞)  
 ・無細胞タンパク質合成系  
 ・ペプチド合成技術(修飾体・長鎖)  
 ・新規原理に基づくタンパク質分離担体/手法  
 ・特定機能分子の作出(ファージディスプレイ、キメラ抗体、ヒト抗体)

○タンパク質の機能解析  
 ・発現頻度解析(マイクロアレイ、MS)  
 ・相互作用解析(MS、プロテインチップ、SPR、クウォーツ、光学顕微鏡)  
 ・一分子ソーティング技術

○タンパク質の構造解析  
 ・結晶化技術  
 ・タンパク質構造解析(電子・X線顕微鏡、NMR、X線レーザー、中性子線回折)  
 ・データベース

○タンパク質修飾  
 ・糖鎖解析・制御  
 ・糖鎖付加部位の推定(特にムン型)  
 ・タンパク質/ペプチドへの糖鎖付加技術

○代謝物  
 ・メタボローム解析  
 ○幹細胞操作技術  
 ・幹細胞作製・樹立技術  
 (iPS細胞、ES細胞、組織間細胞等)  
 <幹細胞共通技術>  
 ・特定細胞の培養・分離  
 ・分化・培養(クローン技術、分化マーカー)  
 ・分離(フローサイトメトリ、セルソーター)

○細胞活用関連技術  
 ・遺伝子/タンパク質発現の検出、一分子計測  
 ・細胞内外分子の機能(定性・定量)  
 ・動態解析(蛍光・共焦点・全反射顕微鏡)  
 1細胞解析

○統合バイオロジー  
 ・臨床インフォマティクス  
 ・健康インフォマティクス

○研究基盤整備  
 ・バイオリソース(サンプル、完全長cDNA、細胞株、微生物株、モデル生物等整備)  
 ・各種データベース

★革新的な創薬コンセプトアプローチ技術の開発  
 ○既存薬剤のマルチターゲット化技術  
 ○ネットワーク創薬技術  
 ・転写制御メカニズムの解析技術  
 ○エピジェネティクス創薬技術  
 ・環境・年齢要因などによる遺伝子発現  
 ・RNA遺伝子  
 ・メチル化、アセチル化解析技術

○統合バイオロジー  
 ・臨床インフォマティクス  
 ・健康インフォマティクス

○研究基盤整備  
 ・バイオリソース(サンプル、完全長cDNA、細胞株、微生物株、モデル生物等整備)  
 ・各種データベース

★革新的な創薬コンセプトアプローチ技術の開発  
 ○既存薬剤のマルチターゲット化技術  
 ○ネットワーク創薬技術  
 ・転写制御メカニズムの解析技術  
 ○エピジェネティクス創薬技術  
 ・環境・年齢要因などによる遺伝子発現  
 ・RNA遺伝子  
 ・メチル化、アセチル化解析技術

○統合バイオロジー  
 ・臨床インフォマティクス  
 ・健康インフォマティクス

○標的タンパク質の同定・解析技術  
 ・極微量タンパク質操作技術  
 ・定量的質量分析  
 ・同一遺伝子からのmRNAの多様性(SV、TSSなど)やゲノムの多様性(cSNP、欠失など)を考慮したタンパク質解析技術

○標的タンパク質探索効率化  
 ・標的タンパク質構造解析技術  
 ・分子間相互作用解析技術  
 ・膜タンパク質の汎用的解析技術  
 ・ケミカルジェネティクス  
 ・解析用タンパク質の大量発現系構築  
 ・翻訳後修飾の反映・活性を保持したタンパク質生産  
 ・膜タンパク質等難溶性タンパク質無細胞合成系・汎用解析系  
 ・疾患モデル細胞(疾患ヒトiPS細胞の活用等)  
 ・細胞内ネットワーク解析技術

○糖鎖機能からのターゲット探索技術

○疾患特異的RNAの同定技術

○対象標的の同定技術

○体外細胞処理技術  
 ○細胞機能測定技術  
 ○特定細胞の分離・回収技術

○治療効果・副作用等評価技術

○標的タンパク質に最適な薬物設計  
 ・構造多様性に富んだ化合物ライブラリの構築  
 ・ケミカルライブラリーの化合物機能アノテーション  
 ・ドッキングベースの in silicoスクリーニング  
 ・低分子・タンパク質親和性解析技術  
 ・疾患モデル細胞(疾患ヒトiPS細胞の活用等)  
 ○標的の特異的デリバリーを保持した薬物設計

○バイオ医薬品の薬物設計・薬物最適化  
 ○生体適合性と効果の最適化  
 ・ナチュラタイプに近い製剤を製造  
 ・効果を向上させる技術は未完成

○効果的な抗体の作製技術  
 ・抗体の半減期の適正化  
 ・低分子化、アブタマー化  
 ・特異性の向上  
 ・無細胞系での発現系、宿主の改良  
 ・抗体の改変技術

○RNA配列設計技術  
 ・サイレンシング効果の高い配列設計技術  
 ・効果を高めるモディフィケーション技術

○遺伝子組換え細胞の作成技術(発現系、支援機器/試薬)  
 ・迅速発現安定株  
 ・発現調整技術(KO/KI/KD/OE)

○安全性評価

○安全性評価、品質管理

○生体そのまま薬効効果を検証できるイメージング技術  
 ○疾患モデル細胞・動物(疾患ヒトiPS細胞の活用等)を利用したヒトでの有効性・問題点評価技術  
 ○薬物動態シミュレーション  
 ○細胞・臓器モデル(健康ヒトiPS細胞の活用等)による薬物代謝および安全性評価技術  
 ○投与方法変更技術(静注から経口へ)  
 ○ターゲットへのデリバリーシステムの開発  
 ・DDS等の新規投与方法の開発

○品質(保存安定性)のための技術

○治療用ベクター開発(組込部位の特定・遺伝子毒性の低減技術)  
 ○細胞内への高効率導入技術  
 ○siRNA、ncRNAの作用メカニズム解析

○安全性評価

○安全性評価、品質管理

○最適な製造方法の確立  
 ・化学合成法による製造技術を確立する  
 ・発酵法による製造技術を確立する  
 ・精製技術を確立する  
 ・品質安定化技術を確立する

○医薬品中間体製造のための発酵技術  
 ○生合成・代謝変換遺伝子

○低コスト、高収率な生産系の開発  
 ・発現系・発現宿主・培養技術開発  
 ・糖鎖修飾制御

○低コスト、高収率な生産系の開発  
 ・発現系・発現宿主・培養技術開発  
 ○抗体製造の低コスト化技術  
 ・動物細胞以外のヒト抗体産生の宿主開発  
 ・精製技術開発

○天然糖質原材料の開発技術(糖質医薬品)  
 ・グリコサミノグリカン糖鎖原材料製造技術

○細胞タイピング技術  
 ○移植後の長期安全性、トラッキング

○DNAワクチン技術  
 ○感染診断・検査技術

○安全性評価、品質管理

全医薬品共通

低分子化合物薬

(糖)タンパク質医薬

抗体医薬

核酸医薬(遺伝子治療含む)

糖質医薬

細胞医薬

ワクチン

・画期的な医薬品の迅速・効率的な提供  
 ・薬剤パラエティの増加

個々人の特性に応じた使用方法の確立

個の医療、健康安心社会の実現(個人に合わせた優れた治療法の提供・予防)・産業競争力の強化

健康で長生き  
 病気になったとしてもいち早く健康に戻りたい

1. 画期的な医薬品をいち早く生産できるようにする

課題解決のための技術

2. 医薬品の最適な使用方法を確立する

## 戦略2における活用

バイオマーカーの同定  
 ○バリデーション、アッセイ法に関する技術開発  
 ○ファーマコゲノミクス進展のための薬物の生体内作用機構の解明  
 ○薬物と生体タンパク質の相互作用データベース

疾患状態の適切な把握に基づき薬剤評価

投与前診断ツール開発  
 ○安価で迅速な疾患関連遺伝子多型等解析技術  
 ○安価で迅速な細胞診断技術(遺伝子・タンパク質等の薬物標的分子・バイオマーカー)  
 ○DNAチップの信頼性向上  
 ○患者に負担をかけない生体試料採取法

診断ツール、診断キット



# 創薬・診断分野の技術マップと重要技術(2/2)

ニーズ  
病気になる前、健康でいたい  
健康で長生き

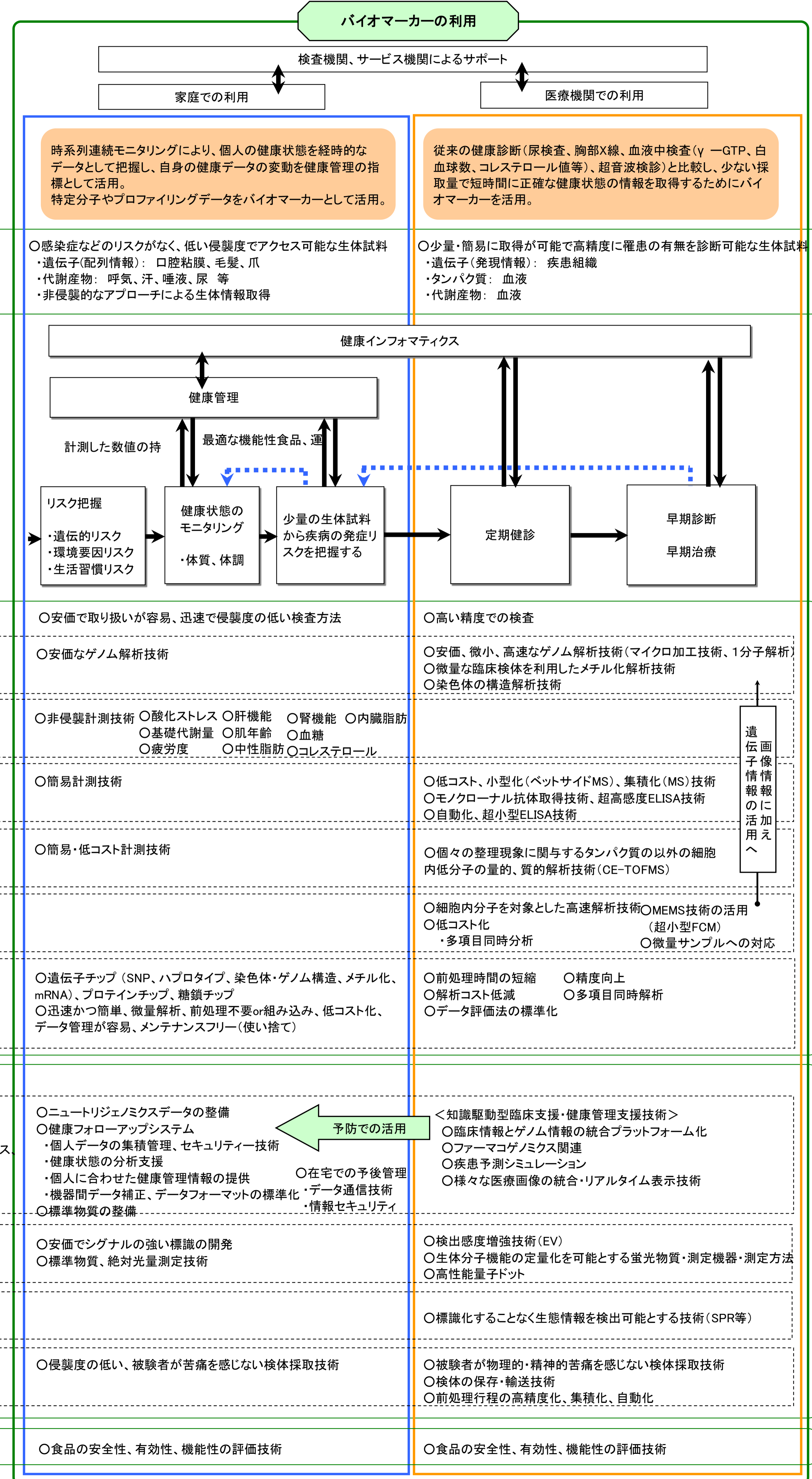
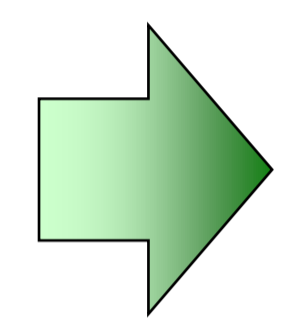
## 戦略2 健康産業を創造する(治療中心から予防中心へ)

### バイオマーカーの探索

戦略1のシーズ探索技術の活用  
疾患の発生や健康状態の回復のエビデンスとして有用な分子やプロファイリングデータを探索。

現状と将来像

- 対象サンプル
- 生体試料
    - ・遺伝子(配列情報)
    - ・血液
    - ・組織・疾患組織
    - ・代謝産物
  - 遺伝子
    - ・ゲノム解読(DNAシーケンサー、PCR、ゲノム・mRNA、ゲノムの多様性(SNP、挿入・欠失等)、エピジェネティクス、比較ゲノム)
    - ・遺伝子操作・導入技術(マイクロRNA、ベクター、導入試薬、**機能性RNA**)
    - ・マイクロアレイ、SNPs、ゲノム・染色体構造解析
    - ・SNPタイピング技術
  - タンパク質
    - サンプルの前処理技術
      - ・メジャータンパク質の除去技術
      - ・クロマトの多重化、多段階システム化
      - ・分子分離分取技術
    - 機能解析
      - ・発現顕度解析(マイクロアレイ、MS)
      - ・相互作用(インタラクトーム解析(MS、プロテインチップ、SPR、クウォーツ、光学顕微鏡))
      - ・分子ソーティング技術
    - 修飾
      - ・糖鎖解析
  - 代謝物
    - ・メタボローム解析
    - ・非侵襲サンプル(呼吸、汗、唾液、尿等)からのターゲットマーカー探索
  - 細胞
    - ・iPS細胞の作製
    - ・遺伝子/タンパク質発現の検出、一分子計測
    - ・細胞内外分子の機能(定性・定量)
    - ・特定細胞の培養・分離
    - ・動態解析(蛍光・共焦点・全反射顕微鏡、細胞アレイ、1細胞解析)
    - ・分化・培養(クローン技術、分化マーカー)
    - ・分離(フローサイトメトリ、セルソーター)
    - ・細胞表面特異的抗体の開発
  - 組織
    - ・細胞間情報伝達(サイトカイン技術)
    - ・染色技術(in situハイブリ、免疫染色)
    - ・保存(凍結保存技術)
  - 統合バイオロジー
    - ・臨床インフォマティクス
    - ・健康インフォマティクス
  - エピジェネティクス
    - ・環境・年齢要因などによる遺伝子発現
    - ・RNA遺伝子
    - ・メチル化、アセチル化解析技術
    - ・血液中のメチル化DNA検出技術
  - 臨床サンプル
    - ・統計学的な視点を持った臨床サンプル収集
    - ・臨床サンプルの保管や処理技術のプロトコル化



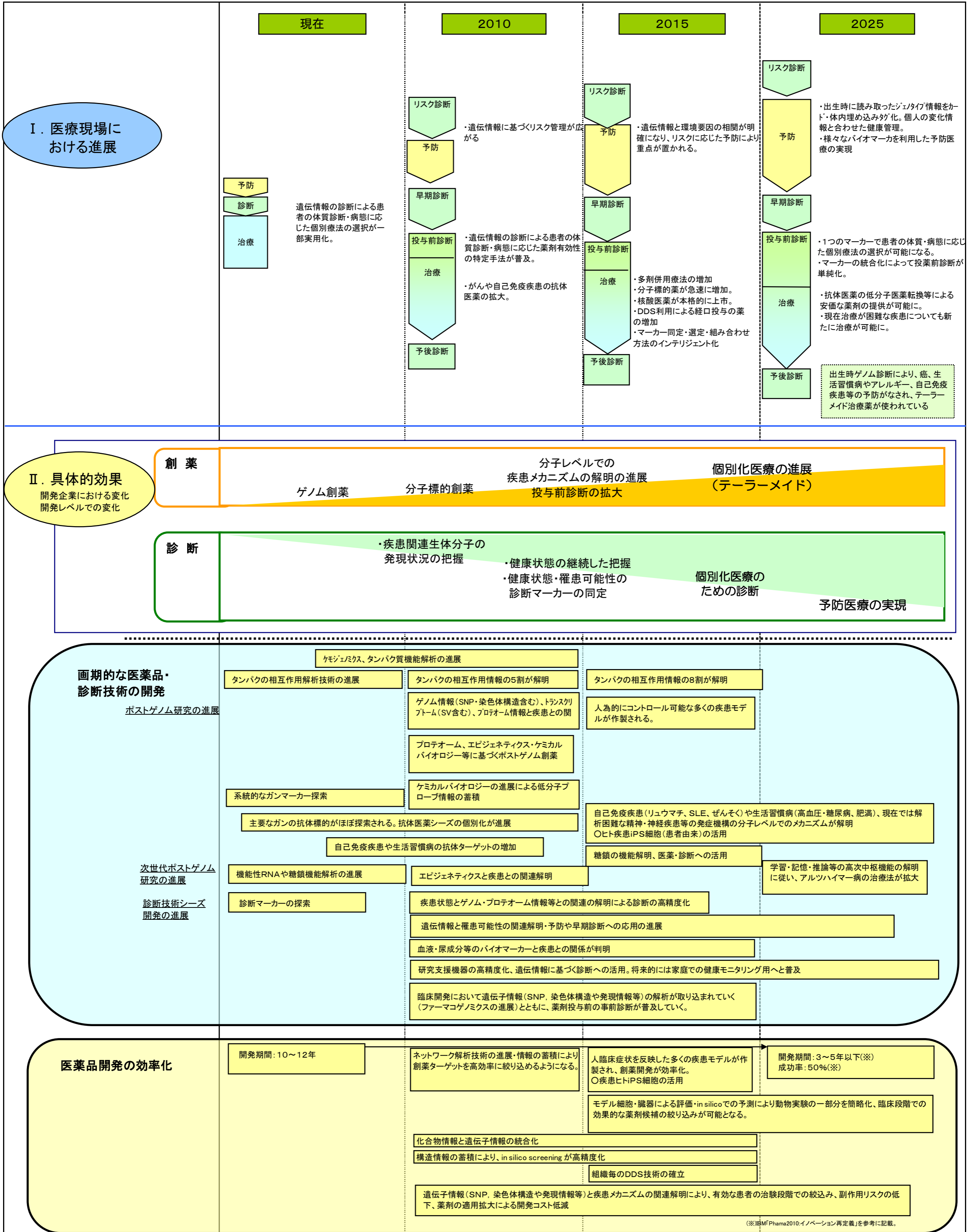
- 健康インフォマティクス基盤構築
- 自己健康管理支援システムの構築・整備
- 予防・超早期発見を目的とした新案ツール、診断キット

・医療費の削減  
・早期回復、健康維持

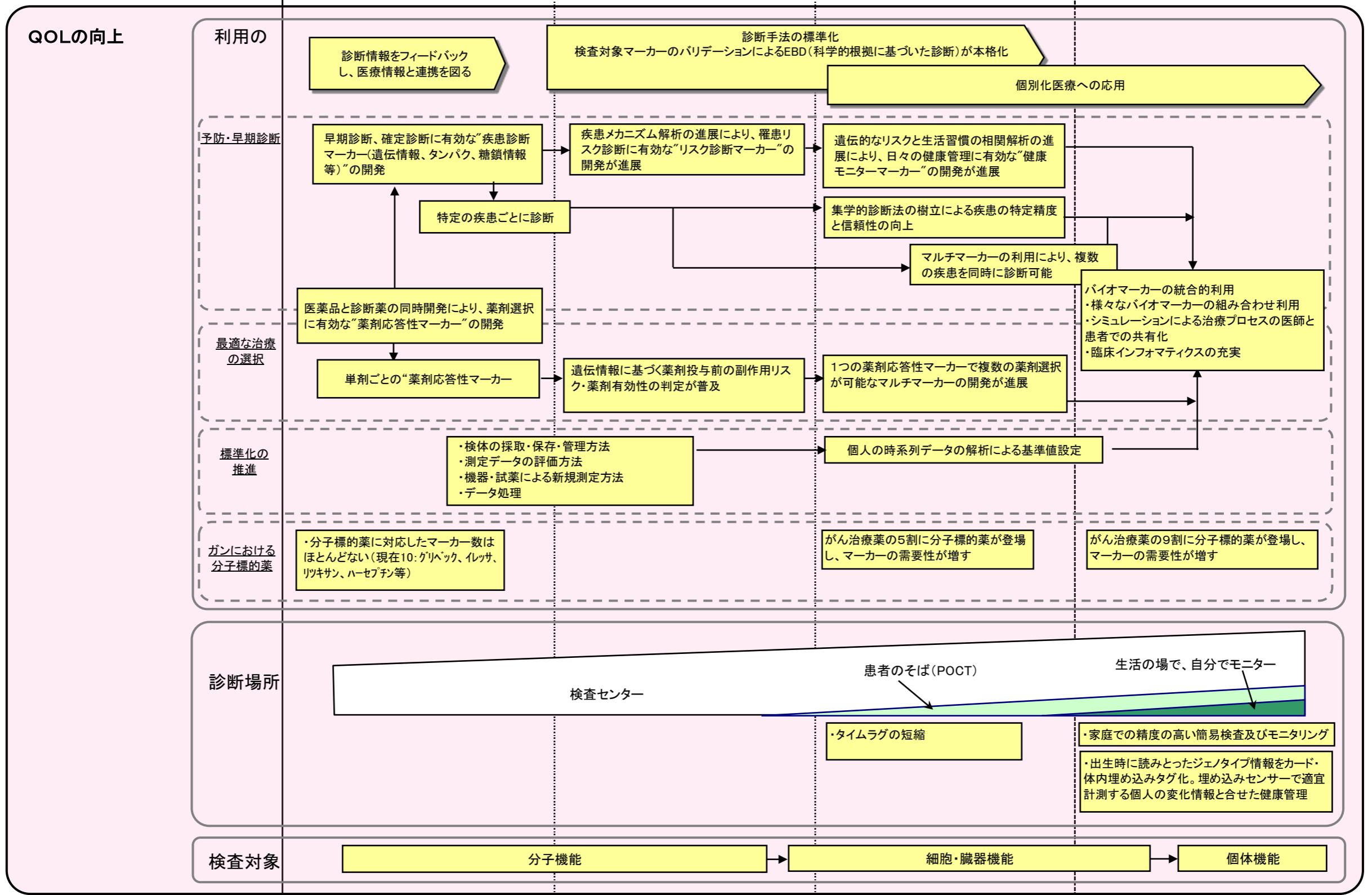
個の医療、健康安心社会の実現(個人に合わせた優れた治療法の提供・予防)・産業競争力の強化



# 創薬・診断分野の技術ロードマップ



|        |           | 現在   | 2010  | 2015  | 2025                             |
|--------|-----------|--|---|---|----------------------------------|
| 医薬品の変化 | 低分子医薬     | ゲノム情報に基づいた分子標的薬シーズの創製(標的:GPCR,核内レセプター,キナーゼ等) | より多くの疾患において、分子標的薬が活用されていく。                                      | 抗体医薬の機能を代替する低分子医薬実現   | 多くの疾患について低分子医薬が製造される。薬剤の適用拡大も進展。 |
|        | 抗体医薬      |  | ガンに対する抗体医薬がほぼ提供され、テーラーメイド型抗体治療が開始される。(例:個々人のガンの状態に合わせた抗体を処方できる) | パーキンソン・アルツハイマーに対する抗体療法が行われている。<br>抗体医薬の低分子化<br>DDS利用の抗体医薬(※)が上市される。(※:抗体そのものをDDSを利用して組織へ集中させる。)<br>細胞内分子を標的とする抗体が創製される。 |                                  |
|        | 核酸医薬      |  | siRNAのサイレンシング機能を薬剤に利用<br>導入効率が良く、毒性が低いベクターが遺伝子治療に利用できるようになる。    | RNAiの薬剤として使用が開始される。   |                                  |
|        | (糖)タンパク医薬 | バイオジェネリック(後発品)の上市                            | タンパク修飾技術やDDS利用の第2世代タンパク医薬への置換えが進む                               | プロテオーム情報に基づく新たなタイプのタンパク医薬が作られる。   |                                  |
|        | 糖質医薬      |  |   |   | 人工的グリコサミノグリカン医薬品                 |
|        | 細胞医薬      |  | 体外で分化させた細胞を用いた治療法が始まる。  | 遺伝子を改変した細胞を用いた治療が始まる。   | 特定の目的に応じて自在に細胞を制御できる技術が確立(人工臓器)  |
|        | ワクチン      | 細胞性免疫を誘導するワクチン開発(臨床試験開始)                     |   | 免疫機能を増強制御する薬剤・方法が開発される。   | 生体防御機構の誘導を自在にコントロールできるワクチン       |
|        |           |  | パーキンソン・アルツハイマーに対するワクチン療法が行われている。                                |   |                                  |





|  | 現在  | 2010   | 2015  | 2025   |
|--|---|--|---|--|
| <p>Ⅲ. 技術進捗</p> <p>創薬(診断)</p> <p>【シーズ探索・ターゲットバリデーション】</p> |   |  |   |  |
| シーケンサー   | DNA解読技術の進展<br>SNP解析技術の進展  | 現在の100倍の速度<br>薬剤投与前診断技術への応用<br>遺伝子機能情報・疾患と多型情報・ゲノム構造の関連解明  | 現在の1000倍の速度:個人のゲノム解析が安価で可能に<br>診療所で簡便かつ安価に活用される。  | 疾患リスク把握・予防技術への展開<br>疾患メカニズム解明、創薬シーズを順次、分子標的薬開発へ展開。   |
| エピジェネティクス  | 癌との関連等、一部で機能が示唆される。   | 癌メカニズムとの関係解明<br>多くの疾患でエピジェネティクスの関与が解明<br>DNA1分子レベルでの解析が可能に。<br>ツール開発 (DNAアセチル化・メチル化解析ツール)  | ターゲット分子のエピジェネティックな制御に利用<br>体細胞のリプログラミング技術   | 移植医療への応用   |
| 機能性RNA   | in vitroでの転写制御に利用<br>ツール開発、機能解明の進展 (ヒト以外生物も含む)  | 創薬ターゲット同定への活用  | 特定遺伝子の転写・翻訳制御による治療の実施   |  |
| DNA・発現頻度等解析技術  | 研究用の基本技術が確立しつつある。データの互換性や機器毎のデータの一致率の低さに課題。<br>・疾患リスクと治療効果判定ができるゲノム解析<br>・疾患リスクの関連ゲノムの研究がされている。 | 同時多項目診断チップの実用化 (コンテンツが順次増加するとともに、医療機関から家庭へと普及)<br>薬剤投与前の有効性・副作用診断ツールとしての活用が一部で実用化<br>・多くの疾患リスクの解析方法が検査へ応用されている。<br>ゲノム構造・非コード領域等解析技術<br>(共通)<br>コンテンツが充実し、非コード領域やスプライシングバリエーション・染色体構造と疾患との関連情報が取得可能<br>診断ツールとして実用化 | 治験データへの活用   | ●多くの疾患の効果判定がゲノム解析で可能となる。<br>個人・家庭レベルでの罹患可能性把握・健康モニタリング機  |
| プロテインチップ・抗体チップ   | 検出感度の向上・タンパク質発現技術等要素技術の開発   | 血液・尿中のバイオマーカーの同定のためのツールや診断チップとして利用   | 診療所で簡便かつ安価に活用される。   |  |
| タンパク質取得技術  | ・組換えや発現が一般化し成熟しているが、インテグレートタンパク質の発現技術としては不十分。<br>・無細胞合成系が実験室で実用<br>・ペプチド合成技術が一般化し成熟             | ・発現・分離・精製技術が向上し、膜タンパク質/タンパク質の取得技術が確立<br>・8割のタンパク質を取得<br>・配列未同定の遺伝子によって、自動的に対応するポリペプチドが合成される<br>・各種の修飾体が自由自在に高収量で合成可能<br>・遺伝子に対応する自動分子合成<br>各種の修飾体が自由自在に高収量で生産可能  | ・(ヒト発現臓器と同等の糖鎖構造や修飾をもつ)天然型糖蛋白質の発現や合成が自由自在となり、自動化されている。<br>・天然型糖蛋白質(ヒト産生臓器と同等の糖鎖構造や修飾をもつ)の発現と合成が自由自在となり、自動化。<br>↓<br>検査標準試料の供給<br>GMPグレードの「個の組換え体/検査薬」が低コストで供給(ワクチン、抗体などを含む) | ・必要に応じて患者別に治療に必要な治療薬を選択するための検査が可能(→「1分子ソーティング」の項)となり、「個の組換え体」がGMPで低コストで供給される。(ワクチン、抗体など)   |
| 分離担体・機器修飾  | ・合成担体等を利用した化学的クロマトグラフィーによる「分子群」ソーティング<br>・機械駆動型ポンプによる送液系<br>・分光光学的モニタリング                        | ・コンベンショナルな「分子群ソーティング」から「1分子ソーティング」への移行が模索され、実用化研究が進展。  | ・高速な「1分子ソーティング」が可能となり、生体分子は1分子毎に多数のパラメータ(サイズ、修飾、切断など)が解析され、その集合データによって特定の分子と病態との関連が調べられている。<br>・用途によって、「分子群ソーティング」と「1分子ソーティング」が使い分けられる。                                     | ・「1分子ソーティング」が高速スケールアップされ、短時間で膨大な分子データの獲得が可能となり、個の医療・診断に活用されている。<br>・極少量の検体から、同時に多数の分子について、それぞれ多項目パラメータの取得が可能となり、確定診断や健康管理に応用されている。 |
| タンパク質相互作用解析  | 広範に解析中であり、いくつかの系では成果が出ている。  | ハイスループット化・汎用性・検出効率・相互作用部位解析精度の向上<br>ターゲットが把握でき、タンパク質相互作用情報(マップ)が8割判明。  | リアルタイムでタンパク質相互作用が1分子レベルで測定可能 (相互作用検出の蛍光プローブ等が進展)<br>ターゲットが把握でき、タンパク質相互作用情報(マップ)が8割判明。   |  |
| 糖鎖機能解析   | 構造解析の基盤技術に目処  | 構造解析装置が普及。<br>糖鎖解析が本格化、診断技術、バイオ医薬品評価等への実用化<br>大量合成技術開発   | ガン、感染症、免疫等の分野において糖鎖機能の幅広い応用が行われている。<br>糖鎖によるバイオ医薬品機能制御が可能になる。   |  |
| 構造解析技術   | 膜タンパク質発現技術の向上<br>結晶化の効率化  | ・NMR・軟X線レーザー・中性子線・低温電子顕微鏡(高分子タンパク質への適用拡大)<br>・単粒子解析等新たな構造解析技術の進展<br>構造情報解明の効率化・構造情報蓄積を通じた in silico screening への応用   | 膜タンパク質以外については、一次構造から推定可能に。<br>タンパク質の動的な構造変化が観察可能になる。  | ・特別な施設や機器を保有しなくても、検査対象となる高分子の構造や修飾は、極限られたパラメータを取得してデータベースで検索可能。  |
| メタボローム解析   | ・ヒト、モデル動物由来の細胞、組織、その他生体材料(血液、尿、唾液など)中の代謝物の網羅的解析で、病態や薬剤応答性(薬効、毒性)のバイオマーカーの探索が始まっている。             | ・ヒト臨床サンプルやモデル動物でのメタボロームのプロファイリングデータベースの蓄積とアルゴリズムの進展で、ヒトの疾患マーカーや動物モデル系(げっ歯類)におけるヒト臨床予測マーカーが数多く見出されている。  | ・ヒトおよびモデル動物でメタボローム統合データベースが完備する。  | ・ヒト生体サンプルのメタボローム解析で、即日の病態診断、薬剤応答性予測が可能となる。   |

※「技術進捗」中の各枠の色は、「具体的効果」の「画期的な医薬品・診断技術の開発」(青)、「医薬品開発の効率化」(黄色)、「QOLの向上」(ピンク)にそれぞれ対応。  
 ※「技術進捗」中の四角囲いは技術を、丸囲いは技術開発による成果を示す。  
 ※下線で表記しているものは、ナノバイオ分野と関係の深い研究開発・技術要素を意味する。

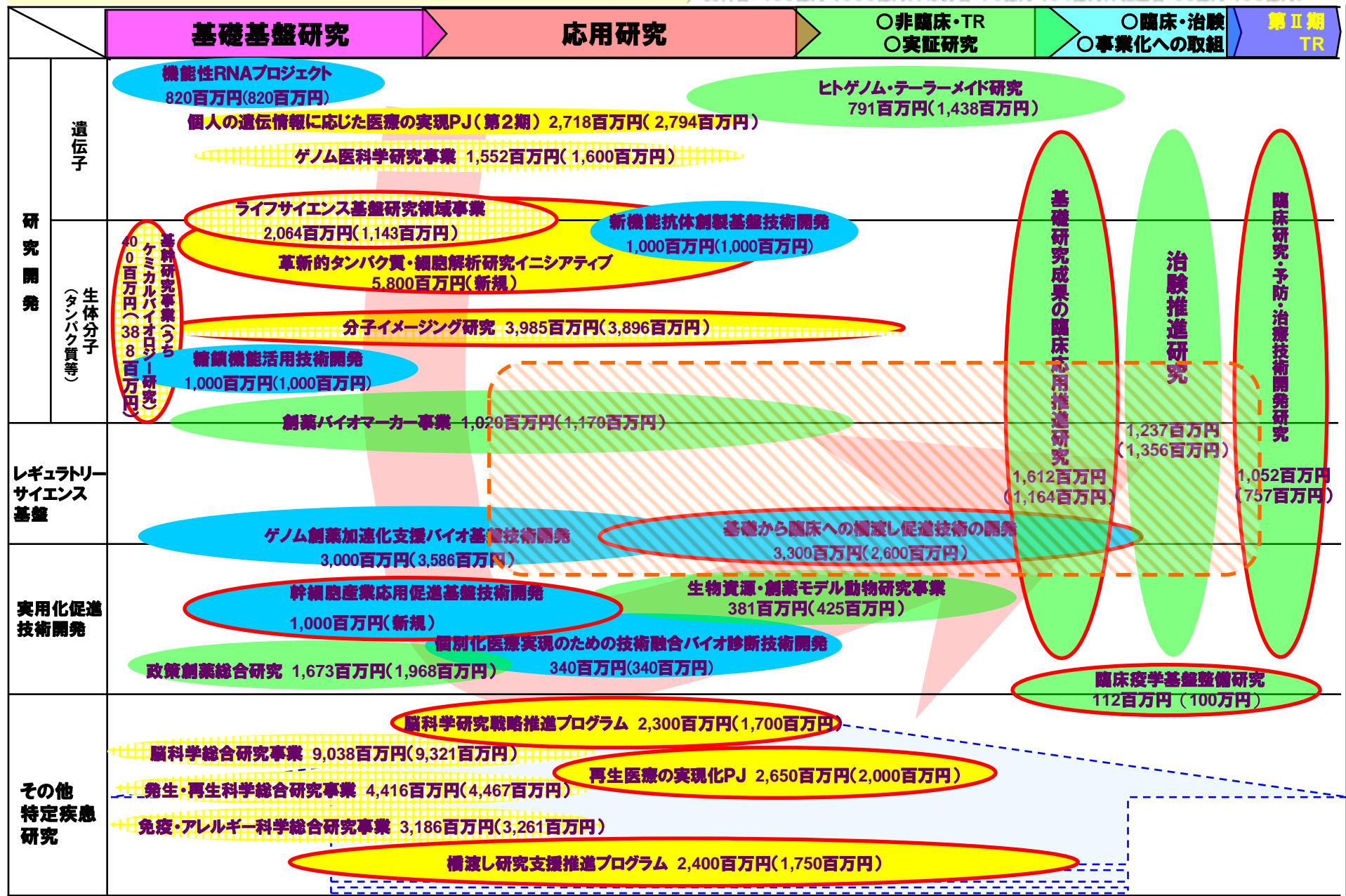
|   | 現在   | 2010  | 2015  | 2025  |
|---|--|---|---|---|
| 特定細胞・組織の培養・分離   | <ul style="list-style-type: none"> <li>・浮遊細胞については、1細胞単位での分離が可能。</li> <li>・付着細胞については、レーザーを利用した特定細胞の分離が可能。</li> </ul>  | <ul style="list-style-type: none"> <li>・性質を維持したインタクトながん細胞の分離培養が可能となりターゲット探索、薬剤開発が効率化される。</li> <li>・1細胞分離の全く新たな原理が登場。</li> </ul>   |   |   |
| 疾患モデル動物・細胞系   | <ul style="list-style-type: none"> <li>臓器モデル・細胞モデル(※)による創薬ターゲット絞り込み・ネットワーク解析(※)iPS/ES細胞等ヒト細胞による疾患モデル系の構築</li> <li>多様な生物を活用した疾患モデル系の構築</li> <li>・疾患モデル数が少なく(特に霊長類)、データベースも不十分で、かつ統合されていない。</li> <li>・導入遺伝子の発現コントロールによる、疾患の程度の調節ができるモデル動物の開発は途上段</li> </ul>  | <ul style="list-style-type: none"> <li>ヒト化マウスによる疾患モデル系の確立</li> <li>・霊長類を含め、疾患モデル動物の作成技術の進展により、モデル数、種類が増加し、それら動物の維持・分与システムが確立される。</li> </ul>   | <ul style="list-style-type: none"> <li>患者毎の性質を維持したインタクトながん細胞の分離培養が可能となる。</li> <li>・疾患モデルの動物種ごとのプロテオーム・メタボローム、メタボリズム(生理学的)解析法が確立し、系統化される。</li> </ul>   | <ul style="list-style-type: none"> <li>・主要な疾患全てにおいてモデル動物が整備される。</li> </ul>  |
| 細胞内ネットワーク解析<br>／セローム  | <ul style="list-style-type: none"> <li>細胞アレイによるネットワーク解析</li> <li>セロミクス技術の進展</li> <li>&lt;浮遊細胞&gt;</li> <li>・1細胞単位での分析が可能。</li> <li>・レーザー光学系や高速演算系を備えたフローサイトメトリやセルソーターなどの設備が基幹施設で稼働</li> <li>・抗体磁気ビーズなどを利用した細胞の大量分離が可能。造血幹細胞移植などの移植細胞濃縮や不要細胞の除去が自動化、臨床利用。</li> <li>・一部に、診断目的で細胞膜マーカーや細胞内分子を定量的に測定。</li> <li>・移植細胞の品質管理に利用。</li> <li>・機器機材や消耗品となる試薬が高価で、運用が高コスト。</li> <li>・走化性因子の探索、走化性測定法の開発</li> </ul> | <ul style="list-style-type: none"> <li>フローサイトメトリ用の機器開発元は、寡占状態から脱し、国内外各社で開発・市販される。特に低廉で小型な装置の実用化が始まる。</li> <li>・ハードウェアは次世代に移行し、より高速で安定な分離と解析が実現。</li> <li>・1細胞解析の全く新たな原理が登場。</li> <li>・抗体に依存しない細胞標識法や、分子標識法が登場し、実用化途上。</li> <li>・1細胞から多数(30以上)のパラメータが同時取得可能となっている。</li> <li>・走化性関連研究の成果として、細胞動態を指標とする創薬スクリーニングシステム開発</li> <li>・走化性関連研究の成果として、細胞動態制御薬の開発開始</li> </ul> | <ul style="list-style-type: none"> <li>・低価格のペンチトプ型のフローサイトメトリ装置が広く普及し、多様な疾患において細胞マーカーの検出類型や、定量化された臨床データが豊富に蓄積されている。</li> <li>・特定の表現型をもつ細胞に、1細胞単位で、核酸や蛋白質などを導入したり、機能を欠失する機能など、新たなモードが実現。</li> <li>・新たな原理に基づいた細胞解析装置や標識法、可視化法が実用化され、研究用に活用されている。</li> <li>・走化性関連研究の成果として、癌転移制御薬の開発</li> <li>・走化性関連研究の成果として、動脈硬化制御薬の開発</li> </ul> | <ul style="list-style-type: none"> <li>・個々の細胞の表現型と遺伝子型の参照データセットが揃っており、最少のパラメータセットを測定することによって、それぞれの細胞や細胞群、組織や臓器の運命や機能の変化について予測可能となる。</li> <li>・走化性関連研究の成果として、癌の転移の大半が薬により抑制可能に。</li> </ul> |
| 細胞内イメージング技術   | <ul style="list-style-type: none"> <li>細胞内での各分子の挙動が平均値として検出されている。</li> <li>分子間相互作用解析結果の生細胞内での検証</li> </ul>   | <ul style="list-style-type: none"> <li>個々の分子の挙動がリアルタイムで解析可能になる。</li> <li>分子イメージングのスループットの向上・高精度化によりスクリーニングに応用可能</li> </ul>  | <ul style="list-style-type: none"> <li>1分子レベルでの解析可能</li> <li>1分子レベルでの分子イメージングのスループットの向上・高精度化によりスクリーニングに応用可能。</li> </ul>   |   |
| 臨床インフォマティクス   | <ul style="list-style-type: none"> <li>・検査値の統合処理</li> <li>・多変量解析が一部で実施(卵巣癌)</li> </ul>   | <ul style="list-style-type: none"> <li>情報の蓄積が可能となり、①シーズ探索に活用できる</li> <li>血液・尿成分のバイオマーカーと疾患の関係が判明</li> <li>・テラーメイド医療の有効性の検証。</li> <li>臨床データと各種omicsデータの統合</li> <li>・免疫ゲノム検査に至るまで</li> <li>・検査方法の標準化・データの統一化が可能と</li> </ul>   | <ul style="list-style-type: none"> <li>・臨床インフォマティクスデータが蓄積され、バイオマーカーのプロファイリングによるテラーメイド医療の治療が普及。</li> <li>・検査の多変量解析による効率化により、個人別基準値の設定・管理ができる</li> </ul>  | <ul style="list-style-type: none"> <li>超早期発見、超早期診断が可能となり、罹患時点・罹患早期で治療が可能となる。</li> <li>・個人別の基準値データベースのカード化</li> </ul>  |
| <b>【薬物設計/前臨床・臨床】</b>  |  |   |   |   |
| <ul style="list-style-type: none"> <li>・ライブラリー構築、</li> <li>・化合物アノテーション、</li> <li>・低分子-タンパク相互作用解析</li> </ul> | <ul style="list-style-type: none"> <li>タンパク質相互作用解析技術(Y2H, MS, タンパクチップ, SPR等)</li> <li>化合物アノテーション・ケミカルジェネティクス</li> <li>HTS技術の進展</li> <li>コンピケム・分子インプリンティング、構造多様性に富んだライブラリー構築</li> </ul>   | <ul style="list-style-type: none"> <li>in silicoと連携した化合物設計がハイスループットで可能に。</li> </ul>   |   |   |
| In silico<br>スクリーニング  | <ul style="list-style-type: none"> <li>・精度向上・情報量拡大により構造情報に基づいたドラッグデザインが可能。</li> <li>・複合体や標的タンパク質の相互作用も含めたスクリーニング</li> <li>増大した構造解析・相互作用情報等をコンピュータに反映、コンピュータの処理能力の向上</li> </ul>   | <ul style="list-style-type: none"> <li>細胞機能をシミュレート可能なバーチャルスクリーニング技術が確立</li> </ul>   | <ul style="list-style-type: none"> <li>コンピュータ上での薬剤設計</li> </ul>   |   |
| 抗体作製技術  | <ul style="list-style-type: none"> <li>抗体の特異性向上・製造コスト低減技術</li> <li>宿主の多様化</li> <li>低分子化・アプタマー化</li> </ul>  |   | <ul style="list-style-type: none"> <li>細胞内タンパクをターゲットとする抗体医薬の作製技術が確立</li> </ul>  |   |
| 細胞医薬  | <ul style="list-style-type: none"> <li>体外での細胞の分化制御技術</li> </ul>  | <ul style="list-style-type: none"> <li>免疫原性の低い細胞の創出</li> </ul>  | <ul style="list-style-type: none"> <li>疾患状態や外部刺激に応じて効用や細胞機能が制御できる細胞医薬</li> </ul>  |   |
| 核酸医薬  | <ul style="list-style-type: none"> <li>siRNAを活用した核酸医薬開発におけるベクターの開発</li> </ul>  | <ul style="list-style-type: none"> <li>導入効率が高く、毒性が低いベクターが遺伝子治療に利用できるようになる。</li> </ul>   |   |   |
| ヒト細胞による毒性・有   |  | <ul style="list-style-type: none"> <li>細胞チップ技術とモデル細胞・臓器との組み合わせ</li> </ul>   |   |   |
| 生体のまま薬剤効果を検証できるイメージング技術   |  | <ul style="list-style-type: none"> <li>情報のデジタル化による網羅的解析・スループット向上</li> <li>動物実験に適用するための分解能の向上・小型化</li> </ul>   |   |   |
| 薬物動態シミュレーション  | <ul style="list-style-type: none"> <li>半減期・変異原性については簡単に分かる。それ以外で課題がある。候補化合物を実際にアッセイせずに評価できるようにする。既に設計の段階でどの酵素に代謝を受けるかは織り込んだ上で開発が進展している状況。</li> </ul>   | <ul style="list-style-type: none"> <li>in silicoでの予測による動物実験の簡略化</li> </ul>  | <ul style="list-style-type: none"> <li>個人差も反映したシミュレーションが可能になる(試験の対象の選択にも利用可能)</li> </ul>  |   |

※「技術進捗」中の各枠の色は、「具体的効果」の「画期的な医薬品・診断技術の開発」(青)、「医薬品開発の効率化」(黄色)、「QOLの向上」(ピンク)にそれぞれ対応。  
 ※「技術進捗」中の四角囲いは技術を、丸囲いは技術開発による成果を示す。  
 ※下線で表記しているものは、ナノバイオ分野と関係の深い研究開発・技術要素を意味する。



|              |   | 現在   | 2010   | 2015   | 2025   |
|--------------|---|--|--|--|--|
| DDS (低分子・抗体) |   | <ul style="list-style-type: none"> <li>・ターゲティング、持続時間延長、溶解温度の改善等々、要素技術が多い。</li> <li>・ガンの場合はターゲティングが主要課題</li> <li>・ガン以外においては抗体医薬もデリバリーが課題</li> </ul>   | <ul style="list-style-type: none"> <li>リポソーム型の一部実用化、様々な接着因子の利用</li> <li>①低分子をリポソームに包み、膜上に抗体を入れることでターゲティング</li> <li>②がん細胞と正常細胞内での代謝酵素の活性の差を利用する手法も存在。これらが実用化されていく。</li> </ul>     | <ul style="list-style-type: none"> <li>DDS利用抗体の実用化</li> <li>細胞を利用した運搬技術が進展(タンパク医薬、抗体医薬)</li> </ul>   |  |
|              | DDS (核酸)  |  | <ul style="list-style-type: none"> <li>(共通)ブラッドブレンバリア(BBB)の制御</li> <li>導入効率が高く、毒性が低いベクターが遺伝子治療に利用できるようになる。</li> <li>siRNAのサイレンシング機能を薬剤に利用</li> </ul>                             | <ul style="list-style-type: none"> <li>RNAiの薬剤としての使用が開始</li> </ul>   |  |
| 【製造技術】       |   | <ul style="list-style-type: none"> <li>バイオロジクス製造技術の改良(宿主:ウシ・ニワトリ・植物や糖鎖改変技術等)</li> <li>バイオロジクス製造技術の改良(分離精製技術・大量生産・低コスト化)</li> </ul>   |  |  |  |
| 診断           | 【検査手段の開発】   |  |  |  |  |
|              | ゲノム診断装置   | <ul style="list-style-type: none"> <li>・DNAシーケンサーを利用</li> <li>・SNP解析が実施されている。</li> </ul>   | <ul style="list-style-type: none"> <li>・疾患別解析ゲノムの統一化</li> <li>・解析装置の小型化・高速化</li> </ul>   | <ul style="list-style-type: none"> <li>異型・多型を含めた個人レベルでの遺伝子情報解析</li> </ul>  | <ul style="list-style-type: none"> <li>個人データのカード化・体内埋め込み型</li> </ul>   |
|              | タンパク質診断装置   | <ul style="list-style-type: none"> <li>一般生化学検査では、化学的多項目自動測定が可能。</li> </ul>   | <ul style="list-style-type: none"> <li>質量分析装置に定量性を付加する技術の開発</li> </ul>   | <ul style="list-style-type: none"> <li>・定量的MSの普及</li> <li>・蛋白質/糖/核酸などの広範囲なマーカー検出に定量的MSが利用される。</li> </ul>   | <ul style="list-style-type: none"> <li>・ベンチトップ/ベッドサイドMSの開発</li> <li>・生体1分子毎に多項目(サイズ、修飾、切断など)が、同時計測可能となり、集合データによって特定の分子と病態との関連が調べられる。</li> </ul>  |
|              | 代謝物診断(メタボローム解析)装置   | <ul style="list-style-type: none"> <li>分子特異的定量分析では、RIAやELISA。</li> </ul>   | <ul style="list-style-type: none"> <li>GC-MS、LC-MS、CE(キャピラリー電気泳動)-MS、NMRの活用により、多くの代謝物種の網羅的解析が可能</li> </ul>   | <ul style="list-style-type: none"> <li>すべての代謝物種の網羅的解析を可能とする、定量的・高感度解析手法が開発される。</li> </ul>  | <ul style="list-style-type: none"> <li>ベンチトップ/ベッドサイドで使用可能な低コスト化解析装置が開発される。</li> <li>メタボロームデータベースの蓄積、アルゴリズムの進展で、オールインワン型病態診断装置が開発される。</li> </ul>  |
|              | 細胞診断装置  | <ul style="list-style-type: none"> <li>光学的分子標識が必要/細胞膜分子 FCM:1細胞計測(散乱光・蛍光)</li> <li>・高額大型装置(海外製寡占)</li> <li>・高コストな運用</li> <li>・診断/臨床利用は限局(主に研究)</li> </ul>  | <ul style="list-style-type: none"> <li>蛍光標識法が多様化/細胞内分子 FCM:1細胞計測(散乱光・蛍光)</li> <li>・高性能高額機と低価格機の二極化</li> <li>・既存機器の低価格小型版が普及</li> <li>・診断/臨床利用へ展開</li> </ul>                      | <ul style="list-style-type: none"> <li>・ポストソーティング解析技術の融合</li> <li>・1細胞動的解析技術(*)の適用</li> <li>・非標識による細胞分子同定が可能</li> <li>FCM/CS高性能低価格機の普及</li> <li>・診断/臨床ベッドサイドで常用</li> </ul> | <ul style="list-style-type: none"> <li>・浮遊細胞・付着細胞の双方について、1細胞の動的変動 多変量パラメータ</li> <li>・細胞表現型と遺伝子型のプロファイリングデータによって、細胞/組織/臓器の運命や機能変動の予測が可能</li> <li>・1分子計測・1細胞計測が高速かつスケールアップされ多変量パラメータを高速演算が可能となる。</li> <li>・これにより、表現型と遺伝子型のプロファイリングや疾病/病型/疫学的データとの連鎖解析が可能となる。</li> <li>・その後、出力の単純化により、細胞/組織/臓器/個体の運命を予測可能となり、確定診断個の健康管理に活用</li> </ul> |
|              | 細胞診断装置  | <ul style="list-style-type: none"> <li>※FCM:フローサイトメトリ</li> <li>1分子計測技術装置の発展と普及</li> <li>・標識法(高寿命蛍光・蛍光/分子プローブ)</li> <li>・細胞内分子標識法</li> <li>・高出力半導体レーザー</li> <li>・装置(顕微鏡装置/検出器/制御装置)の単純化と低価格化</li> <li>・新原理の出現</li> <li>細胞機能改変技術の進展(核酸、蛋白質等の無毒性 高効率導入、機能発現/機能抑制/刺激付加)</li> </ul> | <ul style="list-style-type: none"> <li>分子群分離から1分子ソーティングへ</li> </ul>  | <ul style="list-style-type: none"> <li>1分子ソーティングと1分子解析の融合</li> </ul>   | <ul style="list-style-type: none"> <li>1分子計測値の集積により、特定分子群の特性を把握</li> </ul>   |
| 細胞診断装置       | <ul style="list-style-type: none"> <li>化学的クロマトグラフィーや電気泳動法による分子群分離～分子群モニタリング</li> </ul>  | <ul style="list-style-type: none"> <li>診断ターゲット分子(タンパク質)の自在な創製</li> </ul>   | <ul style="list-style-type: none"> <li>診断ターゲット分子(タンパク質)の自在な創製</li> </ul>   | <ul style="list-style-type: none"> <li>1分子計測値の集積により、特定分子群の特性を把握</li> </ul>   |  |
| バイオチップ       | <ul style="list-style-type: none"> <li>共通基盤</li> <li>マイクロfluidicチップ</li> <li>・サンプルの微量化</li> <li>・操作の簡便化</li> <li>・検査時間の短縮</li> </ul>                    | <ul style="list-style-type: none"> <li>ナノfluidicチップ(20マーカー、100検体同時測定)</li> <li>マルチ解析の臨床応用(100マーカー以上、非標識検出)</li> <li>・人工リガンド</li> </ul>   | <ul style="list-style-type: none"> <li>統合バイオチップ:確定診断精度の飛躍的向上</li> <li>複数のマーカーを利用して、1つの疾患の診断精度を向上</li> <li>マルチバイオチップ</li> <li>1つのバイオチップで複数の疾患を同時診断</li> <li>パネル化して利用普及</li> </ul> | <ul style="list-style-type: none"> <li>パネル化して利用普及</li> </ul>   |  |
| 核酸           | DNAチップの実用化  | 抗体チップの実用化  | プロテインチップの実用化   | セルアレイの実用化  | ティッシュアレイの実用化   |
| 細胞           |   |  |  |  |  |
| 組織           |   |  |  |  |  |
| 【検査基盤】       |   |  |  |  |  |
| バイオインフォマティクス | <ul style="list-style-type: none"> <li>臨床情報のデータベース化進展</li> <li>・タムの統一</li> <li>・画像データのストレージ</li> <li>・データベース間の相互利用の実現</li> <li>ゲノム情報の統合化</li> </ul>     | <ul style="list-style-type: none"> <li>臨床情報とゲノム情報の統合プラットフォーム化</li> <li>ニュートリジェノミクスデータの整備</li> <li>遺伝子と食品の関係が明らかとなり、リスクに合わせた食生活の選択が可能になる。</li> <li>ネットワークの拠点構築</li> <li>多様性をもったゲノム情報の取得</li> <li>高速で高精度な多変量解析技術の進展</li> </ul>   | <ul style="list-style-type: none"> <li>コンピュータ健康支援システムの普及</li> <li>診断支援に活用</li> </ul>   | <ul style="list-style-type: none"> <li>個別化された健康管理手法の確立</li> </ul>  |  |
| 標識法、標識物質、可視化 | <ul style="list-style-type: none"> <li>・蛍光発光感度(ng)</li> <li>・BKGの抑制剤が一部開発されている(MPCホリマー)。</li> <li>・病理標本のテレメディスン化が一部実施され</li> </ul>                      | <ul style="list-style-type: none"> <li>蛍光発光の感度UP (→fg)</li> </ul>  | <ul style="list-style-type: none"> <li>標識体及び検出機器の改良により感度が更に向上し、複数の標識体が同時に使用可能(100マーカー)となりコストダウンする。</li> <li>病理標本の画像解析システムが一般化</li> </ul>   |  |  |
| 非標識解析技術      | <ul style="list-style-type: none"> <li>・安定同位体による解析が研究レベルで使用されている。</li> </ul>  | <ul style="list-style-type: none"> <li>MS・MSの解析能があがり感度向上する。</li> </ul>   | <ul style="list-style-type: none"> <li>ベンチトップMS・MSの開発により普及</li> <li>定量的検査から定量的検査へ</li> </ul>   |  |  |
| 検体採取、検体処理    | <ul style="list-style-type: none"> <li>侵襲度の低い検体採取技術の開発</li> <li>汗、呼吸、尿、唾液などの侵襲度の低い検体の利用技術</li> <li>抽出方法が施設・項目により異なる。フィルター上でDNA保存(標準化迄至っていない)</li> </ul> | <ul style="list-style-type: none"> <li>DNA・RNA抽出の標準化</li> <li>保存・輸送技術の一般化</li> </ul>   | <ul style="list-style-type: none"> <li>保管する上での倫理規定を整備</li> </ul>   |  |  |
| 共通基盤         | <ul style="list-style-type: none"> <li>バイオリソース (cDNA、微生物、動植物、モデル生物等)</li> <li>データベース整備(ゲノム、cDNA、SNP、ハプロタイプ、発現頻度、細胞内局在等の情報の統合化)</li> </ul>               |  |  |  |  |

※「技術進捗」中の各枠の色は、「具体的効果」の「画期的な医薬品・診断技術の開発」(青)、「医薬品開発の効率化」(黄色)、「QOLの向上」(ピンク)にそれぞれ対応。  
 ※「技術進捗」中の四角囲いは技術を、丸囲いは技術開発による成果を示す。  
 ※下線で表記しているものは、ナノバイオ分野と関係の深い研究開発・技術要素を意味する。



# 革新的医薬品・医療機器創出のための5か年戦略の概要

<参考資料2-1>

平成19年4月

平成20年5月(改定)

平成21年2月(改定)

内閣府・文部科学省

◎厚生労働省・経済産業省

世界最高水準の医薬品・  
医療機器を国民に提供

医薬品・医療機器産業を日  
本の成長牽引役に

日本先行開発・日本参加の世界同時開発を目指した施策群

## ①研究資金の集中投入

- ・医薬品・医療機器関連予算の重点化・拡充
- ・産官学による重点開発領域等の調整組織の設置
- ・研究開発税制の充実・強化
- ・先端医療開発特区における研究資金の統合的・効率的な運用の方策の検討
- ・先端医療開発特区に関連する研究資金の重点化・集中配分等

## ②ベンチャー企業育成等

- ・研究資金の拡充
- ・施設や機器の共用化等
- ・企業化支援体制の整備、OB人材の活用、相談窓口の充実等
- ・エンジェル税制の活用等に関する支援施策の拡充
- ・バイオベンチャーの国際展開支援の実施
- ・国民経済上重要な新技術の企業化開発の推進
- ・審査手数料の支援検討
- ・医療機器の部材提供を活性化する方策の検討

## ③臨床研究・治験環境の整備

- ・国際共同治験の推進
- ・国立高度専門医療センターを中心に産官学が密接に連携して臨床研究を進める「医療クラスター」の整備
- ・橋渡し研究拠点、再生医療拠点、臨床研究体制の整備
- ・医療クラスターを中心とした治験の拠点化・ネットワーク化・IT化
- ・医師や臨床試験を支援する人材の育成・確保
- ・医師等の臨床業績評価を向上させるための取組
- ・臨床研究の規制の適正化の推進
- ・中央IRB機能等を有し、高度な国際共同研究が実施可能なグローバルな臨床研究拠点の整備
- ・先端医療開発特区における研究開発側と規制担当との開発段階からの並行協議の場の設置

## ④アジアとの連携

- ・重要な疾病について共同研究推進
- ・東アジアで収集されたデータの活用方法の共同研究

## ⑤審査の迅速化・質の向上

- ・新薬の上市までの期間を2.5年間短縮(ドラッグ・ラグの解消)
- ・審査人員を倍増・質の向上(3年間で236人増員)
- ・承認審査の在り方や基準の明確化、GCPの運用改善
- ・全ての治験相談にタイムリーに対応できる体制の整備
- ・日米欧審査当局との間での共同治験相談の導入の協議
- ・新医療機器の承認までの期間を19ヶ月短縮(デバイス・ラグの解消)
- ・医療機器審査人員の増員・質の向上(5年間で69人増員)
- ・新医療機器・改良医療機器・後発医療機器の3トラック審査体制を導入し承認審査の合理化を促進
- ・医療機器の相談業務の質・量の向上
- ・医療機器GCPの運用改善

## ⑥イノベーションの適切な評価

薬価制度等における革新的な製品のより適切な評価等

## ⑦官民対話

関係省・研究機関・産業界の連携強化

定期的な官民対話の実施

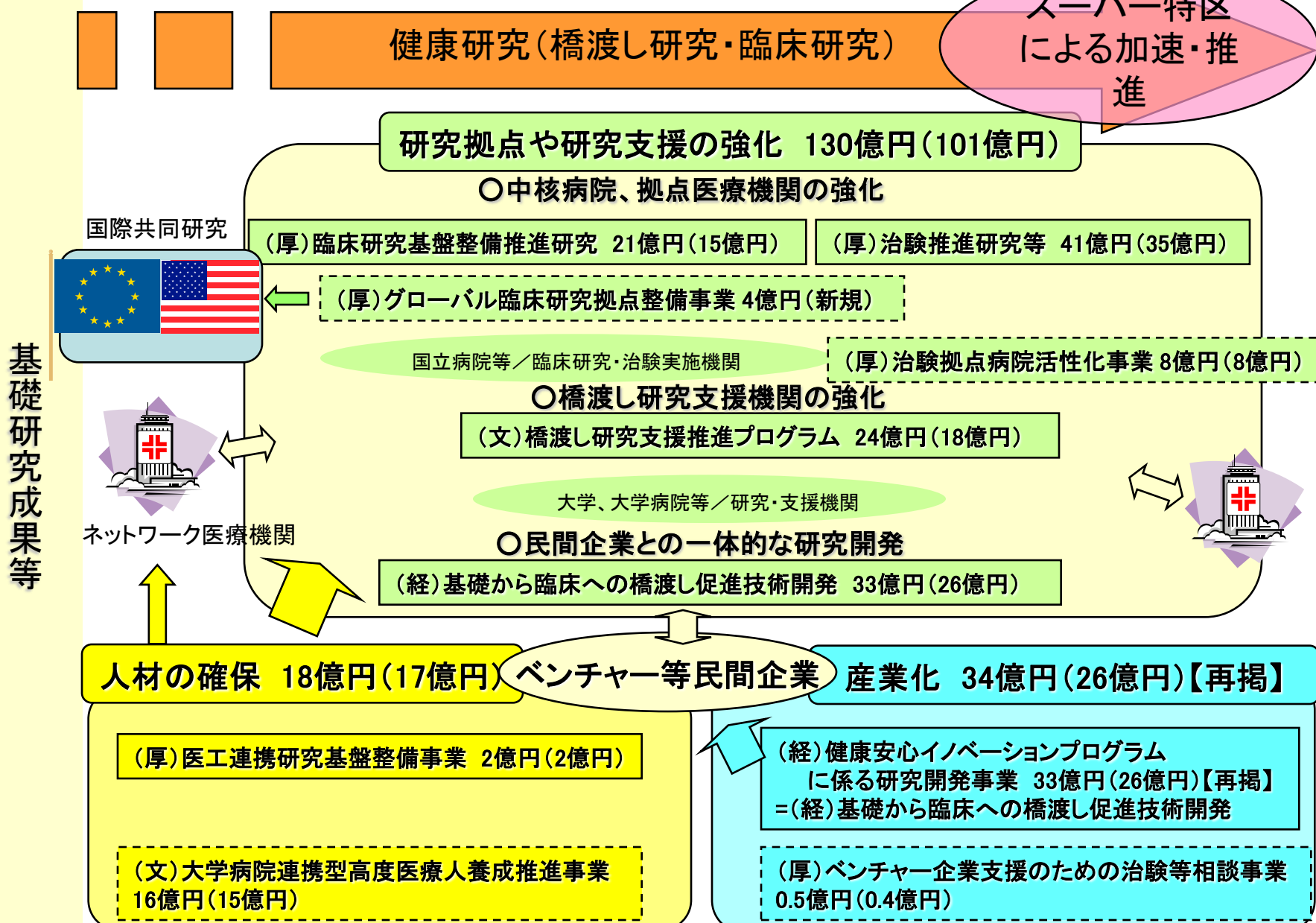


# 平成21年度健康研究関係施策 148億円 (118億円)

<参考資料2-2>

国民への画期的治療薬・医療機器・医療技術の迅速な提供

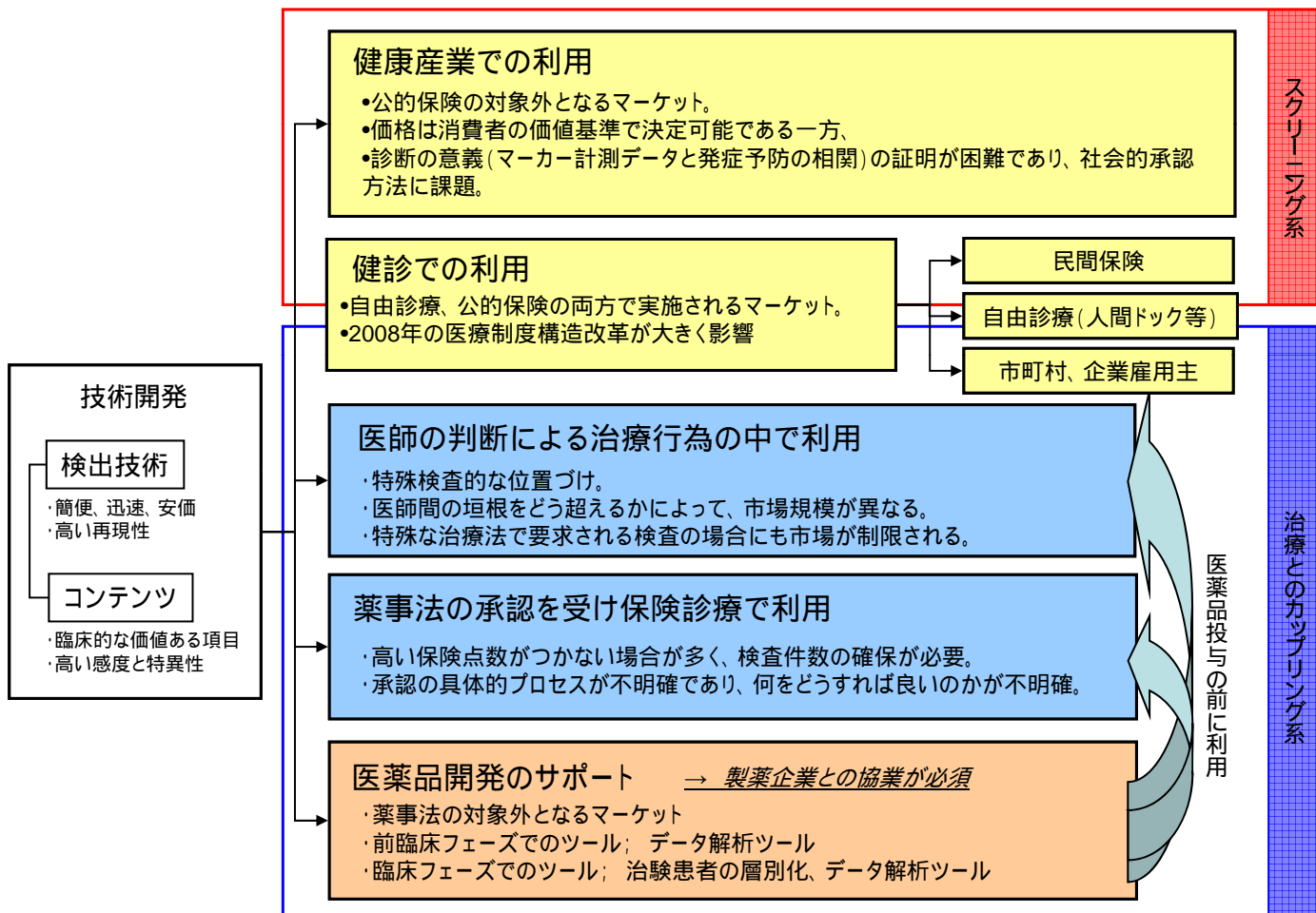
平成21年度各省予算のうち、健康研究推進研究にかかるものの額



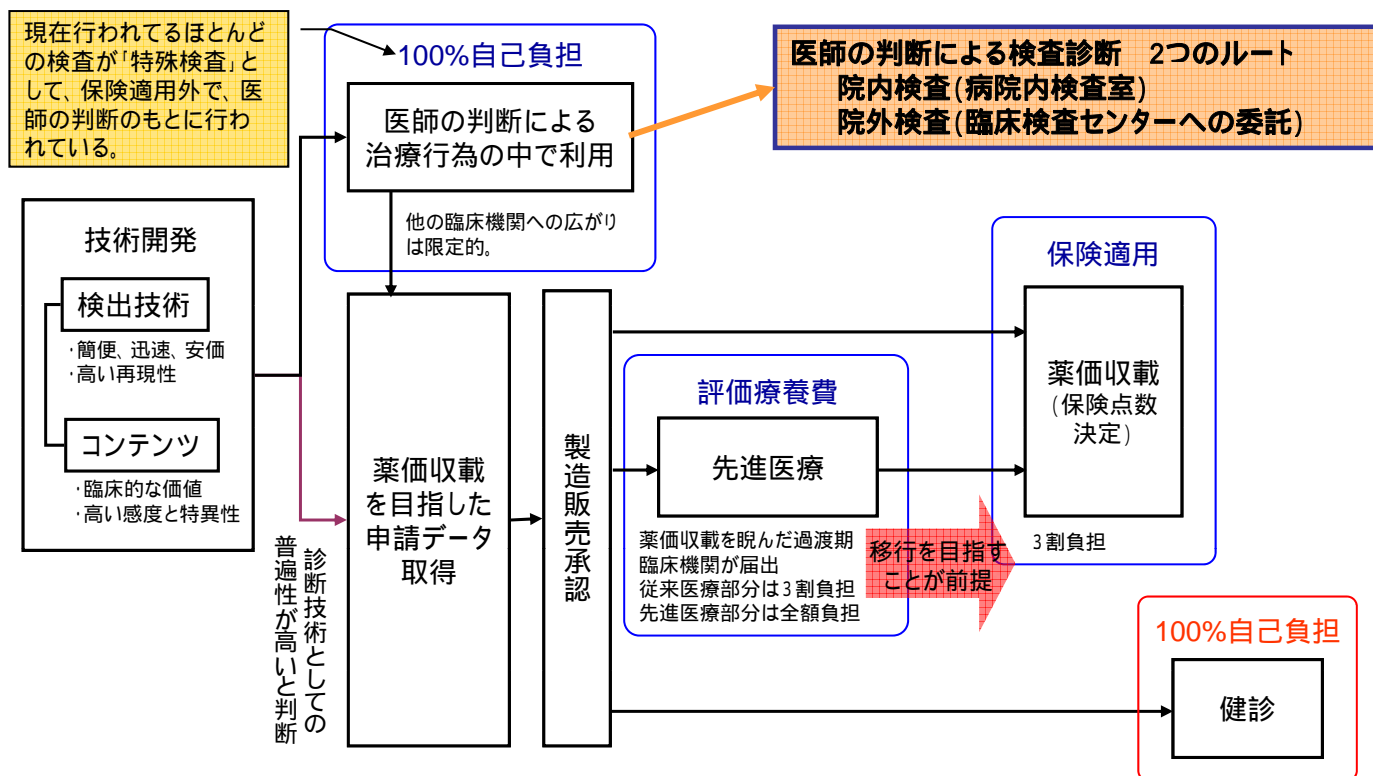
※平成21年度健康研究概算要求方針に基づく施策のうち、□:科学技術振興費 □:科学技術振興費以外。( )内は、昨年度予算額。



# 検査診断技術のビジネスエリア

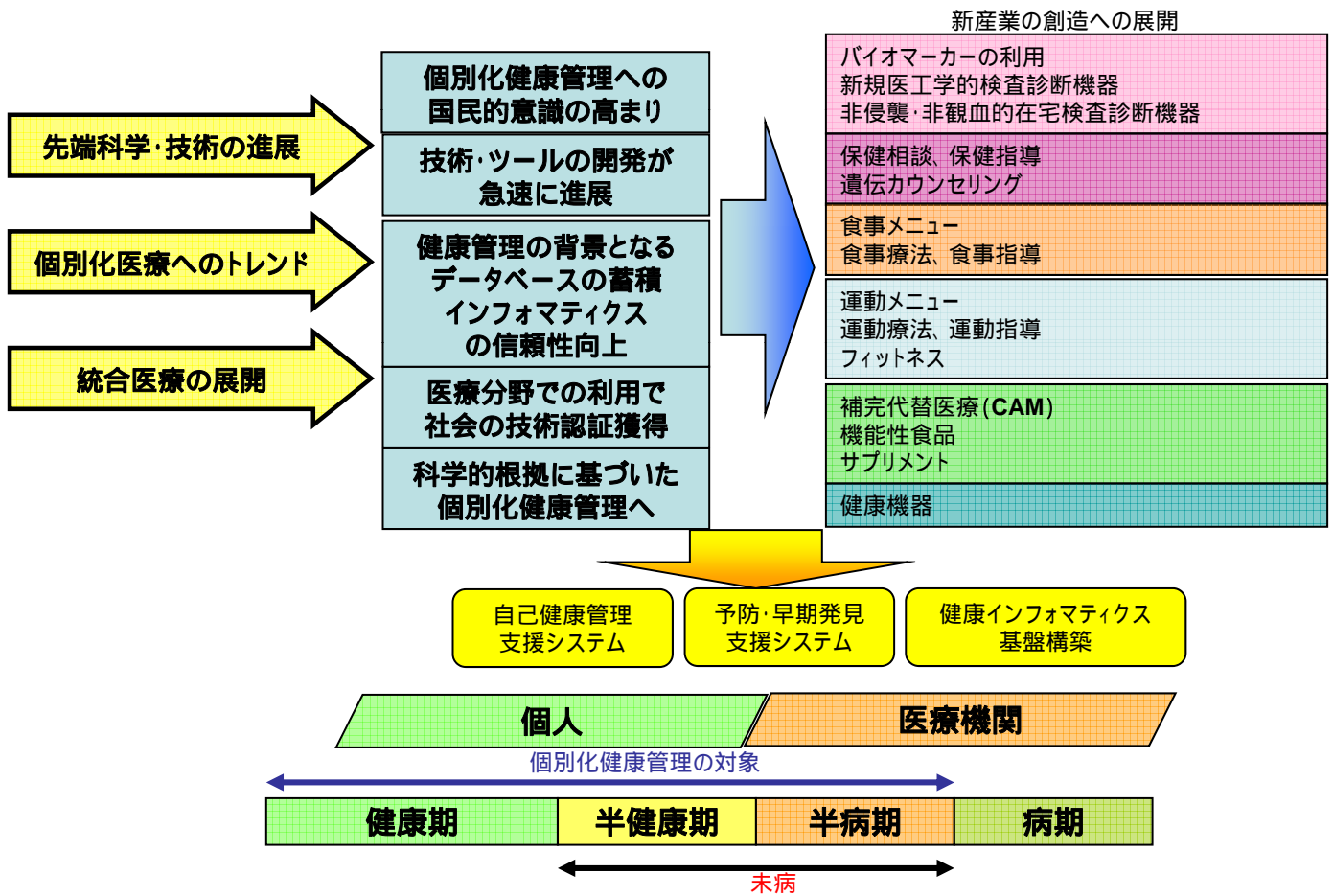


## 医師による臨床現場での利用



市場化までの時間

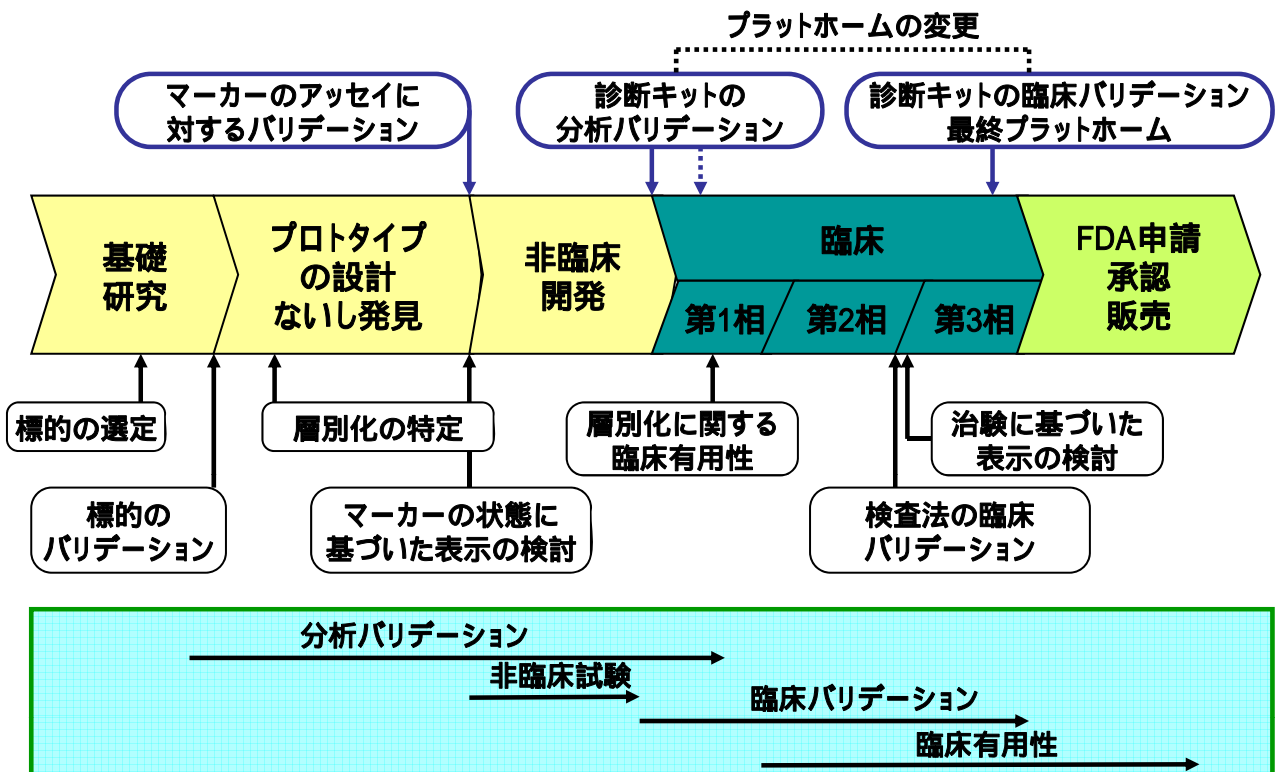
# 健康産業での利用



# 医薬品開発のサポート

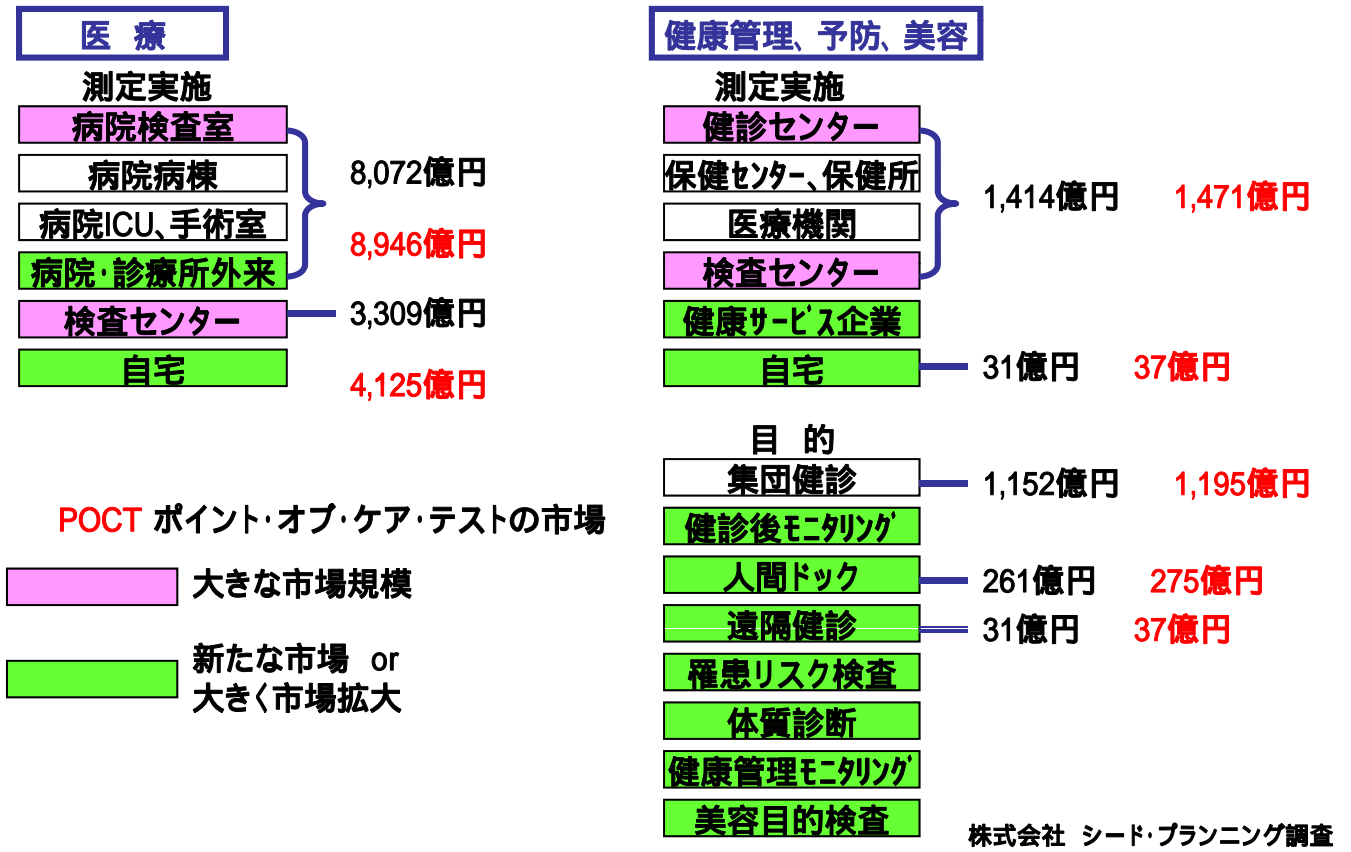
製薬企業との協業が基本

米国FDAが2005年4月のConcept Paperで提案している「医薬品と診断法の一体化開発」の考え方



# 検査診断市場の動向予測

(現在 10年後)



## 診断技術の利用場面

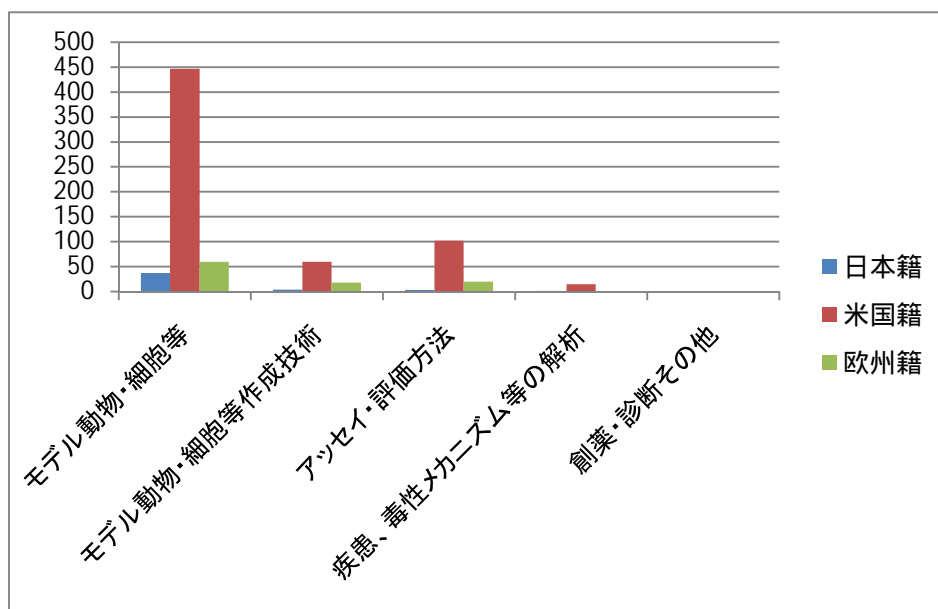
|  |          | 診断の種類              | 試料及び測定対象               | 効果                                     | 診断技術   |  |
|--|----------|--------------------|------------------------|--|--|--|
| 家庭                                     |          | 罹患リスク診断            | 口内粘膜、血液など              | 多型                                     | ゲノム塩基配列情報の多型による個人の体質を把握。ゲノムの多型情報及び疾患情報の相関を解明することが必要。                                   | ゲノムシーケンス、インベーターアッセイ、DNAチップなど                               |
|  |          | 健康管理診断             | 汗、尿、唾液、呼吸、血液など         | タンパク質、二次代謝産物など                         | 罹患リスクに基づき個人毎のリスクに応じた健康管理をサポート。   | イムノアッセイ、タンパク質チップなど   |
| 医療機関                                   |          | 健康診断 (早期発見)        | 血液、尿、呼吸など              | mRNA<br>タンパク質、糖鎖、プロファイリングデータ           | 日々の健康管理や、健康診断などの定期検診に、年齢に応じた診断項目が追加され、疾患の早期発見に向けたファーストスクリーニングをサポート。                    | DNAチップ、イムノアッセイ、RT-PCR、質量分析装置など                             |
|  |          | 確定診断 (治療方針決定のサポート) | 血液、疾患組織                | mRNA、タンパク質、糖鎖、ゲノム構造など                  | 疾患関連遺伝子の発現プロファイル解析や、疾患特異的なタンパク質などの生体分子の検出、画像情報を用いて疾患の種別や性質を特定。臨床情報との連携で最適な治療方針の決定サポート。 | PET、CT、MRIなどのモダリティ<br>組織染色、RT-PCR、質量分析技術、DNAチップ、タンパク質チップなど |
| 医療機関での臨床用途                             | 薬物投与前診断  | 投与量                | 口内粘膜、血液など              | 多型                                     | 肝臓の薬物代謝酵素の多型等に応じた用量決定による副作用回避。   | ゲノムシーケンス、イムノアッセイ、DNAチップなど                                  |
|  |          | 疾患組織               | 疾患組織                   | タンパク質など                                | 薬剤の送達や取り込み能力などのトランスポーターの多型による用量決定で副作用回避。   |  |
|  | 奏功性      | 疾患組織               | 疾患組織                   | ターゲット分子、プロファイルデータ                      | 薬が効くか効かないかを個人毎の病状や体質に応じて選択し、投与。  | イムノアッセイ、組織染色、タンパク質チップなど                                    |
|  | 予後診断     | 血液                 | タンパク質、二次代謝産物など         | 治療効果や快復状態を診断し、適切な予後管理をサポート。            | DNAチップ、イムノアッセイ、RT-PCR、質量分析装置など   |  |
| 医薬品開発から得られた知見を活用し、診断目的にマッチしたバイオマーカーを選択 |          |                    |                        |  |  |  |
|  | 医薬品の開発過程 | 血液、疾患組織            | mRNA、タンパク質、プロファイリングデータ | 開発中の新薬の薬理メカニズムに基づき、薬が効く患者を選択し、臨床試験を行う。 | DNAチップ、質量分析装置、タンパク質チップなど   |  |

## 創薬・診断分野の国際競争ポジション

～平成 19 年度特許出願動向調査報 幹細胞関連技術～

近年 iPS 細胞で話題になっている幹細胞関連技術について、米国への産業応用特許出願を国籍別にみると、創薬・診断分野では米国籍、欧州国籍の出願が圧倒的に多いことがわかる。我が国では今後、iPS 細胞を活用した創薬ビジネス・再生医療ビジネスの創出が期待されているが、産業化へのハードルは高く出遅れた形となっている。

図 幹細胞関連技術の創薬・診断分野における国籍別出願数（米国への出願）



1980 年～2005 年（優先権主張年）のデータをもとに作成

出典：平成 19 年度特許出願動向調査報告書 幹細胞関連技術

## 事前評価書

|                   |   |  |
|-------------------|---|--|
|                   | 作成日   | 平成 16 年 6 月 4 日<br>平成 16 年 10 月 25 日改訂 |
| 1．事業名称<br>(コード番号) | 機能性 RNA プロジェクト  |  |
| 2．推進部署名           | バイオテクノロジー・医療技術開発部   |  |
| 3．事業概要            | <p>1) 概要：近年の研究成果により、タンパク質の合成に関与するメッセンジャー RNA やトランスファー RNA 等既知の RNA とは異なり、発生分化等の過程において重要な役割を果たしている RNA、すなわち機能性 RNA の存在が明らかになってきている。また、これまでのポストゲノム研究においては、ゲノム配列の数%に相当するタンパク質に関する研究が主流であったが、これまで未開拓であった残りの配列中に、ncRNA(非コード RNA:タンパク質が作られるメッセンジャーRNA 以外の RNA の総称)として細胞内で重要な役割を担う機能性 RNA の存在が示唆されており、急速な研究の展開が見込まれている。今後、再生医療や RNA 医薬等への応用につながることを期待されることから、機能性 RNA 解析のための新規ツールを開発し、機能解析を行う。</p> <p>(2) 事業規模(平成 17 年度): 6.4 億円</p> <p>(3) 事業期間: 平成 17 年度~21 年度(5 年間)</p>  |  |
| 4．評価の検討状況         | <p style="text-align: center;">(1) 事業の位置付け・必要性</p> <p>機能性 RNA に関する研究は、今後、急速に進展することが期待されているが、世界的にも、これまで機能性 RNA に関する主だった国家プロジェクトは開始されていない。本プロジェクトを開始することにより、世界に先駆けて機能性 RNA の機能解明を行い、再生医療や RNA 医薬等への応用につなげていくことが必要である。また、機能性 RNA の探索や解析のための支援ツールの開発を行うことで、実用化に向けた機能性 RNA の研究開発を加速化し、我が国の国際的優位性を確保していくことが必要である。</p> <p>本プロジェクトは健康安心プログラムとして実施される。本プログラムでは、健康で安心して暮らせる社会を実現するため、疾患関連遺伝子やタンパク質等の生体分子の構造・機能の解明に基づくオーダーメイド医療・予防医療・再生医療の実現を目的としている。従来のタンパク質をコードする遺伝子の研究の発想から、タンパク質の形成に直接機能しないが細胞中で重要な機能をもつと考えられる機能性 RNA の機能解明を行う本プロジェクトは、プログラムの目的を達成するために重要かつ新たなアプローチと位置づけられる。</p> |  |

#### (2) 研究開発目標の妥当性

本プロジェクトは、再生医療や RNA 医薬等へ利用できる可能性がある機能性 RNA について、ゲノムから探索し、解析する手法及びツールを開発し、機能解析を行うものである。具体的には、機能性 RNA をゲノムから探索するバイオフィーマティクス技術の開発、機能性 RNA 解析のための支援機器・ツールの開発、機能性 RNA の機能解析、を行う。

機能解析により同定された機能性 RNA の数、機能性 RNA 解析のための支援機器・ツールの性能等について今後可能な限り具体的な目標を設定する。

#### (3) 研究開発マネジメント

PL を選定し、PL と協議して研究管理を行う。また、研究開発委員会を年 2~3 回開催し、研究テーマ間の連携の強化、進捗状況を踏まえた予算配分・事業計画の策定を行う。

#### (4) 研究開発成果

バイオ分野の研究開発は、多大なコストを要する一方、その成果を得た場合には、大きな効果を生み出す。本プロジェクトにおいては、機能性 RNA の機能を解析し、その遺伝子発現調節機構を明らかにすることにより、細胞分化誘導因子、遺伝子発現制御因子、タンパク質翻訳調節因子等の機能を持った RNA が同定され、再生医療、RNA 医薬、遺伝子治療、疾患治療等に関連して、産業応用の促進、新産業の創出が期待される。また同時に、機能性 RNA をゲノムから探し出すバイオフィーマティクス技術、機能性 RNA を解析するための手法及びツールの開発により、機能性 RNA 解析研究が飛躍的に進むと期待される。

#### (5) 実用化・事業化の見通し

機能性 RNA の研究は世界的にも始まったばかりであり、実用化・事業化の見通しを評価することは困難であるが、機能性 RNA が疾病原因であることが判明した事例(軟骨毛髪形成不全)もでてきていることから、プロジェクトが成功した場合には、創薬、再生医療等において大きな効果が期待できる。

#### (6) その他特記事項

### 5. 総合評価

機能性 RNA の研究はバイオテクノロジーにおいて、まったく新しい重要な分野であり、その成果が再生医療、RNA 医薬、遺伝子治療、疾患治療等の進展につながる可能性は大きい。

本研究分野は世界的に始まったばかりであり、本プロジェクトの成果をあげるためには、基本計画の策定において、研究目標、研究内容、実施体制を十分に検討して、本プロジェクトを開始することが特に重要と認識している。

添付資料5

成果発表・論文・特許出願リスト

## 論文、特許、報道、講演

### 年度別論文、特許、報道、講演の件数一覧

| 年度     | 論文  | 総説、解説、著書 | 特許 | 報道 | 講演  |
|--------|-----|----------|----|----|-----|
| 平成17年度 | 19  | 17       | 1  | 0  | 42  |
| 平成18年度 | 28  | 26       | 10 | 6  | 74  |
| 平成19年度 | 28  | 6        | 13 | 10 | 104 |
| 平成20年度 | 26  | 31       | 20 | 9  | 163 |
| 平成21年度 | 60  | 21       | 12 | 5  | 266 |
| 計      | 160 | 101      | 56 | 29 | 647 |

## 1. 論文

### (1) 査読のある原著論文

#### 研究開発項目①

#### 機能性RNAの探索・解析のためのバイオインフォマティクス技術の開発

##### <平成17年度>

1. Kengo Sato and Yasubumi Sakakibara  
RNA secondary structural alignment with conditional random fields.  
Bioinformatics, **21**, ii237-ii242 (2005)
2. Hiroshi Matsui, Kengo Sato, and Yasubumi Sakakibara  
Pair stochastic tree adjoining grammars for aligning and predicting  
pseudoknot RNA structures.  
Bioinformatics, **21**, 2611-2617 (2005)

##### <平成18年度>

1. Michiaki Hamada, Koji Tsuda, Taku Kudo, Taishin Kin and Kiyoshi Asai  
Mining frequent stem patterns from unaligned RNA sequences.  
Bioinformatics, **22**, 2480-2487 (2006)
2. Yasuo Tabei, Koji Tsuda, Taishin Kin, and Kiyoshi Asai  
SCARNA: fast and accurate structural alignment of RNA sequences by  
matching fixed-length stem fragments.  
Bioinformatics, **22**, 1723-1729 (2006)



3. Taishin Kin, Kouichirou Yamada, Goro Terai, Hiroaki Okida, Yasuhiko Yoshinari, Yukiteru Ono, Aya Kojima, Yuki Kimura, Takashi Komori and Kiyoshi Asai  
fRNAdb: a platform for mining/annotating functional RNA candidates from non-coding RNA sequences.  
Nucleic. Acids Research, **35**, Database Issue, D145-D148 (2007)
4. Hisanori Kiryu, Taishin Kin, and Kiyoshi Asai  
Robust prediction of consensus secondary structures using averaged base pairing probability matrices.  
Bioinformatics, **23**, 434-441 (2007)
5. Sakakibara Yasubumi , Kiyoshi Asai and Kengo Sato  
Stem kernels for RNA sequence analyses.  
Proc. of the 1<sup>st</sup> International Conference on Bioinformatics Research and Development (BIRD 2007), Lecture Notes in Bioinformatics (LNBI) 4414, p.278-291 (2007)

<平成19年度>

1. Hisanori Kiryu, Yasuo Tabei, Taishin Kin and Kiyoshi Asai  
Murlet: A practical multiple alignment tool for structural RNA sequences.  
Bioinformatics, **23**, 1588-1598 (2007)
2. Yasubumi Sakakibara, Kris Popendorf, Nana Ogawa, Kiyoshi Asai and Kengo Sato  
Stem Kernels for RNA Sequence Analyses .  
Journal of Bioinformatics and Computational Biology, **5** (5), 1103-22 (2007)
3. Taishin Kin and Yukiteru Ono  
Idiographica: a general-purpose web application to build ideograms on demand for human, mouse and rat.  
Bioinformatics, **23** (21), 2945-2946 (2007)
4. Goro Terai, Takashi Komori, Kiyoshi Asai and Taishin Kin  
miRRim: A novel system to find conserved miRNAs with high sensitivity and specificity.  
RNA, **13** (12), 2081-2090 (2007)

5. Hisanori Kiryu, Taishin Kin, and Kiyoshi Asai  
Rfold: An exact algorithm for computing local base pairing probabilities.  
Bioinformatics, **24** (3), 367-73 (2007)
6. Yasuo Tabei, Hisanori Kiryu, Taishin Kin and Kiyoshi Asai  
A fast structural multiple alignment method for long RNA sequences.  
BMC Bioinformatics, **9**, 33 doi:10.1186/1471-2105-9-33 (2008)
7. K. Sato, K. Morita and Y. Sakakibara  
PSSMTS: position specific scoring matrices on tree structures.  
Journal of Mathematical Biology, **56**, 201-214 (2008)

<平成20年度>

1. Kiyoshi Asai, Hisanori Kiryu, Michiaki Hamada, Yasuo Tabei, Kengo Sato, Hiroshi Matsui, Yasubumi Sakakibara, Goro Terai and Toutai Mituyama  
Software.ncrna.org: web servers for analyses of RNA sequences.  
Nucleic Acids Res., **36** (suppl 2), W75-W78 (2008)
2. Michiaki Hamada, Hisanori Kiryu, Kengo Sato, Toutai Mituyama and Kiyoshi Asai  
Predictions of RNA secondary structure using generalized centroid estimators.  
Bioinformatics, **25** (4), 465-473 (2009)
3. Michiaki Hamada, Mituyama Toutai and Kiyoshi Asai,  
Large Scale Similarity Search for Locally Stable Secondary Structures among RNA Sequences.  
IPSJ transaction on Bioinformatics, **2**, 36-46 (2008)
4. M. Morita, Y. Saito, K. Sato, K. Oka, K. Hotta, and Y. Sakakibara  
Genome-wide searching with base-pairing kernel functions for non-coding RNAs: computational and expression analysis of snoRNA families in *Caenorhabditis elegans*.  
Nucleic Acids Res., **37** (3), 999-1009 (2009)
5. K. Sato, T. Mituyama, K Asai, and Y. Sakakibara  
Directed acyclic graph kernels for structural RNA analysis.  
BMC Bioinformatics, **9**, 318 (2008)

6. Mituyama, T., Yamada, K., Hattori, E., Okida, H., Ono, Y., Terai, G., Yoshizawa, A., Komori, T. and Asai, K.  
The Functional RNA Database 3.0: databases to support mining and annotation of functional RNAs.  
Nucleic Acids Res, **39** (Database Issue), D89-92 (2009)

<平成21年度>

1. Michiaki Hamada, Kengo Sato, Hisanori Kiryu, Toutai Mituyama and Kiyoshi Asai  
CentroidAlign: Fast and Accurate Aligner for Structured RNAs by Maximizing Expected Sum-of-Pairs Score.  
Bioinformatics, **25**, 3236-3243 (2009)
2. Kengo Sato, Michiaki Hamada, Kiyoshi Asai and Toutai Mituyama  
CentroidFold: a web application for RNA secondary structure prediction.  
Nucleic Acids Res., **37** (suppl 2), W277-280 (2009)
3. Michiaki Hamada, Kengo Sato, Hisanori Kiryu, Toutai Mituyama and Kiyoshi Asai  
Predictions of RNA secondary structure by combining homologous sequence information,  
Bioinformatics, **25** (12), i330-i338 (2009)
4. Goro Terai, Aya Yoshizawa, Hiroaki Okida, Kiyoshi Asai and Toutai Mituyama  
Discovery of short pseudogenes derived from messenger RNAs.  
Nucleic Acids Res., **38** (4), 1163-1171 (2010)
5. Okada, Y., Sato, K., and Sakakibara, Y.  
Improvement of structure conservation index with centroid estimators.  
Proceedings of Pacific Symposium on Biocomputing 2010, **15**, 88-97 (2010)
6. Sato, K., Hamada, M., Mituyama, T., Asai, K., Sakakibara, Y.  
A non-parametric Bayesian approach for predicting RNA secondary structures.  
Proceedings of 9th Workshop on Algorithms in Bioinformatics (WABI 2009), Philadelphia, USA, 2009
7. Sato, K., Saito, Y. and Sakakibara, Y.  
Gradient-based optimization of hyperparameters for base-pairing profile local

alignment kernels.

Genome Inform., **23**, 128-138 (2009)

8. Yasuo Tabei and Kiyoshi Asai

A local multiple alignment method for detection of non-coding RNA sequences.

Bioinformatics, **25** (12), 1498-1505 (2009)

9. Kuniaki Saito, Sachi Inagaki, Toutai Mituyama, Yoshinori Kawamura,  
Yukiteru Ono, Eri Sakota, Hazuki Kotani, Kiyoshi Asai, Haruhiko Siomi and  
Mikiko C Siomi

A regulatory circuit for piwi by the large Maf gene traffic jam in Drosophila.

Nature, **461** (7268), 1296-1299 (2009)

## 研究開発項目②

### 機能性RNA解析のための支援技術・ツールの開発

<平成17年度>

1. Nagaike, T., Suzuki, T., Katoh, T. and Ueda, T.  
Human mitochondrial mRNAs are stabilized with polyadenylation regulated by mitochondria-specific poly(A) polymerase and polynucleotide phosphorylase.  
*J. Biol. Chem.*, **280**, 19721-19727 (2005)
2. Sakurai, M., Ohtsuki, T., Suzuki, T. and Watanabe, K.  
Unusual usage of wobble modification in mitochondrial tRNAs of the nematode *Ascaris suum*.  
*FEBS Lett.*, **579**, 2767-2772 (2005)
3. Yasukawa, T., Kirino, Y., Ishii, N., Holt, I.J., Jacobs, H.T., Makifuchi, T., Fukuhara, N., Ohta, S., Suzuki, T. and Watanabe, K.  
Wobble modification deficiency in mutant tRNAs in patients with mitochondrial diseases.  
*FEBS Lett.*, **579**, 2948-2952 (2005)
4. Kirino, Y., Goto, Y., Campos, Y., Arenas, J. and Suzuki, T.  
Specific correlation between tRNA taurine-modification deficiency and clinical features of human mitochondrial disease.  
*Proc. Natl. Acad. Sci. USA.*, **102**, 7127-7132 (2005)
5. Nakanishi, K., Fukai, S., Ikeuchi, Y., Soma, A., Sekine, Y., Suzuki, T. and Nureki, O.  
Structural basis for lysidine formation by ATP pyrophosphatase accompanied with a lysine-specific loop and a tRNA-recognition domain.  
*Proc. Natl. Acad. Sci. USA.*, **102**, 7487-7492 (2005)
6. Zhang, L., Ching Ging, N., Komoda, T., Hanada, T., Suzuki, T. and Watanabe, K.  
Antibiotic susceptibility of mammalian mitochondrial translation.  
*FEBS Lett.*, **579**, 6423-6427 (2005)
7. Chimnaronk, S., Jeppesen, M.G., Suzuki, T., Nyborg, J. and Watanabe, K.  
Dual Mode Recognition of noncanonical tRNAs<sup>Ser</sup> by seryl-tRNA synthetase in

- mammalian mitochondria.  
EMBO J., **24**, 3369–3379 (2005)
8. Ote, T., Hashimoto, M., Ikeuchi, Y., Suetsugu, M., Suzuki, T., Katayama, T. and Kato, J.  
Involvement of the Escherichia coli folate-binding protein YgfZ in RNA modification and regulation of chromosomal replication initiation.  
Mol. Microbiol., **59**, 265-275 (2005)
  9. Ikeuchi, Y., Soma, A., Ote, T., Kato, J., Sekine, Y. and Suzuki, T.  
Molecular mechanism of lysidine synthesis that determines tRNA identity and codon recognition.  
Mol. Cell., **19**, 235-246 (2005)
  10. Numata, T., Fukai, S., Ikeuchi, Y., Suzuki, T. and Nureki, O.  
Structural basis for sulfur relay to RNA mediated by heterohexameric TusBCD complex.  
Structure, **14**, 357-366 (2006)
  11. Ikeuchi, Y., Shigi, N. Kato, J., Nishimura, A. and Suzuki, T.  
Mechanistic insights into sulfur-relay by multiple sulfur mediators involved in thiouridine biosynthesis at tRNA wobble positions.  
Mol. Cell., **21**, 97-108 (2006)
  12. Shigi, N., Sakaguchi, Y., Suzuki, T. and Watanabe, K.  
Identification of two tRNA-thiolation genes required for cell growth at extremely high temperatures.  
J. Biol. Chem., **281**, 14296-14306 (2006)
  13. Kirino, Y., Yasukawa, T., Marjavaara, S.K., Jacobs, H.T., Holt, I.J., Watanabe, K. and Suzuki, T.  
Acquisition of the wobble modification in mitochondrial tRNA<sup>Leu</sup>(CUN) bearing the G12300A mutation suppresses the MELAS molecular defect.  
Hum. Mol. Genet., **15**, 897-904 (2006)
  14. Takano, Y., Takayanagi, N., Hori, H., Ikeuchi, Y., Suzuki, T., Kimura, A. and Okuno, T.  
A gene involved in modifying transfer RNA is required for fungal pathogenicity

and stress tolerance of *Colletotrichum lagenarium*.

Mol. Microbiol., **60**, 81-92 (2006)

15. Shigi, N., Suzuki, T., Terada, T., Shirouzu, M., Yokoyama, S. and Watanabe, K.  
Temperature-dependent biosynthesis of 2-thioribothymidine of *Thermus thermophilus* tRNA.  
J. Biol. Chem., **281**, 2104-2113 (2006)

<平成18年度>

1. Noma, A., Kirino, Y., Ikeuchi, Y. and Suzuki, T.  
Biosynthesis of wybutosine, a hyper-modified nucleoside in eukaryotic phenylalanine tRNA.  
EMBO J., **25**, 2142-2154 (2006)
2. Takeda, H., Toyooka, T., Ikeuchi, Y., Yokobori, S., Okadome, K., Takano, F., Oshima, T., Suzuki, T., Endo, Y. and Hori, H.  
The substrate specificity of tRNA (m1G37) methyltransferase (TrmD) from *Aquifex aeolicus*.  
Genes Cells, **11**, 1353-1365 (2006)
3. Komoda, T., Sato, N.S., Phelps, S.S., Namba, N., Joseph, S. and Suzuki, T.  
The A-site finger in 23S rRNA acts as a functional attenuator for translocation.  
J. Biol. Chem., **281**, 32303-32309 (2006)
4. Sato, A., Watanabe, Y., Suzuki, T., Komiyama, M., Watanabe, K. and Ohtsuki, T.  
Identification of the residues involved in the unique serine specificity of *Caenorhabditis elegans* mitochondrial EF-Tu2.  
Biochemistry, **45**, 10920-10927 (2006)
5. Sato, N.S., Hirabayashi, N., Agmon, I., Yonath, A. and Suzuki, T.  
Comprehensive genetic selection revealed essential bases in the peptidyl-transferase center.  
Proc. Natl. Acad. Sci. USA., **103**, 15386-15391 (2006)
6. Numata, T., Ikeuchi, Y., Fukai, S., Suzuki, T. and Nureki, O.  
Snapshots of tRNA sulfuration via an adenylated intermediate  
Nature, **442**, 419-424 (2006)

7. Guan, M.X., Yan, Q., Li, X., Bykhovskaya, Y., Gallo-Teran, J., Hajek, P., Umeda, N., Zhao, H., Garrido, G., Mengesha, E., Suzuki, T., del Castillo, I., Peters, J. L., Li, R., Qian, Y., Wang, X., Shohat, M., Estivill, X., Watanabe, K. and Fischel-Ghodsian, N.  
Mutation in TRMU related to mitochondrial tRNA modification modulates the phenotypic expression of the deafness-associated mitochondrial 12S rRNA mutations.  
*Am. J. Hum. Genet.*, **79**, 291-302 (2006)
8. Hirabayashi, N., Sato, N.S. and Suzuki, T.  
Conserved loop sequence of helix 69 in *Escherichia coli* 23S rRNA is involved in A-site tRNA binding and translational fidelity.  
*J. Biol. Chem.*, **281**, 17203-17211 (2006)
9. Numata, T., Ikeuchi, Y., Fukai, S., Adachi, H., Matsumura, H., Takano, K., Murakami, S., Inoue, T., Mori, Y., Sasaki, T., Suzuki, T. and Nureki, O.  
Crystallization and preliminary X-ray analysis of the tRNA thiolation enzyme MnmA from *Escherichia coli* complexed with tRNA(Glu).  
*Acta Crystallograph. Sect. F Struct. Biol. Cryst. Commun.*, **62** (Pt 4), 368-371 (2006)
10. Noma, A. and Suzuki, T.  
Ribonucleome analysis identified enzyme genes responsible for wybutosine synthesis.  
*Nucleic Acids Symp. Ser.*, **50**, 65-66 (2006)
11. Kitahara, K., Sato, N. S., Namba, N., Yokota, T., Tsujimura, T. and Suzuki, T.  
Systematic deletion of rRNAs for investigating ribosome architecture and function.  
*Nucleic Acids Symp. Ser.*, **50**, 287-288 (2006)
12. Miyauchi, K., Tomoya, O. and Suzuki, T.  
Automated parallel isolation of multiple species of non-coding RNAs by the reciprocal circulating chromatography method.  
*Nucleic Acids Res.*, **35**, e24 (2007)
13. Katoh, T. and Suzuki, T.



Specific residues at every third position of siRNA shape its efficient RNAi activity.

Nucleic Acids Res., **35**, e27 (2007)

14. Yoshimura, Y., Noguchi, Y., Sato, H. and Fujimoto, K.  
Template-Directed DNA Photoligation in Rapid and Selective Detection of RNA Point Mutations.  
ChemBioChem , **7**, 598 – 601 (2006)
15. Yoshimura, Y., Noguchi, Y. and Fujimoto, K.  
Highly sequence specific RNA terminal labeling by DNA photoligation.  
Org. Biomol. Chem., **5**, 139 (2007)
16. Yasutomo Nomura, Hirobumi Fuchigami, Hiroaki Kii, Zhonggang Feng, Takao Nakamura and Masataka Kinjo  
Detection of oxidative stress-induced mitochondrial DNA damage using fluorescence correlation spectroscopy.  
Anal. Biochemistry, **350**, 196-201 (2006)
17. Yasutomo Nomura, Hirobumi Fuchigami, Hiroaki Kii, Zhonggang Feng, Takao Nakamura and Masataka Kinjo  
Quantification of size distribution of restriction fragments in mitochondrial genome using fluorescence correlation spectroscopy.  
Experimental Mol. Pathology, **80**, 275-278 (2006)

<平成19年度>

1. Ohara, T., Sakaguchi, Y., Suzuki, T., Ueda, H., Miyauchi, K. and Suzuki, T.  
The 3'-termini of mouse piwi-interacting RNAs are 2'-O-methylated.  
Nature Struct. Mol. Biol., **14**, 349-350 (2007)
2. Kitahara, K., Kajiura, A., Sato, N.S. and Suzuki, T.  
Functional genetic selection of Helix 66 in Escherichia coli 23S rRNA identified the eukaryotic class of binding sequences for ribosomal protein L2.  
Nucleic Acids Res., **35**, 4018-4029 (2007)
3. Suzuki, T., Sakaguchi, Y. and Suzuki, T.  
Mass spectrometric analysis of 3'-terminal nucleosides in non-coding RNAs

4. Dunham, C.M., Selmer, M., Phelps, S.S., Suzuki, T., Joseph, S. and Ramakrishnan, V.  
Structures of tRNAs with an expanded anticodon loop in the decoding center of the 30S Ribosomal Subunit.  
RNA, **13**, 817-823 (2007)
5. Nakai, Y., Nakai, M., Lill, R., Suzuki, T. and Hayashi, H.  
Thio modification of yeast cytosolic tRNA is an iron-sulfur protein-dependent pathway.  
Mol. Cell. Biol., **27**, 2841-2847 (2007)
6. Shiba, Y., Masuda, H., Watanabe, N., Ego, T., Takagaki, K., Ishiyama, K., Ohgi, T. and Yano, J.  
Chemical synthesis of a very long oligoribonucleotide with 2-cyanoethoxymethyl (CEM) as the 2'-O-protecting group: structural identification and biological activity of a synthetic 110mer precursor-microRNA candidate.  
Nucleic Acids Res., **35**, 3287-3296 (2007)
7. Funakoshi, Y., Doi, Y., Hosoda, N., Uchida, N., Osawa, M., Shimada, I., Tsujimoto, M., Suzuki, T., Katada, T. and Hoshino, S.  
Mechanism of mRNA deadenylation: evidence for a molecular interplay between translation termination factor eRF3 and mRNA deadenylases.  
Genes Dev., **21**, 3135-3148 (2007)
8. Tsutsumi, S., Sugiura, R., Ma, Y., Tokuoka, H., Ohta, K., Ohte, R., Noma, A., Suzuki, T. And Kuno, T.  
Wobble inosine tRNA modification is essential for cell cycle progression in G1/S and G2/M transitions in fission yeast.  
J. Biol. Chem., **282**, 33459-33465 (2007)
9. Suzuki, Y., Noma, A., Suzuki, T., Senda, M., Senda, T., Ishitani, R. and Nureki, O  
Crystal structure of the radical SAM enzyme catalyzing tricyclic modified base formation in tRNA.  
J. Mol. Biol., **372**, 1204-1214 (2007)

10. Yokoyama, T. and Suzuki, T.  
Ligand-induced translation by the allosteric ribosome bearing an aptamer-fused rRNA  
Nucleic Acids Symp. Ser. (Oxf), **51**, 383-384 (2007)
11. Nagao, A., Suzuki, T. and Suzuki, T.  
Aminoacyl-tRNA surveillance by EF-Tu in mammalian mitochondria.  
Nucleic Acids Symp. Ser. (Oxf), **51**, 41-42 (2007)
12. Tomita, K., Numata, T. Fukai, T., Suzuki, T., Ishitani, R. and Nureki, O.  
Animated Crystallography of Genetic Code Translation.  
Nucleic Acids Symp. Ser. (Oxf), **51**, 101-102. (2007)
13. Shiba, Y., Masuda, H., Watanabe, N., Ego, T., Takagaki, K., Ishiyama, K., Ohgi, T. and Yano, J.  
Chemical synthesis of a very long oligoribonucleotide with 2-cyanoethoxymethyl (CEM) as the 2'-O-protecting group: structural identification and biological activity of a synthetic 110mer precursor-microRNA candidate.  
Nucleic Acids Res., **35**, 3287-3296 (2007)
14. Hiroaki Kii, Takuya Takagi, Akira Sasaki, Takaharu Okajima and Masataka Kinjo.  
DNA Microstructure Based on Self-Assembly of 4-Sticky-End Holiday Junctions in Aqueous Solution.  
J. Nanoscience Nanotechnology, **7**, 726-729 (2007)
15. Masafumi Shimizu, Satoshi Sasaki and Masataka Kinjo  
Triplet Fraction Buildup Effect of the DNA-YOYO Complex Studied with Fluorescence Correlation Spectroscopy.  
Anal. Biochem., **336** (1), 87-92 (2007)

<平成20年度>

1. Yoshimura, Y. and Fujimoto, K.  
Ultrafast Reversible Photocrosslinking Reaction: Toward in Situ DNA Manipulation.  
Org. Lett., **10** (15), 3227-3232 (2008)

2. Yoshimura, Y. Ozaki, G. and Fujimoto, K.  
Development of template-directed reversible photocrosslinking reaction.  
Nucleic Acids Symp. Ser., **52**, 423-424 (2008)
3. S. Nagata, Y. Enya, Y. Masutomi, H. Kitagawa, K. Takagaki, N. Oka, T. Wada,  
T. Ohgi and J. Yano  
Chemical synthesis of diastereomeric diadenosine boranophosphates (ApbA)  
from 2'-O-(2-cyanoethoxymethyl) adenosine by the boranophosphotriester  
method.  
Bioorganic Medicinal Chemistry, **16** (20), 9154-9160 (2008)
4. Katoh, T., Sakaguchi, Y., Miyauchi, K., Suzuki, T., Kashiwabara, S., Baba, T.  
and Suzuki, T.  
Selective stabilization of mammalian microRNAs by 3'-adenylation mediated  
by the cytoplasmic poly(A) polymerase GLD-2.  
Genes Dev., **23**, 433-438 (2009)
5. Ogata, T., Shimazaki, T., Umemoto, T., Kurata, S., Ohtsuki, T., Suzuki, T. and  
Wada, T.  
Chemical synthesis and properties of 5-aurinomethyluridine and  
5-aurinomethyl-2-thiouridine.  
J. Org. Chem., **74**, 2585-2588 (2009)
6. Noma, A., Sakaguchi, Y. and Suzuki, T.  
Mechanistic characterization of the sulfur-relay system for eukaryotic  
2-thiouridine biogenesis at tRNA wobble positions.  
Nucleic Acids Res., **37**, 1335-1352 (2009)
7. Shigi, N., Sakaguchi, Y., Asai, S., Suzuki, T. and Watanabe, K.  
Common Sulfur Transfer System for the Biosyntheses of Sulfur-containing  
tRNA and Cofactors.  
EMBO J., **27**, 3267-3278 (2008)
8. Ikeuchi, Y., Kitahara, K. and Suzuki, T.  
The RNA acetyltransferase driven by ATP hydrolysis synthesizes  
N4-acetylcytidine of tRNA anticodon.  
EMBO J., **27**, 2194-2203 (2008)

9. Yokoyama, T. and Suzuki, T.  
Ribosomal RNAs are tolerant toward genetic insertions: Evolutionary origin of the expansion segments.  
Nucleic Acids Res., **36**, 3539-3551 (2008)
10. Kurata, S., Weixlbaumer, A., Ohtsuki, T., Shimazaki, T., Wada, T., Kirino, Y., Takai, K., Watanabe, K. Ramakrishnan, V. and Suzuki, T.  
Modified uridines with C5-methylene substituents at the first position of the tRNA anticodon stabilize U.G wobble pairing during decoding.  
J. Biol. Chem., **283**, 18801-18811 (2008)
11. Nagaike, T., Suzuki, T. and Ueda, T.  
Polyadenylation in mammalian mitochondria: Insights from recent studies.  
Biochim. Biophys. Acta, **1779**, 266-269 (2008)
12. Iwamoto, N., Oka, N., and Wada, T.  
Stereocontrolled synthesis of backbone-modified oligonucleotides via diastereopure H-phosphonate intermediates.  
Nucleic Acids Symp. Ser., **52**, 333-334 (2008)
13. Oka, N., Yamamoto, M., Sato, T., and Wada, T.  
Stereocontrolled synthesis of oligonucleoside phosphorothioates and PO/PS-chimeric oligonucleotides by using oxazaphospholidine derivatives.  
Nucleic Acids Symp. Ser., **52**, 335-336 (2008)

<平成21年度>

1. Iwamoto, N., Oka, N., Sato, T., Wada, T.  
Stereocontrolled Solid-phase Synthesis of Oligonucleoside H-phosphonates by an Oxazaphospholidine Approach.  
Angew. Chem. Int. Ed., **48**, 496-499, 2009
2. Oka, N., Kondo, T., Fujiwara, S., Maizuru, Y., and Wada, T.  
Stereocontrolled Synthesis of Oligoribonucleoside Phosphorothioates by an Oxazaphospholidine Approach.  
Org. Lett., **11**, 967-970 (2009)
3. Higashida, R., Oka, N., Kawanaka, T., and Wada, T.  
Nucleoside H-Boranophosphonates: a New Class of Boron-Containing Nucleotide Analogues.

- Chem. Commun., **14** (18), 2466-2468 (2009)
4. Oka, N., Nakamura, M., Soeda, N., and Wada, T.  
Stereocontrolled synthesis of tertiary silanes via optically pure 1,3,2-oxazasilolidine derivatives.  
J. Organomet. Chem., **694**, 2171-2178 (2009)
  5. Oka, N., Higashida, R., Takayama, Y., Ando, K., and Wada, T.  
Chemical synthesis of nucleoside H-boranophosphonates and their application as precursors of P-modified nucleotide analogues.  
Nucleic Acids Symp. Ser., **53**, 111-112 (2009)
  6. Ikeuchi Y, Kimura S, Numata T, Nakamura D, Yokogawa T, Ogata T, Wada T, Suzuki T, and Suzuki T.  
Agmatine-conjugated cytidine in a tRNA anticodon is essential for AUA decoding in archaea.  
Nat. Chem. Biol., in press, 2010
  7. Akira Sasaki and Masataka Kinjo  
Monitoring intracellular degradation of exogenous DNA using diffusion properties.  
J. Controlled Release, **143**, 104–111 (2010)
  8. Yoshinaga Yoshimura, Tomoko Ohtake, Hajime Okada and Kenzo Fujimoto  
A new approach for reversible RNA photocrosslinking reaction: application to sequence-specific RNA selection.  
Chem. Bio. Chem., **10**, 1473 (2009)
  9. Masayuki Ogino, Yuuta Taya and Kenzo Fujimoto  
Detection of methylcytosine by DNA photoligation via hydrophobic interaction of the alkyl group.  
Org. Biomol. Chem., **7**, 3163 (2009)
  10. Yoshinaga Yoshimura, Hajime Okada and Kenzo Fujimoto  
Photoreversible DNA end capping for the formation of hairpin structures.  
Org. Biomol. Chem., **8**, 1523 (2010)

11. Ikeuchi, Y., Kimura, S., Numata, T., Nakamura, D., Yokogawa, T., Ogata, T., Wada, T., Suzuki, T. and Suzuki, T.  
Agmatine-conjugated cytidine in tRNA anticodon essential for AUA decoding in archaea.  
*Nat. Chem. Biol.*, **6**, 277-282 (2010)
12. Suzuki, T. and Miyauchi, K.  
Discovery and characterization of tRNA<sup>Leu</sup> lysidine synthetase (TilS).  
*FEBS Lett.*, **584**, 272-277 (2010)
13. Kimura, S. and Suzuki, T.  
Fine-tuning of the ribosomal decoding center by conserved methyl-modifications in the *Escherichia coli* 16S rRNA.  
*Nucleic Acids Res.*, **38**, 1341-1352 (2010)
14. Shoji, M., Tanaka, T., Hosokawa, M., Reuter, M., Stark, A., Kato, Y., Kondoh, G., Okawa, K., Chujo, T., Suzuki, T., Hata, K., Martin, S. L., Noce, T., Kuramochi-Miyagawa, S., Nakano, T., Sasaki, H., Pillai, R. S., and Nakatsuji, N. and Chuma, S.  
The TDRD9-MIWI2 complex is essential for piRNA-mediated retrotransposon silencing in the mouse male germline Germline.  
*Dev. Cell*, **17**, 775-787 (2009)
15. Nakanishi, K., Bonnefond, L., Kimura, S., Suzuki, T., Ishitani, R. and Nureki, O.  
Structural basis for translational fidelity ensured by tRNA lysidine synthetase.  
*Nature*, **461**, 1144-1148 (2009)
16. Messmer, M., Pütz, J., Suzuki, T., Suzuki, T., Sauter, C., Sissler, M. and Florentz, C.  
3D-structure of mammalian mitochondrial tRNA<sup>Asp</sup> revealed by solution probing and phylogeny.  
*Nucleic Acids Res.*, **37**, 6881-6895 (2009)
17. Umitsu, M., Nishimasu, H., Noma, A., Suzuki, T., Ishitani, R. and Nureki, O.  
Structural basis of AdoMet-dependent aminocarboxypropyl transfer reaction catalyzed by tRNA-wybutosine synthesizing enzyme, TYW2.  
*Proc. Natl. Acad. Sci. USA.*, **106**, 15616-15621 (2009)

18. Nagao, A., Suzuki, T., Katoh, T., Sakaguchi, Y. and Suzuki, T.  
Biogenesis of glutaminyl-tRNAGln in human mitochondria.  
Proc. Natl. Acad. Sci. USA., **106**, 16209-16214 (2009)
19. Valente, L., Shigi, N., Suzuki, T. and Zeviani, M.  
The R336Q mutation in human mitochondrial EFTu prevents the formation of  
an active mt-EFTu•GTP•aa-tRNA ternary complex.  
Biochim Biophys Acta., **1792**, 791-795 (2009)
20. Awai, T., Kimura, S., Tomikawa, C., Ochi, A., Ihsanawati, Bessho, Y.,  
Yokoyama, S., Ohno, S., Nishikawa, K., Yokogawa, T., Suzuki, T. and Hori, H.  
Aquifex aeolicus tRNA (N2, N2-guanine)-dimethyltransferase (Trm1) catalyzes  
transfer of methyl groups not only to guanine 26 but also to guanine 27 in  
tRNA.  
J. Biol. Chem., **284**, 20467-20478 (2009)
21. Kitahara, K. and Suzuki, T.  
The ordered transcription of RNA domains is not essential for ribosome  
biogenesis.  
Mol. Cell., **34**, 760-766 (2009)
22. Suzuki, Y., Noma, A., Suzuki, T., Ishitani, R. and Nureki, O.  
Structural basis of tRNA modification with CO<sub>2</sub> fixation and methylation by  
wybutosine synthesizing enzyme TYW4.  
Nucleic Acids Res., **37**, 2910-2925 (2009)
23. Chimnarong, S., Suzuki, T., Manita, T., Ikeuchi, Y., Yao, M., Suzuki, T. and  
Tanaka, I.  
RNA helicase module in an acetyltransferase that modifies a specific tRNA  
anticodon.  
EMBO J., **28**, 1362-1373 (2009)



研究開発項目③  
機能性RNAの機能解析

<平成17年度>

1. Hokii, Y., Kubo, A., Ogasawara, T., Nogi, Y., Taneda, A., Arai, R., Muto, A. and Ushida, C. Twelve novel *C. elegans* RNA candidates isolated by two-dimensional polyacrylamide gel electrophoresis.  
*Gene*, **365**, 83-87 (2006)
2. Miyoshi K, Tsukumo H, Nagami T, Siomi H, and Siomi MC.  
Slicer function of *Drosophila* Argonautes and its involvement in RISC formation.  
*Genes Dev.*, **19**, 2837-2848 (2005)

<平成18年度>

1. Hirose, T., Ideue, T., Nagai, M., Hagiwara, M., Shu, MD. and Steitz, JA.  
A spliceosomal intron binding protein, IBP160, links position-dependent assembly of intron-encoded box C/D snoRNP to pre-mRNA splicing.  
*Molecular Cell*, **23**, 673-684 (2006)
2. Sasaki, Y.T.F., Sano, M., Kin, T., Asai, K. and Hirose, T.  
Coordinated expression of ncRNAs and HOX mRNAs in the human HOXA locus.  
*Biochem. Biophys. Res. Comm.*, **357**, 724-730 (2007)
3. Ideue, T., Sasaki, Y., Hagiwara, M. and Hirose, T.  
Introns play an essential role in splicing-dependent formation of the exon junction complex  
*Genes Dev.*, **21**, 1993-1998 (2007)
4. Nojima, T., Hirose, T., Kimura, H. and Hagiwara, M.  
The interaction between cap-binding complex and RNA export factor is required for intronless mRNA export.  
*J. Biol. Chem.*, **282**, 15645-51 (2007)
5. Fukumura, K., Kato, A., Jin, Y., Ideue, T., Hirose, T., Kataoka, N., Fujiwara, T., Sakamoto, H. and Inoue, K.  
Tissue-specific splicing regulator Fox-1 induces exon skipping by interfering E

complex formation on the downstream intron of human F1 gene.

Nucleic Acids Res., **35**, 5303-5311 (2007)

4. Saito, K., Nishida, KM., Mori, T., Kawamura, Y., Miyoshi, K., Nagami, T., Siomi, H. And Siomi, MC..  
Specific association of Piwi with rasiRNAs derived from retrotransposon and heterochromatic regions in the Drosophila genome.  
Genes Dev., **20**, 2214-2222 (2006)
5. Gunawardane, LS., Saito, K., Nishida, KM., Miyoshi, K., Kawamura, Y., Nagami, T., Siomi, H. and Siomi, MC.  
A Slicer-mediated mechanism for rasiRNA 5' end formation in Drosophila.  
Science, **16**, 1587-1590 (2007)
6. Numata, K., Okada, Y., Saito, R., Kiyosawa, H., Kanai, A. And Tomita, M.  
Comparative analysis of cis-encoded antisense RNAs in eukaryotes.  
Gene, **392** (1-2), 134-141 (2007)

<平成19年度>

1. Sasaki, Y.T.F., Sano, M., Ideue, T., Kin, T., Asai, K. and Hirose, T.  
Identification and characterization of human non-coding RNAs with tissue-specific expression.  
Biochem. Biophys. Res. Comm., **357**, 991-996 (2007)
2. Siomi, H. and Siomi, MC.  
Expanding RNA physiology: microRNAs in a unicellular organism.  
Genes Dev., **21**, 1153-1156 (2007)
3. Saito, K., Sakaguchi, Y., Suzuki, T., Suzuki, T., Siomi, H. and Siomi, MC.  
Pimet, the Drosophila homolog of HEN1, mediates 2'-O-methylation of Piwi-interacting RNAs at their 3' ends.  
Genes Dev., **21**, 1603-1608 (2007)
4. Nishida, KM., Saito, K., Mori, T., Kawamura, Y., Nagami-Okada, T., Inagaki, S., Siomi, H. and Siomi, MC.  
Gene silencing mechanisms mediated by Aubergine-piRNA complexes in Drosophila male gonad.  
RNA, **13**, 1911-1922 (2007)

5. Masato Nakagawa, Michiyo Koyanagi, Koji Tanabe, Kazutoshi Takahashi, Tomoko Ichisaka, Takashi Aoi, Keisuke Okita, Yuji Mochiduki, Nanako Takizawa and Shinya Yamanaka.  
Generaion of induced pluripotent stem cells without Myc from mouse and human fibroblasts.  
Nature Biotechnology, **26**, 101-106 (2008)

<平成20年度>

1. Sasaki, Y.T., Ideue, T., Sano, M., Mituyama, T. And Hirose, T.  
MENε/β noncoding RNAs are structural integrator of the nuclear body, paraspeckle.  
Proc. Natl. Acad. Sci. USA., **106**, 2525-2530 (2009)
2. Sasano, Y., Hokii, Y., Inoue, K., Sakamoto, H., Ushida, C. And Fujiwara, T.  
Distribution of U3 small nucleolar RNA and fibrillarin during early embryogenesis in *Caenorhabditis elegans*.  
Biochimie, **90**, 898-907 (2008)
3. Kawamura, Y., Saito, K., Kin, T., Ono, Y., Asai, K., Sunohara, T., Okada TN., Siomi, MC. and Siomi, H.  
Drosophila endogenous small RNAs bind to Argonaute2 in somatic cells.  
Nature, **453**, 793-797. 2008
4. Azuma AM, Oguri H, Kin T, Qian ZR, Asai K, Siomi H and Siomi MC.  
Characterization of endogenous human Argonautes and their miRNA partners in RNA silencing.  
Proc. Natl. Acad. Sci. USA., **105**, 7964-7969 (2008)
5. Okada, Y., Tashiro, C., Numata K., Watanabe, K., Nakaoka, H., Yamamoto, N., Okubo, K., Ikeda, R., Saito, R., Kanai, A., Abe, K., Tomita, M. and Kiyosawa, H.  
Comparative expression analysis uncovers novel features of endogenous antisense transcription.  
Hum. Mol. Gen., **17**, 1631-1640 (2008)
6. Chiba, M., Miura, T, Satou, T., Resian, A., Kiyosawa, H., Ohkohchi, N. and Yasue, H.  
Localization of sense and antisense transcripts of Prdx2 gene in mouse tissues.  
Cytogenet. Genome Res., **121**, 222-231 (2008)

7. Ruike Y., Ichimura A., Tsuchiya S., Shimizu K., Kunimoto R., Okuno Y. and Tsujimoto G.  
Global correlation analysis for micro-RNA and mRNA expression profiles in human cell lines.  
*J. Hum. Genet.*, **53**, 515-523 (2008)

<平成21年度>

1. Sato F., Tsuchiya S., Terasawa K., and Tsujimoto G.  
Intra-platform repeatability and inter-platform comparability of microRNA microarray technology.  
*PLoS One*, **4** (5), e5540 (2009)
2. Tsuchiya S., Oku M., Imanaka Y., Kunimoto R., Okuno Y., Terasawa K., Sato F., Tsujimoto G. and Shimizu K.  
MicroRNA-338-3p and microRNA-451 contribute to the formation of basolateral polarity in epithelial cells.  
*Nucleic Acids Res.*, **37**, 3821-3827 (2009)
3. Terasawa K., Ichimura A., Sato F., Shimizu K. and Tsujimoto G.  
Sustained activation of ERK1/2 by NGF induces microRNA-221 and 222 in PC12 cells.  
*FEBS J.*, **276**, 3269-3276 (2009)
4. Ichimura A., Ruike Y., Terasawa K., Shimizu K. and Tsujimoto G.  
miR-34a inhibits cell proliferation by repressing MEK1 during megakaryocytic differentiation of K562.  
*Mol. Pharmacol.*, in press, 2010
5. Miura, K., Okada, Y., Aoi, T., Okada, A., Takahashi, K., Okita, K., Nakagawa, M., Koyanagi, M., Tanabe, K., Ohnuki, M., Ogawa, D., Ikeda, E., Okano, H., and Yamanaka, S.  
Variation in the safety of induced pluripotent stem cell lines.  
*Nature Biotechnol.*, **27**, 743-745 (2009)
6. Okita, K., Hong, H., Takahashi, K. and Yamanaka, S.  
Generation of mouse-induced pluripotent stem cells with plasmid vectors.  
*Nature Protocols*, **5**, 418-428 (2010)

7. Kazuki, Y., Hiratsuka, M., Takiguchi, M., Osaki, M., Kajitani, N., Hoshiya, H., Hiramatsu, K., Yoshino, T., Kazuki, K., Ishihara, C., Takehara, S., Higaki, K., Nakagawa, M., Takahashi, K., Yamanaka, S. and Oshimura, M.  
Complete genetic correction of iPS cells from duchenne muscular dystrophy.  
*Molecular Therapy*, **18**, 386-393 (2010)
  
8. Takahashi, K., Narita, M., Yokura, M., Ichisaka, T. and Yamanaka, S.  
Human induced pluripotent stem cells on autologous feeders.  
*PLoS ONE*, **4**, e8067 (2009)
  
9. Nagata, S., Toyoda, M., Yamaguchi, S., Hirano, K., Makino, H., Nishino, K., Miyagawa, Y., Okita, H., Kiyokawa, N., Nakagawa, M., Yamanaka, S., Akutsu, H., Umezawa, A. and Tada, T.  
Efficient reprogramming of human and mouse primary extra-embryonic cells to pluripotent stem cells.  
*Genes Cells*, **14**,1395-1404 (2009)
  
10. Tanaka, Y., Ikeda, T., Kishi, Y., Masuda, S., Shibata, H., Takeuchi, K., Komura, M., Iwanaka, T., Muramatsu, S., Kondo, Y., Takahashi, K., Yamanaka, S. and Hanazono, Y.  
ERas is expressed in primate embryonic stem cells but not related to tumorigenesis.  
*Cell Transplant.*, **18**, 381-389 (2009)
  
11. Iwawaki, T., Akai, R., Yamanaka, S. and Kohno, K.  
Function of IRE1 alpha in the placenta is essential for placental development and embryonic viability.  
*Proc. Natl. Acad. Sci. USA.*, **106**, 16657-16662 (2009)
  
12. Nishimura, K., Nakagawa, T., Ono, K., Ogita, H., Sakamoto, T., Yamamoto, N., Okita, K., Yamanaka, S. and Ito, J.  
Transplantation of mouse induced pluripotent stem cells into the cochlea.  
*Neuroreport*, **20**, 1250-1254 (2009)
  
13. Silva, J., Nichols, J., Theunissen, TW., Guo, G., van Oosten, AL., Barrandon, O., Wray, J., Yamanaka, S., Chambers, I. and Smith, A.  
Nanog is the gateway to the pluripotent ground state.

Cell, **138**, 722-737 (2009)

14. Yoshida, Y., Takahashi, K., Okita, K., Ichisaka, T. and Yamanaka, S.  
Hypoxia Enhances the Generation of Induced Pluripotent Stem Cells.  
Cell Stem Cell, **5**, 237-241 (2009)
15. Hong, H., Takahashi, K., Ichisaka, T., Aoi, T., Kanagawa, O., Nakagawa, M.,  
Okita, K. and Yamanaka, S.  
Suppression of induced pluripotent stem cell generation by the p53-p21  
pathway.  
Nature, **460**, 1132-1135 (2009)
16. Yokoo, N., Baba, S., Kaichi, S., Niwa, A., Mima, T., Doi, H., Yamanaka, S.,  
Nakahata, T. and Heike, T.  
The effects of cardioactive drugs on cardiomyocytes derived from human  
induced pluripotent stem cells.  
Biochem. Biophys. Res. Commun., **387**, 482-488 (2009)
17. Niwa, A., Umeda, K., Chang, H., Saito, M., Okita, K., Takahashi, K., Nakagawa,  
M., Yamanaka, S., Nakahata, T. and Heike, T.  
Orderly hematopoietic development of induced pluripotent stem cells via  
Flk-1+ hemoangiogenic progenitors.  
J. Cellular Physiology, **221**, 367-377 (2009)
18. Tanaka, T., Tohyama, S., Murata, M., Nomura, F., Kaneko, T., Chen, H.,  
Hattori, F., Egashira, T., Seki, T., Ohno, Y., Koshimizu, U., Yuasa, S., Ogawa,  
S., Yamanaka, S., Yasuda, K. and Fukuda, K.  
In vitro pharmacologic testing using human induced pluripotent stem  
cell-derived cardiomyocytes.  
Biochem. Biophys. Res. Commun., **385**, 497-502 (2009)
19. Hirami, Y., Osakada, F., Takahashi, K., Okita, K., Yamanaka, S., Ikeda, H.,  
Yoshimura, N. and Takahashi, M.  
Generation of retinal cells from mouse and human induced pluripotent stem  
cells.  
Neuroscience Letters, **458**, 126-131 (2009)

20. Tsubooka, N., Ichisaka, T., Okita, K., Takahashi, K., Nakagawa, M. and Yamanaka, S.  
Roles of Sall4 in the generation of pluripotent stem cells from blastocysts and fibroblasts.  
*Genes Cells*, **14**, 683-694 (2009)
21. Nakano, H., Miyazawa, T., Kinoshita, K., Yamada, Y. and Yoshida, T.  
Functional screening identifies a microRNA, miR-491 that induces apoptosis by targeting Bcl-X(L) in colorectal cancer cells.  
*Int. J. Cancer*, 2009 Dec 28. [Epub ahead of print] DOI 10.1002/ijc.25143
22. Miyoshi, K., Miyoshi, T., Hartig, J., Siomi, H. and Siomi, MC.  
Molecular mechanisms that funnel RNA precursors into endogenous small-interfering RNA and microRNA biogenesis pathways in *Drosophila*.  
*RNA*, **16**, 506-515 (2010)
23. Miyoshi, K., Okada, TN., Siomi, H. and Siomi, MC.  
Characterization of miRNA-RISC loading complex and miRNA-RISC formed in *Drosophila* miRNA pathway.  
*RNA*, **15**, 1282-1291 (2009)
24. Yusuke Hokii, Yumi Sasano, Mayu Sato, Hiroshi Sakamoto, Kazumi Sakata, Ryuzo Shingai, Akito Taneda, Shigenori Oka, Hyouta Himeno, Akira Muto, Toshinobu Fujiwara, and Chisato Ushida  
A small nucleolar RNA functions in rRNA processing in *C.elegans*.  
*Nucleic Acids Res.*, in press, 2010
25. Kunio Kikuchi, Makiha Fukuda, Tomoya Ito, Mitsuko Inoue, Takahide Yokoi, Suenori Chiku, Toutai Mitsuyama, Kiyoshi Asai, Tetsuro Hirose and Yasunori Aizawa  
Transcripts of unknown function in multiple-signaling pathways involved in human stem cell differentiation.  
*Nucleic Acids Res.*, **37** (15), 4987-5000 (2009)
26. Numata, K., Osada, Y., Okada, Y., Saito, R., Hiraiwa, N., Nakaoka, H., Yamamoto, N., Watanabe, K., Okubo, K., Kohama, C., Kanai, A., Abe, K. and Kiyosawa, H.  
Identification of novel endogenous antisense transcripts by DNA microarray

- analysis targeting complementary strand of annotated genes.  
BMC Genomics, **10**, 392 (2009)
27. Chiba, M., Kiyosawa, H., Hiraiwa, N., Ohkohchi, N., and Yasue, H.  
Existence of Pink1 antisense RNAs in mouse and their localization.  
Cytogenet. Genome Res., **126**, 259-270 (2009)
28. Ideue, T., Hino, K., Kitao, S., Yokoi, T., and Hirose, T.  
Efficient oligonucleotide-mediated degradation of nuclear noncoding RNAs in  
mammalian cultured cells.  
RNA, **15**, 1578-1587 (2009)
29. Sasaki, YT. and Hirose, T.  
How to build paraspeckles?  
Genome Biol., **10**, 227.1-227.5 (2009)



## (2) 総説、解説、著書

### 研究開発項目①

#### 機能性RNAの探索・解析のためのバイオインフォマティクス技術の開発

<平成18年度>

1. 斎藤輪太郎  
バイオインフォマティクスを用いた non-coding RNA 予測のさまざまな試み  
機能性 non-coding RNA, クバプロ, p.171-187 (2006)
2. 榊原康文, 佐藤健吾  
機能性 RNA の配列解析と構造解析  
人工知能学会誌, **22** (1), 54-62 (2007)

<平成20年度>

1. 佐藤健吾, 榊原康文  
二次構造に基づく機能性 RNA の配列解析  
実験医学, **26** (7), 121-126 (2008)
2. 光山統泰  
ゲノムブラウザーを用いた small RNA のテーション  
実験医学, **26**, 3071-3078 (2008)
3. 金 大真, 浅井 潔  
機能性 RNA データベース  
実験医学 増刊号「バイオデータベースとソフトウェア最前線」, **26** (7), 1078-1086 (2008)

<平成 21 年度>

1. Sakakibara, Y. and Sato, K.  
Sequence and structural analyses for functional non-coding RNAs.  
Algorithmic Bioprocesses, (edited by A. Condon et al.), Springer-Verlag, Berlin Heidelberg, p.63-79, 2009

## 研究開発項目②

### 機能性RNA解析のための支援技術・ツールの開発

#### <平成17年度>

1. 鈴木 勉  
RNA 修飾の世界一見過ごされている RNA の質的な情報.  
生化学会誌, **77**, 1481-1496 (2005)
2. 北原 圭、鈴木 勉  
リボソームの立体構造と抗生物質の作用機序.  
RNA 工学の最前線(監修 中村義一)シーエムシー出版, p225-237 (2005)
3. 鈴木 勉、廣瀬哲郎  
機能性 RNA 研究における RNA プロセッシングの重要性.  
実験医学, **23**, 1864-1868 (2005)
4. 鈴木 勉  
RNA 修飾の生合成と機能.  
実験医学, **23**, 1881-1889 (2005)
5. 嶋 成実、鈴木 勉  
哺乳動物ミトコンドリアの翻訳系—ミトコンドリアゲノムの縮小によってもたらされたユニークなシステム.  
蛋白質核酸酵素 (11 月増刊号)「二層膜オルガネラの遺伝学」, **50**, 1732-1736 (2005)
6. Suzuki,T.  
Biosynthesis and function of tRNA wobble modifications. In Fine-tuning of RNA functions by modification and editing.  
Topics in Curr Genetics, vol.12, Springer-Verlag, NY p.24-69 (2005)

#### <平成18年度>

1. 鈴木 勉、鈴木健夫、上田宏生、宮内健常、坂口裕理子  
マススペクトロメトリーによる ncRNA の解析.  
蛋白質核酸酵素(2 月号増刊:RNA と生命), **51**, 2431-2435 (2006)
2. 野間章子、鈴木 勉 細胞核の世界  
RNA 修飾酵素の細胞内局在と RNA 成熟化機構.  
蛋白質核酸酵素(11 月号増刊), **51**, 2226-2231 (2006)
3. 鈴木 勉、鈴木健男、坂口裕理子  
RNA マススペクトロメトリー.  
ゲノム医学, **6**, 89-96 (2006)

4. 池内与志穂, 鈴木 勉

RNA 修飾に関わる硫黄リレータンパク質群の同定.  
細胞工学(4月号), **25**, 400-401 (2006)

5. 村田成範、堀邦夫

機能性 RNA のプロファイリング技術-マイクロアレイ技術を中心に-.  
ゲノム医学, **6** (3), 65-68 (2006)

<平成19年度>

1. Suzuki, T. and Suzuki, T.

Chaplet column chromatography: isolation of a large set of individual RNAs in a single step.

Methods in Enzymol., **425**, 213-220 (2007)

2. Suzuki, T., Ikeuchi, Y., Noma, A., Suzuki, T. and Sakaguchi, Y.

Mass spectrometric identification and characterization of RNA-modifying enzymes.

Methods in Enzymol., **425**, 195-211 (2007)

<平成20年度>

1. T. Ohgi, H. Kitagawa, and J. Yano

Chemical synthesis of Oligonucleotides with  
2'-O-(2-cyanoethoxymethyl)-Protected phosphoramidites.

Current Protocols in Nucleic Acid Chemistry Chapter 2, Unit 2.15, 1-19 (2008)

2. 増田博文、矢野純一

RNA合成と創薬

実験医学, **26** (10), 1668-1673 (2008)

3. 櫻井雅之、鈴木 勉

転写後修飾による RNA 機能制御

細胞工学, **28** (2), 149-155 (2009)

4. Nagao, A., Shigi-Hino, N. and Suzuki, T.

Measuring mRNA decay in human mitochondria.

Methods in Enzymol., **447**, 489-499 (2008)

5. Noma, A., Shigi, N. and Suzuki, T.

Biogenesis and functions of thio-compounds in transfer RNA: comparison of bacterial and eukaryotic thiolation machineries

DNA and RNA modification enzymes (Book LANDES), ed Grosjean, H., 2009

<平成21年度>

1. 矢野純一

RNA 医薬品の開発 Development of RNA medicines.

Medical Science Digest, **35** (14), 2009

2. 高垣和史、園家暁、矢野純一

核酸医薬品の開発と品質・有効性・安全性評価.

シーエムシー出版, 4月発行予定, 201.

3. Sakurai, M. and Suzuki, T.

A biochemical identification of A-to-I RNA editing sites by the Inosine Chemical Erasing (ICE) method.

Methods in Mol. Biol., in press

## 研究開発項目③

### 機能性RNAの機能解析

<平成17年度>

1. 吉田 哲郎  
miRNA と疾患との関連  
BioClinica, **20**, 1071-1076 (2005)
2. 蓮輪英毅、岡部 勝  
RNAi による哺乳動物個体レベルでのノックダウン  
「RNA 工学の最前線 Frontier of RNA Engineering」シーエムシー出版 p.67-76  
(全 p.268 監修:中村義一、大内将司) (2005)
3. 廣瀬哲郎  
新規ポリ A 付加装置による核内 RNA 品質管理機構  
実験医学, **23** (12)、2153 (2005)
4. 廣瀬哲郎、塩見美喜子  
RNA とゲノム(最近の話題):機能性 RNA の基本的な特徴と機能  
ゲノム医学, **6**, 97-101 (2006)
5. 九十九裕子、Lalith S. Gunawardane、塩見美喜子  
RNAi の分子メカニズム  
遺伝子医学 MOOK 4 号「RNA と創薬」, p.78-83 (2005)
6. 三好啓太、塩見美喜子  
第一章 RNA interference (RNAi)と micro RNA (miRNA): 概論  
RNA 工学の最前線, p.30-40 (2005)
7. 春原隆史、塩見美喜子  
Small RNA による遺伝子発現制御機構  
化学と生物, **43** (11), 746-752 (2005)
8. 三好啓太、塩見美喜子  
microRNA の作用機序:RNA の切断と翻訳抑制  
Bio Clinica, **20** (12), 24-30 (2005)

9. 齋藤都暁、塩見美喜子  
microRNA の生理機能解明への新しいアプローチ  
実験医学, **23** (12)、2151 (2005)
10. 清澤秀孔、土井貴裕  
新規機能性 RNA 分子による遺伝子発現プロファイリング - マイクロ RNA とナチュラル・アンチセンス RNA  
医学のあゆみ - 消化器疾患 state of arts, ver.3, p.245-251 (2006)
11. Nelson D. and Siomi MC  
Chapter 56; Fragile X Syndrome. Pediatric Nutrition in Chronic Diseases and Developmental Disorders -Prevention, Assessment, and Treatment- 2nd Edition. (ed., Shirley Walberg Ekvall and Valli K. Ekvall) ISBN: 0195165640. Oxford University Press, New York. (2005)

<平成18年度>

1. 佐々木保典、廣瀬哲郎  
snoRNA の生合成と機能に関する新知見  
蛋白質核酸酵素 別冊「RNA と生命」, **51**, 2437-2442 (2006)
2. 井手上賢、廣瀬哲郎  
RNA プロセッシングを監視する核内 RNA 品質管理機構、  
蛋白質核酸酵素 別冊「細胞核の世界」, **51**, 2205-2209 (2006)
3. 牛田千里  
線虫にみる RNA 機能の多様性 (金井昭夫・河合剛太編)  
機能性 non-coding RNA, クバプロ, (2006)
4. 西田知訓、塩見美喜子  
siRNA, miRNA, そして新規低分子 RNA による RNA サイレンシングの分子機構  
蛋白質核酸酵素 12月号 増刊, **51** (16), 2450-2455 (2006)
5. 塩見春彦、塩見美喜子  
2006年ノーベル医学生理学賞 RNAi, Fire と Mello  
蛋白質核酸酵素 12月号, **51** (15), (2006)
6. 塩見春彦、塩見美喜子  
2006年ノーベル生理学・医学賞 RNA 干渉の二面性  
現代化学, **429**, 66-68 (2006)

7. 石塚明、塩見春彦、塩見美喜子  
1 章 RNAi 基本メカニズムに関する Q&A  
RNAi 実験 なるほど Q&A, 16-53, 58-59 (2006)
8. 春原隆史、塩見美喜子、塩見春彦  
小分子 RNA によるゲノム進化  
科学, **76** (5), 532-536 (2006)
9. 渡辺雄一郎、塩見美喜子、塩見春彦  
RNA サイレンシングの生物学-小さな RNA が果たす大きな役割-  
現代化学, **421**, 56-60 (2006)
10. 齋藤都暁、塩見美喜子  
生殖細胞形成必須因子 Piwi と rasiRNA による新規 RNA サイレンシング  
蛋白質核酸酵素, **52**, 221-226 (2007)
11. 三好啓太、塩見美喜子  
miRNA による翻訳抑制機構の分子メカニズム  
細胞工学, **26**, 560-654 (2007)
12. 齋藤都暁、西田知訓、塩見美喜子  
ショウジョウバエ生殖細胞において特異的に起こる RNA サイレンシング  
実験医学, **25**, 811-817 (2007)
13. 塩見美喜子  
概論-小分子 RNA はゲノム情報発現をどのように制御するか  
実験医学, **25**, 794-799 (2007)
14. 清澤秀孔  
マウスにおける内在性アンチセンス転写産物の解析  
機能性 non-coding RNA, クバプロ, p.99-114 (2006)
15. 清澤秀孔  
mRNA 型非翻訳性 RNA  
医学のあゆみ, **220**, 196-198 (2007)
16. 清澤秀孔  
マウス・ナチュラルアンチセンス RNA

蛋白質核酸酵素, **52**, 441-448 (2007)

17. Tsuchiya, S., Okuno, Y. and Tsujimoto, G.  
MicroRNA: biogenetic and Functional mechanisms and involvements in cell differentiation and cancer.  
J. Pharmacol. Sci., **101**, 267-270 (2006)
18. Ishizuka A, Saito K, Siomi MC, Siomi H.  
In vitro precursor microRNA processing assays using Drosophila Schneider-2 cell lysate.  
Methods in Molecular Biology, **342**, MicroRNA Protocols, 277-286 (2006)
19. 三好啓太  
カレント トピックス:Argonaute の Slicer 活性と RISC 形成への関与  
実験医学, **24** (4), 502-505 (2006)

<平成19年度>

1. 廣瀬哲郎  
ncRNA の機能解析とヒトの疾患へのアプローチ  
Medical Bio, **4** (4), 41-44 (2007)
2. Hasegawa Y and Kiyosawa H  
Chapter V - Natural antisense RNA in mammals: Novel characteristics revealed by genome-wide expression analysis, in “Antisense Elements (Genetics) Research Focus,” Nova Science Publishers, Inc., New York, p.109-140 (2007)
3. Miyoshi K, Uejima H, Nagami T, Siomi H, Siomi MC.  
Methods in Molecular Biology.  
In vitro RNA cleavage assay for Argonaute-family proteins.  
in press
4. 相澤康則、辻本豪三、寺澤和哉  
高次生命現象を支える機能性RNA—短いRNAと長いRNA—  
ゲノム医学, **7** (1), 67-71 (2007)



<平成20年度>

1. 山田陽史、吉田哲郎  
RT-PCRによる小分子 RNA の検出  
RNA 実験ノート, 2008/3/15
2. 蓮輪英毅、伊川正人、岡部 勝  
マウスにおける RNAi の誘導とその評価法  
RNA 実験ノート, 2008/3/15
3. 土屋創健、奥野恭史、辻本豪三  
MicroRNAs and Discovery of New Targets.  
Pharmacogenomics, Anticancer Drug Discovery and Response, 47-56, 2009
4. 小柳三千代、山中伸弥  
マウス繊維芽細胞培養から誘導される多能性幹細胞  
進み続ける細胞移植治療の実際, 上巻, p.124-127, 2008
5. 小柳三千代、中川誠人、山中伸弥  
がん遺伝子 Myc を用いない人工多能性幹細胞の作成  
BIO INDUSTRY, 4, 89-95 (2008)
6. 日野公洋、廣瀬哲郎  
snoRNA 異常疾患  
遺伝子医学 MOOK 15 号「最新 RNA と疾患研究 2009」, p.85-91, 2009
7. 佐々木保典、廣瀬哲郎  
ncRNA を特徴付ける細胞内挙動と機能  
細胞工学, 28, 138-141 (2009)
8. 廣瀬哲郎  
基礎の基礎  
細胞工学, 28, 110-115 (2009)
9. 廣瀬哲郎  
ノンコーディング RNA 機能へのアプローチ法  
蛋白質核酸酵素, 53, 1940-1949 (2008)

10. 青木一真、廣瀬哲郎  
RI と non-RI での in vitro 転写とラベリング  
RNA 実験ノート上, p.54-60, 2008
11. 井手上賢、廣瀬哲郎  
試験管内スプライシング反応  
RNA 実験ノート上, p.148-153, 2008
12. 佐々木保典、廣瀬哲郎  
RACE による鋳型鎖の上流・下流配列の決定  
RNA 実験ノート上, p.114-120, 2008
13. 廣瀬哲郎  
RNA 結合タンパク質の標的 mRNA の分離同定  
RNA 実験ノート上, p.96-101, 2008
14. 廣瀬哲郎  
ncRNA (noncoding RNA).  
生体の科学, **59**, 376-378 (2008)
15. Chisato Ushida and Yusuke Hokii  
Isolation and characterization of small RNAs in *Caenorhabditis elegans*.  
Edited by John Rossi and Rajesh K. Gaur.  
Regulation of Gene Expression by Small RNAs, CRC Press, Florida, U. S. A.,  
2009
16. Siomi, MC., Saito, K. and Siomi H.  
How selfish retrotransposons are silenced in *Drosophila* germline and somatic  
cells.  
FEBS Lett., **582**, 2473-2478 (2008)
17. Siomi, MC., Nishida, KM. and Siomi, H.  
How to defining RNAi targets.  
Methods in Enzymology, **449** (2008)
18. Siomi, H. and Siomi, MC.  
On the road to reading the RNA interference code.  
Nature, **457** (7228), 396-404 (2009)

19. Kim, NV., Han, J. and Siomi, MC.  
Biogenesis of small RNAs in animals.  
Nature Reviews Molecular Cell Biology, in press
20. 萬年太郎、塩見美喜子  
siRNAによる遺伝子発現抑制の基礎とそれに関する最新の知見.  
炎症と免疫, **16** (6), 2-11 (2008)
21. 塩見美喜子  
動物の内在性小分子 RNA:piRNA を焦点として.  
RNA 実験ノート 下, 小分子 RNA の解析から RNAi への応用まで, p.18-21, 2008
22. 塩見美喜子、岡田知子  
Argonaute ファミリーメンバーの Slicer 活性の解析.  
RNA 実験ノート 下, 小分子 RNA の解析から RNAi への応用まで, p.84-91, 2008
23. Okada, Y., Numata, K., Saito, R., Tomita, M., and Kiyosawa, H.  
Novel natures of endogenous antisense transcripts in mammals.  
Curr. Topics Genet., **3**, 9-25 (2008)

<平成21年度>

1. 小柳三千代、山中伸弥  
多能性幹細胞と microRNA  
最新 RNA と疾患研究 遺伝子医学 MOOK, **5**, 86-191 (2009)
2. 山田 陽史  
幹細胞の分化と miRNA  
分子細胞治療, **8** (5), 331-336 (2009)
3. 三好啓太、塩見美喜子  
第 4 章 遺伝子機能解析:RNAi WELCOME TO ゲノムワールド  
ゲノム創薬科学最前線, p.163-183, 2009
4. Siomi, MC.  
JOURNAL CLUB: A biologist praises a mouse model of autism inheritance.  
Nature, **461**, 451 (2009)

5. Siomi, MC.  
piRNAs (PIWI-interacting RNA)□  
McGraw Hill 2010 Yearbook of Science & Technology. in press
6. Siomi, H. and Siomi, MC.  
Posttranscriptional regulation of microRNA biogenesis  
Mol. Cell revised
7. Siomi, MC., Miyoshi, T. and Siomi, H.  
piRNA-mediated silencing in Drosophila germlines.  
Seminars in Cell and Developmental Biology 2010. Jan 18[Epub ahead of print]
8. Siomi, H. and Siomi, MC.  
RISC hitches onto endosome trafficking.  
Nat. Cell Biol., **11**, 1049-1051 (2009)
9. Siomi, MC.  
Short interfering RNA-mediated gene silencing; towards successful application in human patients.  
Adv. Drug Deliv. Rev., **61**, 668-671 (2009)
10. 牛田千里  
RNA interference.  
分子精神医学 (印刷中), 2010
11. Hirose, T.  
Emerging roles of noncoding RNAs in subcellular architecture and gene expression.  
RNA technologies & Their applicatios, Springer (2009), in press
12. 井手上賢、廣瀬哲郎  
核内局在 RNA の簡便で効率の良いノックダウン法.  
実験医学, **28**, 97-101 (2009)
13. 北尾紗織、廣瀬哲郎  
核内の RNA 顆粒構造とその生理機能.  
蛋白質核酸酵素, **54**, 2127-2132 (2009)

14. 日野公洋、廣瀬哲郎  
機能不明の細胞核内 RNA を個別に分解する方法を開発.  
産総研 TODAY, **9**, 12 (2009)
  
15. 日野公洋、廣瀬哲郎  
snoRNA 異常疾患  
遺伝子医学 MOOK15 号「最新 RNA と疾患研究」, p.85-90 (2009)
  
16. 日野公洋、廣瀬哲郎  
snoRNA の機能異常による疾患.  
Bio Clinica, **24**, 46-51 (2009)
  
17. 佐々木保典、廣瀬哲郎  
「かたち」を生み出す RNA:機能構築 RNA の研究から創薬へ.  
JITA ニュースレター, **21**, 2-3 (2009)

## 2. 特許

<平成17年度>

(1)発明者:津田宏治(産総研)、金大真(産総研)、浜田道昭(みずほ)、浅井潔(東大)

発明などの名称:RNA 配列情報処理装置

出願日:平成 18 年 2 月 27 日

出願番号:特願 2006-49694

出願人:(独)産業技術総合研究所、みずほ情報総研㈱、東京大学

<平成18年度>

(1)発明者:寺井悟朗(インテック W&G)、金大真(産総研)

発明などの名称:マイクロ RNA 検出装置、方法およびプログラム

出願日:平成 18 年 12 月 13 日

出願番号:特願 2006-335470

出願人:インテック W&G㈱、(独)産業技術総合研究所

(2)発明者:津田宏治(産総研)、金大真(産総研)、浜田道昭(みずほ)、浅井潔(東大)

発明などの名称:RNA 配列情報処理装置(PCT 出願)

出願日:平成 19 年 2 月 9 日

出願番号:PCT/JP2007/052369

出願人:(独)産業技術総合研究所、みずほ情報総研㈱、東京大学

(3)発明者:鈴木勉(東大)、宮内健常(東大)、上田宏生(東大)、鈴木健夫(東大)、坂口裕理子(東大)

発明などの名称:質量分析によるゲノム上で RNA 配列を同定するシステム

出願日:平成 18 年 7 月 14 日

出願番号:特願 2006-194780

出願人:東京大学

(4)発明者:鈴木勉(東大)、宮内健常(東大)

発明などの名称:往復循環クロマトグラフィーを用いた生体高分子の単離方法

出願日:平成 18 年 8 月 2 日

国際出願番号:PCT/JP2006/315271

出願人:東京大学

(5)発明者:北川英俊(日本新薬)、植竹弘一(日本新薬)

発明などの名称:核酸保護基の導入方法

出願日:平成 18 年 8 月 2 日

出願番号:特願 2006-210439

出願人:日本新薬(株)

(6)発明者:北川英俊(日本新薬)、植竹弘一(日本新薬)、山田浩平(ヤマサ醤油)

発明などの名称:リボ核酸化合物の製造方法

出願日:平成 19 年 1 月 22 日

出願番号:特願 2007-011813

出願人:日本新薬(株)、ヤマサ醤油(株)

(7)発明者:山田陽史(協和発酵)、宮澤達也(協和発酵)、吉田哲郎(協和発酵)

発明などの名称:新規核酸

出願日:平成 18 年 9 月 4 日

出願番号:特願 2006-238459

出願人:協和発酵工業(株)

(8)発明者:山田陽史(協和発酵)、宮澤達也(協和発酵)、吉田哲郎(協和発酵)

発明などの名称:間葉系幹細胞の増殖および/または分化制御剤

出願日:平成 18 年 10 月 31 日

出願番号:特願 2006-295113

出願人:協和発酵工業(株)

(9)発明者:山田陽史(協和発酵)、宮澤達也(協和発酵)、吉田哲郎(協和発酵)

発明などの名称:新規核酸

出願日:平成 18 年 12 月 18 日

出願番号:特願 2006-339997

出願人:協和発酵工業(株)

(10)発明者:妙本 陽(東レ)、秋山英雄(東レ)、奥野恭史(京大)、辻本豪三(京大)、国本 亮  
(京大)、土屋創健(京大)

発明などの名称:マイクロ RNA 標的遺伝子予測装置

出願日:平成 19 年 3 月 2 日

出願番号:特願 2007-53322

出願人:東レ(株)

<平成19年度>

(1) 発明者: 鈴木 勉(東大)、山崎雄三(島津)、瀬口武史(島津)

発明などの名称: 質量分析サンプルの調製方法、リボ核酸のイオン化方法、リボ核酸の  
質量分析方法、及び細胞由来の低分子リボ核酸の質量分析方法

出願日: 平成 19 年 5 月 28 日

出願番号: 特願 2007-140998

出願人: ㈱島津製作所、東京大学

(2) 発明者: 清澤秀孔(理研)

発明などの名称: 内在性アンチセンス RNA の発現解析システム

出願日: 平成 19 年 5 月 31 日

出願番号: 特願 2007-146341

出願人: (独)理化学研究所

(3) 発明者: 鈴木 勉(東大)、上田宏生(JBIC)

発明などの名称: 核酸の塩基配列及び配列修飾を解析する装置、方法及びプログラム

出願日: 平成 19 年 7 月 27 日

出願番号: 特願 2007-195555

出願人: 東京大学、(社)バイオ産業情報化コンソーシアム

(4) 発明者: 山田浩平(ヤマサ醤油)、早川弘之(ヤマサ醤油)、和田 猛(東大)

発明などの名称: 2' 位にアルキル型保護基を有するリボ核酸の製造法

出願日: 平成 20 年 3 月 26 日

出願番号: 特願 2008-79796

出願人: 東京大学、ヤマサ醤油(株)

(5) 発明者: 鈴木 勉(東大)、宮内健常(東大)、上田宏生(東大)、鈴木健夫(東大)、坂口裕理  
子(東大)

発明などの名称: 質量分析によるゲノム上で RNA 配列を同定するシステム

出願日: 平成 19 年 7 月 10 日

出願番号: PCT/JP2007/63723

出願人: 東京大学

(6) 発明者: 北川英俊(日本新薬)、植竹弘一(日本新薬)

発明などの名称: 核酸保護基の導入方法

出願日: 平成 19 年 8 月 1 日

出願番号: PCT/JP2007/65070



出願人:日本新薬(株)

(7)発明者:山田浩平(ヤマサ醤油)、北川英俊(日本新薬)、植竹弘一(日本新薬)

発明などの名称:リボ核酸化合物の製造方法

出願日:平成20年1月21日

出願番号:PCT/JP2008/50760

出願人:日本新薬(株)

(8)発明者:清澤秀孔(理研)

発明などの名称:内在性アンチセンスRNAの発現解析システム

出願日:平成19年5月31日

出願番号:特願2007-146341

出願人:(独)理化学研究所

(9)発明者:中野春男(協和発酵)、宮澤達也(協和発酵)、山田陽史(協和発酵)、吉田哲郎(協和発酵)

発明などの名称:細胞の増殖を制御する核酸

出願日:平成19年4月9日

出願番号:特願2007-260393

出願人:協和発酵工業(株)

(10)発明者:横井崇秀(日立ソフト)、廣瀬哲郎(産総研)、井手上賢(JBIC)

発明などの名称:核内ノンコーディングRNAの機能解析方法

出願日:平成20年1月24日

出願番号:特願2008-014036

出願人:日立ソフトウェアシステムエンジニアリング(株)、(独)産業技術総合研究所、(社)バイオ産業情報化コンソーシアム

(11)発明者:山田陽史(協和発酵)、宮澤達也(協和発酵)、吉田哲郎(協和発酵)

発明などの名称:新規核酸

出願日:平成19年9月4日

出願番号:PCT/JP2007/67187

出願人:協和発酵工業(株)

(12)発明者:( )山田陽史(協和発酵)、宮澤達也(協和発酵)、吉田哲郎(協和発酵)

発明などの名称:間葉系幹細胞の増殖および/または分化制御剤

出願日:平成19年10月31日

出願番号:PCT/JP2007/71177

出願人:協和発酵工業(株)

(13)発明者:山田陽史(協和発酵)、宮澤達也(協和発酵)、吉田哲郎(協和発酵)、中野春男  
(協和発酵)、小坂恭子(協和発酵)

発明などの名称:新規核酸

出願日:平成 19 年 12 月 18 日

出願番号:PCT/IB2007/004005

出願人:協和発酵工業(株)

<平成20年度>

(1)発明者:寺井悟朗(インテックシステム研)、光山統泰(産総研)

発明などの名称:MICRORNA DETECTING APPARATUS, METHOD, AND PROGRAM

出願日:平成 20 年 10 月 20 日

出願番号:US12/254,637

出願人:(株)インテックシステム研究所、(独)産業技術総合研究所

(2)発明者:鈴木 勉(東大)、加藤敬行(JBIC)

発明などの名称:高活性 shRNA 及びその製造方法

出願日:平成 20 年 7 月 18 日

出願番号:特願 2008-186775

出願人:東京大学、(社)バイオ産業情報化コンソーシアム

(3)発明者:鈴木 勉(東大)、上田宏生(JBIC)

発明などの名称:核酸の塩基配列及び配列修飾を解析する装置、方法及びプログラム

出願日:平成 20 年 7 月 24 日

出願番号:PCT/JP2008/63277

出願人:東京大学、(社)バイオ産業情報化コンソーシアム

(4)発明者:堀邦夫(オリンパス)

発明などの名称:標的核酸分子の定量方法および標的核酸分子定量キット

出願日:平成 21 年 2 月 9 日

出願番号:特願 2009-27287

出願人:オリンパス(株)

(5)発明者:山田浩平(ヤマサ醤油)、早川弘之(ヤマサ醤油)、和田 猛(東大)

発明などの名称:2'位にアルキル型保護基を有するリボ核酸の製造法

出願日:平成 21 年 3 月 19 日

出願番号:特願 2009-067468

出願人:東京大学、ヤマサ醤油(株)

(6)発明者:小坂恭子(協和発酵)、山田陽史(協和発酵)、三浦和美(協和発酵)、宮澤達也(協和発酵)、吉田哲郎(協和発酵)

発明などの名称:肥満細胞の脱顆粒を制御する核酸

出願日:平成20年6月4日

出願番号:特願2008-146431

出願人:協和発酵工業(株)

(7)発明者:山田陽史(協和発酵)、吉田哲郎(協和発酵)

発明などの名称:肥満細胞の脱顆粒抑制剤

出願日:平成20年7月7日

出願番号:特願2008-177109

出願人:協和発酵工業(株)

(8)発明者:相澤康則(東工大)、福田牧葉(東工大)、井上允子(東工大)、田中邦彦(東工大)

発明などの名称:細胞分化及びガン化に關与する新規タンパク質

出願日:平成20年7月18日

出願番号:特願2008-186629

出願人:東京工業大学

(9)発明者:山中伸弥(京大)、小柳三千代(京大)

発明などの名称:効率的な核初期化方法

出願日:平成20年12月8日

出願番号:特願2008-312745

出願人:京都大学

(10)発明者:山中伸弥(京大)、小柳三千代(京大)

発明などの名称:効率的な核初期化方法

出願日:平成20年12月26日

出願番号:特願2008-335129

出願人:京都大学

(11)発明者:山中伸弥(京大)、小柳三千代(京大)

発明などの名称:効率的な核初期化方法

出願日:平成21年3月5日

出願番号:特願2009-510625

出願人:京都大学

(12)発明者:清澤秀孔(理研)

発明などの名称:内在性アンチセンスRNAの発現解析システム

出願日:平成 20 年 5 月 30 日

出願番号:US12/129,905

出願人:(独)理化学研究所

- (13) 発明者:中野春男(協和発酵)、宮澤達也(協和発酵)、山田陽史(協和発酵)、吉田哲郎  
(協和発酵)

発明などの名称:細胞の増殖を制御する核酸

出願日:平成 20 年 10 月 3 日

出願番号:PCT/JP2008/68109

出願人:協和発酵工業(株)

- (14) 発明者:山中伸弥(京大)、小柳三千代(京大)

発明などの名称:効率的な核初期化方法(Efficient Method for Nuclear Reprogramming)

出願日:平成 20 年 11 月 25 日

出願番号:12/1292,717 (米国)

出願人:京都大学

- (15) 発明者:山中伸弥(京大)、小柳三千代(京大)

発明などの名称:効率的な核初期化方法(Efficient Method for Nuclear Reprogramming)

出願日:平成 20 年 5 月 23 日

出願番号:PCT/JP2008/059586

出願人:京都大学

- (16) 発明者:山中伸弥(京大)、小柳三千代(京大)

発明などの名称:効率的な核初期化方法(Efficient Method for Nuclear Reprogramming)

出願日:平成21年2月25日

出願番号:12/379,564 (米国)

出願人:京都大学

- (17) 発明者:山中伸弥(京大)、小柳三千代(京大)

発明などの名称:効率的な核初期化方法(Efficient Method for Nuclear Reprogramming)

出願日:平成 21 年 2 月 23 日

出願番号:2008286249 (豪州)

出願人:京都大学

- (18) 発明者:山中伸弥(京大)、小柳三千代(京大)

発明などの名称:効率的な核初期化方法(Efficient Method for Nuclear Reprogramming)

出願日:平成 21 年 3 月 6 日

出願番号:2,658,463 (カナダ)

出願人:京都大学

(19) 発明者: 山中伸弥(京大)、小柳三千代(京大))

発明などの名称: 効率的な核初期化方法 (Efficient Method for Nuclear Reprogramming)

出願日: 平成 21 年 3 月 12 日

出願番号: 10-2009-7005179 (大韓民国)

出願人: 京都大学

(20) 発明者: 山中伸弥(京大)、小柳三千代(京大)

発明などの名称: 効率的な核初期化方法 (Efficient Method for Nuclear Reprogramming)

出願日: 平成 21 年 3 月 16 日

出願番号: 1485/CHENP/2009 (インド)

出願人: 京都大学

<平成21年度>

(1) 発明者: 堀邦夫(オリンパス)、中田秀孝(オリンパス)、小林佐代子(オリンパス)

発明などの名称: 標的核酸分子の定量方法および標的核酸分子定量キット

出願日: 平成21年8月7日

出願番号: 特願 2009-184523

出願人: オリンパス(株)

(2) 発明者: 上田稔浩(日本新薬) 永田征吾(日本新薬)

発明などの名称: ホスホロアミダイト化合物の製造法

出願日: 平成 21 年 12 月 9 日

出願番号: 特願 2009-279488

出願人: 日本新薬(株)

(3) 発明者: 和田猛(東大)、永田征吾(日本新薬)、植竹弘一(日本新薬)

発明などの名称: リン酸化試薬

出願日: 平成 22 年 1 月 20 日

出願番号: 特願 2010-010260

出願人: 東京大学、日本新薬(株)

(4) 発明者: 寺井悟朗(インテックシステム研)、光山統泰(産総研)、迫田絵理(JBIC)

発明などの名称: 肺癌または子宮頸癌の診断マーカー

出願日: 平成 22 年 3 月 11 日

出願番号: 特願 2010-054924

出願人: (株)インテックシステム研究所、(独)産業技術総合研究所、(社)バイオ産業情報化コンソーシアム

- (5) 発明者: 木下圭太(協和発酵キリン)、山田陽史(協和発酵キリン)、吉田哲郎(協和発酵キリン)  
発明などの名称: 細胞周期を制御する核酸  
出願日: 平成 22 年 3 月 9 日  
出願番号: 特願 2010-052417  
出願人: 協和発酵キリン(株)
- (6) 発明者: 山田陽史(協和発酵キリン)、吉田哲郎(協和発酵キリン)  
発明などの名称: 肥満細胞の脱顆粒抑制剤  
出願日: 平成 21 年 6 月 4 日  
出願番号: PCT/JP2009/060220  
出願人: 協和発酵キリン(株)
- (7) 発明者: 小坂恭子(協和発酵キリン)、山田陽史(協和発酵キリン)、三浦和美(協和発酵キリン)、宮澤達也(協和発酵キリン)、吉田哲郎(協和発酵キリン)  
発明などの名称: 肥満細胞の脱顆粒を制御  
出願日: 平成 21 年 6 月 4 日  
出願番号: PCT/JP2009/060288  
出願人: 協和発酵キリン(株)
- (8) 発明者: 鈴木 勉(東大)、加藤敬行(JBIC)  
発明などの名称: 高活性 shRNA 及びその製造方法  
出願日: 平成 21 年 7 月 17 日  
出願番号: PCT/JP2009/003375  
出願人: 東京大学、(社)バイオ産業情報化コンソーシアム
- (9) 発明者: 山中伸弥(京大)、小柳三千代(京大)  
発明などの名称: 効率的な核初期化方法 (Efficient Method for Nuclear Reprogramming)  
出願日: 平成 21 年 12 月 8 日  
出願番号: 09252749.8 (欧州)  
出願人: 京都大学
- (10) 発明者: 山中伸弥(京大)、小柳三千代(京大)  
発明などの名称: 人工多能性幹細胞の選別方法 (Method for Screening Induced Pluripotent Stem Cells)  
出願日: 平成 22 年 1 月 15 日  
出願番号: 61/282,295 (米国)  
出願人: 京都大学

(11) 発明者: 鈴木 勉(東大)、上田宏生(JBIC)

発明などの名称: Apparatus, process and program for analyzing nucleic acid base sequence and base modification

出願日: 平成 22 年 2 月 5 日

出願番号: 08791529.4 欧州

出願人: 東京大学、(社)バイオ産業情報化コンソーシアム

(12) 発明者: 鈴木 勉(東大)、上田宏生(JBIC)

発明などの名称: Apparatus, process and program for analyzing nucleic acid base sequence and base modification

出願日: 平成 22 年 月 日

出願番号: 12/452,859 (米国)

出願人: 東京大学、(社)バイオ産業情報化コンソーシアム

### 3. 報道

<平成18年度>

- 2006年11月：BTJジャーナル11月号（日経バイオ） p.2-5 リーダーインタビュー（東京大学）  
「RNAをMSで測定 質量情報をあぶり出す」
- 2006年11月：日経バイオテク(オンライン)：2006.11.20(冊子体)(協和発酵)  
「協和発酵、間葉系幹細胞から新規 miRNA を 29 個同定、  
骨芽細胞分化を抑制する miRNA も発見」
- 2006年10月4日 日刊工業新聞（日本新薬）  
「RNA干渉」創薬支援・日本新薬 来年度にも事業化・薬物送達と合成技術を外販
- 2006年10月13日 日本経済新聞（日本新薬）  
ノーベル賞技術の「RNA干渉」・抗がん剤開発で成果・  
ジーンケア 血中での滞在長く・日本新薬 薬剤合成を効率化
- 2006年11月30日 化学工業日報、日刊薬業、京都新聞（日本新薬）  
RNA干渉用原料アミダイト・海外市場開拓へ・  
日本新薬まず独「EuroTIDES 2006 展」出展
- 2006年12月19日 日経産業新聞（日本新薬）  
核酸医薬品はいまー最前線を探る がん・血管新生に挑む 国内勢に独自色

<平成19年度>

- 2007年5月11日 日本経済新聞（東京大学）  
「数分で解析、病気診断 -島津と東大 ノーベル賞技術もとに-」
- 2007年8月23日 日本経済新聞（東京大学）  
「マイクロRNA 10万倍の感度で検出」
- 2007年9月18日 日本経済新聞（東京大学）  
「多様なRNAを自動精製 -東大など装置試作-」
- 2007年11月：化学工業日報（DNAチップ研究所）  
「miRNAを高感度検出、アトモルレベル実現の新ツール」



2007年6月19日 京都新聞（日本新薬）

「独自技術で合成 RNA 来月販売」

2007年6月20日 化学工業日報（日本新薬）

「RNA 試薬を7月発売 日本新薬 CEM ベースに製造」

2007年6月20日 日刊薬業（日本新薬）

「研究用試薬 RNA を7月発売」

2007年8月23日 日経産業新聞（日本新薬）

「診断・治療の主役に 抗がん剤開発の手がかり」

2007年10月9日 日経バイオテック(オンライン)

2007年10月22日 日経バイオテック(冊子体)

(協和発酵)

「日本癌学会、協和発酵、miRNA 創薬で報告、アポトーシス阻害遺伝子を抑制する miRNA を同定」

2007年11月7日 化学工業日報（武庫川女子大）

「miRNA を高感度検出、アトモレベル実現の新ツール」

#### <平成20年度>

2008年12月18日 日経産業新聞、化学工業新聞

(産業技術総合研究所、みずほ情報総研)

「RNA 二次構造を予測する最高精度のソフトウェアを開発」

2008年6月3日 日刊薬業新聞（日本新薬）

RNA 医薬「2年以内にパイプライン入り」

2008年11月27日 日経産業新聞（東京大学）

「RNA 干渉薬分解しにくく 東大が基礎技術 患部への到達可能に」

2008年6月27日 北國新聞(29面) (北陸先端大学)

「世界初 RNA を光で操作 遺伝子診断精度増す」

2009年1月26日 化学工業日報(朝刊9面) (産業技術総合研究所)

「核内 RNA に新機能 -遺伝子発現調節に重要-」

(産総研ホームページ(主な研究成果)掲載 H21.1.22)

2009年2月4日 日経産業新聞（日本新薬）  
新生命医療 薬の副作用ゼロ 挑戦 万人適合リスク判別  
核酸医薬、がんに期待

2009年3月9日 日経産業新聞（日本新薬）  
日本新薬 伝令 RNA 量産技術 試薬で化学合成効率化  
ワクチンなど新薬に道

2009年2月2日 日経産業新聞（東京大学）  
東京大学 核酸医薬一ホウ素使い精製

<平成21年度>

2009年5月25日 日経バイオテク  
“mi”は”si”を超えられるか？ がん、感染症で研究進展  
miRNA を標的とした創薬研究

2009年9月30日 日経産業新聞（協和発酵キリン株）  
核酸医薬（下）「壊さず運ぶ」創薬にカギ（2030年への挑戦次世代産業技術）

2009年1月26日 化学工業日報（朝刊）（産業技術総合研究所）  
細胞核内にある機能不明のRNAを個別に分解する方法を開発 — RNA機能の  
解明に道が開け、疾病の原因解明と創薬へ — 産総研ホームページ（主な研究成  
果）2009年6月19日

2009年8月19日 日経バイオテク（東京大学）  
「東大鈴木勉教授らとJBIC, AIST, 遺伝研、RNAのイノシン化部位を同定するICE法と  
次世代シーケンサーでゲノムワイド」

2009年8月19日 日経バイオテク（東京大学）  
「東大鈴木勉教授ら、質量分析でmiRNAを直接プロファイリング、DB未登録のプロセッ  
シング・バリエントを大量に発見」

#### 4. 講演・学会発表

##### 研究開発項目①

##### 機能性RNAの探索・解析のためのバイオインフォマティクス技術の開発

<平成17年度>

1. 第7回日本 RNA 学会年会  
Support vector machine を用いた機能性 RNA ファミリーの分類.  
浜田道昭、加藤毅、津田宏治、金大真、浅井潔  
2005/8/9
2. RNA/RNP を見つける会  
サポートベクトルマシンを用いた機能性 RNA ファミリーの分類.  
浜田道昭、加藤毅、津田宏治、金大真、浅井潔  
2005/9/10
3. The 14th International Conference on Genome Informatics  
An Alignment Algorithm by Matching Fixed-Length Stem Fragments for Comparing RNA Sequences.  
田部井靖生、津田宏治、金大真、浅井潔]  
2005/12/19
4. Pacific Symposium on Biocomputing 2006  
Searching non-coding RNAs from genome using fixed-length stem fragments.  
田部井靖生、金大真、津田宏治、浅井潔  
2006/1/5
5. 第7回日本 RNA 学会  
Support Vector Machine を用いた機能性 RNA ファミリーの分類.  
浜田道昭、加藤毅、金大真、浅井潔  
2005/08/08.

<平成18年度>

1. 新しい RNA/RNP を見つける会  
RNA 配列群からの頻出ステムパターンの抽出.  
浜田道昭、津田宏治、工藤拓、金大真、浅井潔  
2006/9/2
2. 第9回情報論的学習理論ワークショップ(IBIS 2006)  
非整列 RNA 配列群からの頻出ステムパターンのマイニング.

浜田道昭, 津田宏治, 工藤拓, 金大真, 浅井潔

2006/11/1

3. 東北大学理学部数学科 情報学セミナー

非整列 RNA 配列群からの頻出ステムパターンのマイニング.

浜田道昭, 津田宏治, 工藤拓, 金大真, 浅井潔

2006/12/1

4. The 17th International Conference on Genome Informatics (GIW2006)

RNAmine: Frequent Stem Pattern Miner from RNAs.

Michiaki Hamada, Koji Tsuda, Taku Kudo, Taishin Kin and Kiyoshi Asai

2006/12/18-20

5. The 17th International Conference on Genome Informatics(GIW2006)

fRNAdb: A Platform for Mining/Annotating Functional RNA Candidates from Non-Coding RNA Sequences.

Taishin Kin, Kouichirou Yamada, Goro Terai, Hiroaki Okida, Yasuhiko

Yoshinari, Yukiteru Ono, Aya Kojima, Takashi Komori, Kiyoshi Asai

2006/12/21

6. 1st International Conference on Bioinformatics Research and Development

Stem Kernels for RNA Sequence Analyses.

榊原康文, 佐藤健吾

2007/3/12

7. 新しい RNA/RNP を見つける会 in お台場

RNA 配列群からの頻出ステムパターンの抽出.

浜田道昭

2006

<平成19年度>

1. 15th Annual International Conference on Intelligent Systems for Molecular Biology (ISMB) & 6th European Conference on Computational Biology (ECCB) Mining Local Secondary Structure Motifs from Unaligned RNA Sequences Using Graph Mining Techniques.

M.Hamada, K.Tsuda, T.Kudo, T.Kin, and K. Asai

2007/7/23

2. 15th Annual International Conference on Intelligent Systems for Molecular Biology (ISMB) & 6th European Conference on Computational Biology (ECCB) Profile-Profile Stem Kernels for Structural RNA Analysis.

K. Sato, K. Asai, and Y. Sakakibara  
2007/7/22-25

3. 15th Annual International Conference on Intelligent Systems for Molecular Biology (ISMB) & 6th European Conference on Computational Biology (ECCB)  
fRNAdb: a platform for mining/annotating functional RNA candidates from non-coding RNA sequences.  
T. Kin, K. Yamada, G.Terai, H.Okida, Y.Yoshinari, Y. Ono, A.Kojima, T.Komori, and K. Asai  
2007/7/22
4. 第6回新しいRNA/RNPを見つける会  
RNA配列群に現れる局所安定2次構造の大規模類似性探索.  
浜田道昭、金大真、浅井潔  
2007/9/6
5. 第6回新しいRNA/RNPを見つける会  
比較ゲノム解析システムMurasaki の開発と機能性RNA 探索への応用.  
榊原康文  
2007/9/6
6. 第6回新しいRNA/RNPを見つける会  
HMMを用いたmiRNA予測手法の開発.  
寺井悟朗、小森隆、小嶋亜矢、浅井潔、金大真  
2007/9/5-6
7. The 2007 Annual Conference of Japanese Society for Bioinformatics (JSBi2007)  
Large-Scale Similarity Search for Locally Stable Secondary Structures among RNA Sequences.  
M.Hamada, T. Kin, and K. Asai  
2007/12/17
8. The 2007 Annual Conference of Japanese Society for Bioinformatics (JSBi2007)  
A pipeline for detecting human structured ncRNAs based on intra-genomic comparison.  
G.Terai, A.Kojima, K. Asai, and T. Kin  
2007/12/17-19
9. The 2007 Annual Conference of Japanese Society for Bioinformatics (JSBi 2007)  
Profile-Profile Stem Kernels for Structural RNA Analysis.  
K. Sato, K. Asai, and Y. Sakakibara  
2007/12/17-19
10. The Annual Meeting of Computational Biology Research Center (CBRC2007)  
RNA配列群に現れる局所安定2次構造の大規模類似性探索.  
浜田道昭、金大真、浅井潔  
2007/12/19
11. The Annual Meeting of Computational Biology Research Center (CBRC2007)  
機能性RNAデータベース.  
金大真、寺井悟朗、沖田弘明、小嶋亜耶、小森隆、吉成泰彦、小野幸輝、山田浩一郎、服部恵美、浅井潔

2007/12/19-20

12. The Annual Meeting of Computational Biology Research Center (CBRC2007)  
A pipeline for detecting human structured ncRNAs based on intra-genomic comparison.

寺井悟朗、小嶋重矢、浅井潔、金大真  
2007/12/19-20

13. 第57回 生命情報科学研究セミナー(CBRC)

隠れマルコフモデルを用いた高精度microRNA発見システム(miRRim)の開発  
寺井 悟朗  
2007/11/15

<平成20年度>

1. 東北大学理学キャリアパス講座

正確な塩基対推定のための RNA2 次構造予測  
浜田道昭  
2009/2

2. 第 31 回日本分子生物学会(BMB2008)

期待精度を最大化する RNA 情報解析手法の開発  
浜田道昭、木立尚孝、佐藤健吾、光山統泰、浅井潔  
2008/12/10

3. CBRC2008

期待精度を最大化する RNA の 2 次構造予測手法  
浜田道昭、木立尚孝、佐藤健吾、光山統泰、浅井潔  
2008/11/7

4. 第 26 回生命情報科学研究セミナー(CBRC)

バイオインフォマティクスにおける優れた推定量の設計方法  
浜田道昭  
2008/9/26

5. 第38回 生命情報科学研究セミナー(CBRC)

Finding non-protein-coding transcripts based on 5'-inversion event.  
寺井 悟朗  
2008/10/24

6. 第7回新しいRNA/RNPを見つける会

ヒトゲノムの二次構造的 アクセシビリティについて.  
木立尚孝、光山統泰、浅井 潔  
2008/9/8-9

7. 第31回日本分子生物学会・第81回日本生化学会合同大会 (BMB2008)  
RNAのアクセシビリティ計算ツールRaccess を用いた、microRNAターゲット領域の配列解析.  
木立尚孝、光山統泰、浅井 潔  
2008/12/9-12
8. 第31回日本分子生物学会, 第81回日本生化学会合同大会 (BMB2008)  
期待精度を最大化するRNA情報解析手法の開発.  
浜田道昭、木立尚孝、佐藤健吾、光山統泰、浅井 潔  
2008/12/10
9. 第26回生命情報科学研究セミナー (CBRC)  
期待精度を最大化するRNAの2次構造予測手法.  
浜田道昭、木立尚孝、佐藤健吾、光山統泰、浅井 潔  
2008/11/7
10. 第26回生命情報科学研究セミナー (CBRC)  
バイオインフォマティクスにおける優れた推定量の設計方法  
浜田道昭  
2008/9/26
11. 第7回新しいRNA/RNPを見つける会  
期待精度を最大化するRNA情報解析手法の開発.  
浜田道昭、木立尚孝、佐藤健吾、光山統泰、浅井 潔  
2008/9/6
12. 16th Annual International Conference on Intelligent Systems for Molecular Biology (ISMB 2008)  
A non-Parametric Bayesian Approach for Predicting RNA Secondary Structures.  
K. Sato, M. Hamada, T. Mituyama, K. Asai, and Y. Sakakibara  
2008/7/19-23
13. The 2008 Annual Conference of Japanese Society for Bioinformatics (JSBi 2008)  
Detection of Secondary-Structure Conserved Regions by Genome Comparison.  
Y. Saito, K. Sato, and Y. Sakakibara  
2008/12/15-16
14. The 2008 Annual Conference of Japanese Society for Bioinformatics (JSBi 2008)  
A Non-Parametric Bayesian Approach for Predicting RNA Secondary Structures.  
K. Sato, M. Hamada, T. Mituyama, K. Asai, and Y. Sakakibara  
2008/12/15-16
15. 第7回新しいRNA/RNPを見つける会  
比較ゲノムによる機能性RNAコード領域の発見手法の開発.  
斎藤 裕、佐藤健吾、榊原康文  
2008/9/8
16. 第7回新しいRNA/RNPを見つける会  
哺乳類ゲノムのsnoRNAコード領域の網羅的探索  
八谷剛史、剣持直哉、榊原康文  
2008/9/8

17. 第7回新しいRNA/RNPを見つける会  
カーネル法による機能性RNA遺伝子の探索.  
佐藤健吾  
2008/9/8
18. 第31回日本分子生物学会・第81回日本生化学会合同大会(BMB2008)  
Genome-wide searching with base-pairing kernel functions for non-coding RNAs:  
computational and expression analysis of snoRNA families in *Caenorhabditis elegans*.  
森田研介、佐藤健吾、齋藤 裕、岡浩太郎、堀田耕司、榊原康文  
2008/12/9-12
19. 第26回生命情報科学研究セミナー(CBRC)  
L1-レトロポゾン検出手法の開発.  
寺井悟朗、吉澤亜耶、浅井 潔、光山統泰  
2008/11/6-7
20. 第7回新しいRNA/RNPを見つける会  
偽遺伝子の特徴を利用したncRNA発見.  
寺井悟朗、吉澤亜耶、浅井 潔、光山統泰  
2008/9/8-9
21. 第31回日本分子生物学会・第81回日本生化学会合同大会(BMB2008)  
新規RNA遺伝子発見を支援する機能性RNAデータベース.  
光山統泰、山田浩一郎、服部恵美、沖田弘明、小野幸輝、寺井悟朗、小嶋亜耶、浅井 潔  
2008/12/10
22. 2008年度 生命情報工学研究センター シンポジウム(CBRC2008)  
新規RNA遺伝子発見を支援する機能性RNAデータベース.  
光山統泰、山田浩一郎、服部恵美、沖田弘明、小野幸輝、寺井悟朗、小嶋亜耶、浅井 潔  
2008/11/7
23. 第7回新しいRNA/RNPを見つける会  
新規ncRNA発見を支援する機能性RNAデータベースの利用法.  
光山統泰  
2008/9/8
24. 第10回日本RNA学会年会・RNA2008  
新規RNA遺伝子発見を支援する機能性RNAデータベース.  
光山統泰、山田浩一郎、服部恵美、沖田弘明、小野幸輝、寺井悟朗、小嶋亜耶、浅井 潔  
2008/7/23-25
25. 第7回国際バイオEXPO バイオアカデミックフォーラム  
機能性RNAデータベースを活用したsmall RNAアノテーション技法.  
光山統泰  
2008/7/3



<平成21年度>

1. 第 32 回日本分子生物学会

CentroidFold: Predictions of RNA Secondary Structure for Estimating Accurate Base-pairs.

Michiaki Hamada, Kengo Sato, Hisanori Kiryu, Toutai Mituyama and Kiyoshi Asai 2009/12/9

2. 第 32 回日本分子生物学会

CentroidHomfold: Prediction of RNA secondary structure by combining homologous sequence information.

Michiaki Hamada, Kengo Sato, Hisanori Kiryu, Toutai Mituyama and Kiyoshi Asai  
2009/12/9

3. CBRC 2009

CentroidHomfold: 相同配列群の情報を利用した RNA の 2 次構造予測  
浜田道昭  
2009/12/04

4. 生命情報科学研究セミナー

CentroidHomfold: 相同配列群の情報を利用した RNA の 2 次構造予測  
浜田道昭  
2009/11/06

5. 第 21 回 T-PRIMAL セミナー

期待精度最大化推定とバイオインフォマティクス  
浜田道昭  
2009/09/30

6. 第 8 回新しい RNA/RNP を見つける会

Centroid シリーズ: RNA の 2 次構造予測 / アラインメントのためのツール群.  
浜田道昭  
2009/09

7. The 9th Workshop on Algorithms in Bioinformatics (WABI 2009)

CentroidFold: Predictions of RNA Secondary Structure for Estimating Accurate Base-pairs.

Michiaki Hamada, Kengo Sato, Hisanori Kiryu, Toutai Mituyama and

Kiyoshi Asai

2009

8. 第11回 RNA ミーティング

CentroidFold: RNA 二次構造予測ウェブサーバー

佐藤健吾、浜田道昭、浅井潔、光山統泰

2009/7

9. The 17th Annual International Conference on Intelligent Systems for  
Molecular Biology and 7th Annual European Conference on Computational  
Biology (ISMB/ECCB 2009)

Predictions of RNA secondary structure by combining homologous  
sequence information.

Michiaki Hamada, Kengo Sato, Hisanori Kiryu, Toutai Mituyama and  
Kiyoshi Asai

2009

10. The 17th Annual International Conference on Intelligent Systems for  
Molecular Biology and 7th Annual European Conference on Computational  
Biology (ISMB/ECCB 2009).

CentroidFold: Predictions of RNA Secondary Structure for Estimating  
Accurate Base-pairs.

Michiaki Hamada, Kengo Sato, Hisanori Kiryu, Toutai Mituyama and  
Kiyoshi Asai

2009

11. 第1回生命情報科学若手の会

正確な塩基対推定のための RNA の 2 次構造予測～"分布"を考えることの重要性～.

浜田道昭

2009/04/26

12. 5th International Tunicate Meeting

Genome-wide detections of non-coding RNAs on *Ciona intestinalis* genome:  
from in silico search of snoRNA to full-length sequencing and expression  
analysis.

Kawarama, J., Hase, S., Hachiya, T., Hotta, K., Sakakibara, Y.

2009/6/22

13. 第 8 回新しい RNA/RNP を見つける会  
ホヤゲノムにおける機能性 RNA の探索と解析  
瓦間淳子、長谷純崇、八谷剛史、堀田耕司、榊原康文  
2009/9/7
14. 第 8 回新しい RNA/RNP を見つける会  
ゲノムアライメントからの機能性 RNA の探索  
齋藤裕、榊原康文  
2009/9/7
15. 第 8 回新しい RNA/RNP を見つける会  
Centroid 推定を用いた SCI の改良  
岡田陽平、佐藤健吾、榊原康文  
2009/9/7
16. 2009 年度 生命情報工学研究センター シンポジウム(CBRC2009)  
偽遺伝子の特徴を利用した遺伝子発見.  
寺井 悟朗、沖田 弘明、吉澤 亜耶、浅井 潔、光山 統泰  
2009/12/3
17. 第 8 回新しい RNA/RNP を見つける会  
偽遺伝子の特徴を利用した ncRNA 発見.  
寺井 悟朗、沖田 弘明、吉澤 亜耶、光山 統泰、浅井 潔  
2009/9/8
18. 第 38 回 生命情報科学研究セミナー(CBRC)  
Discovery of short pseudogenes derived from messenger RNAs.  
寺井 悟朗  
2009/11/13

## 研究開発項目②

### 機能性RNA解析のための支援技術・ツールの開発

<平成17年度>

1. 第7回日本 RNA 学会年会  
往復循環クロマトグラフィー法による機能性 RNA の全自動単離精製.  
宮内健常、大原智也、鈴木 勉  
2005/8/9
2. 第7回日本 RNA 学会年会  
A1555G mutation in the human 12S rRNA associated with the aminoglycoside induced and non-syndromic deafness causes the mitochondrial translation disorder .  
Narumi Shigi, Jun-Ichi Hayashi, Takuya Ueda, Tsutomu Suzuki  
2005/8/9
3. 第7回日本 RNA 学会年会  
The A site finger (H38) in the 23S rRNA works as a negative regulator of translocation.  
Taeko Komoda, Neuza Satomi Sato, Steven S. Phelps, Simpson Joceph, Tsutomu Suzuki  
2005/8/9
4. 第7回日本 RNA 学会年会  
ヒト・マウス mRNA/non-coding RNA における新規 RNA エディティング部位の網羅的探索.  
櫻井雅之、矢野孝紀、鈴木 勉  
2005/8/9
5. 第7回日本 RNA 学会年会  
The conserved sequence of helix 69 in the E. coli 23S rRNA is involved in the subunit association, A site tRNA binding and translational fidelity.  
Naomi Hirabayashi, Neuza Satomi Sato and Tsutomu Suzuki  
2005/8/9
6. 第7回日本 RNA 学会年会  
機能性 RNA の質量分析による同定法 (RNA マスフィンガープリント法) の開発.  
川村泰龍、宮内健常、尾崎順子、鈴木 勉  
2005/8/9

7. 第7回日本 RNA 学会年会  
Systematic deletion of rRNAs for investigating basic principle of ribosome function and architectural evolution of ribonucleoprotein.  
Kei Kitahara, Neuza S. Sato and Tsutomu Suzuki  
2005/8/9
8. 第7回日本 RNA 学会年会  
系統的挿入変異を用いたリボソーム RNA の分子進化と機能解析.  
横山武司、北原圭、鈴木勉  
2005/8/9
9. 若手研究部会  
感染の成立と宿主応答の分子基盤、ライシジン合成酵素を標的とした抗生物質の開発をめざして.  
鈴木 勉  
2005/10/7
10. 日本生化学会  
Novel approach for structural analysis of protein complexes using the isotope-tagging mass spectrometric footprinting.  
Yuriko Sakaguchi, Hitoshi Aoki, Yusuke Nozaki, Tsutomu Suzuki  
2005/10/22
11. 日本生化学会  
「機能性 RNA の新展開」、Molecular pathogenesis of human mitochondrial diseases caused by tRNA wobble modification deficiency.  
Yohei Kirino, Yu-ichi Goto, Yolanda Campos, Joaquin Arenas, Robert W. Taylor and Tsutomu Suzuki  
2005/10/22
12. Finland-Japan mitochondria meeting  
Molecular pathogenesis of human diseases associated with tRNA wobble modification disorder.  
Tsutomu Suzuki  
2005/11/28
13. Helsinki University seminar  
Molecular pathogenesis of human diseases associated with tRNA wobble modification disorder.

Tsutomu Suzuki

2005/11/29

14. 21st International tRNA Workshop

Identification and characterization of four new genes responsible for biosynthesis of wybutosine, a hyper-modified nucleoside in eukaryotic phenylalanine tRNA.

Akiko Noma, Yohei Kirino, Yoshiho Ikeuchi and Tsutomu Suzuki

2005/12

15. 21st International tRNA Workshop

Mechanistic insights into sulfur-relay by novel sulfur mediators involved in thiouridine biosynthesis at tRNA wobble positions.

Yoshiho Ikeuchi, Naoki Shigi, Jun-ichi Kato, Akiko Nishimura and Tsutomu Suzuki, 2005/12

16. 21st International tRNA Workshop

Molecular pathogenesis of human mitochondrial diseases caused by tRNA wobble modification deficiency .

Yohei Kirino, Yu-ichi Goto, Yolanda Campos, Joaquin Arenas, Robert W. Taylor and Tsutomu Suzuki

2005/12

17. 21st International tRNA Workshop

Automatic parallel purification of tRNAs and non-coding RNAs by the reciprocal circulating chromatography method.

Kenjyo Miyauchi, Tomoya Ohara and Tsutomu Suzuki

2005/12

18. 21st International tRNA Workshop

Molecular mechanism of lysidine synthesis that determines tRNA identity and codon recognition.

Yoshiho Ikeuchi, Akiko Soma, Yasuhiko Sekine and Tsutomu Suzuki

2005/12

19. 日本分子生物学会

アミノアシル tRNA 合成酵素による tRNA の反応速度論的識別機構.

長尾翌手可、サリンチムナロン、鈴木健夫、鈴木 勉

2005/12

20. 日本分子生物学会

マスマスペクトロメトリーを用いた miRNA の解析.

折戸智美、桐野陽平、蔵田真也、加藤敬行、鈴木健夫、坂口裕理子、鈴木 勉

2005/12

21. 日本分子生物学会

往復循環クロマトグラフィーによる multi-ChIP 法の開発 Multi-ChIP method using the reciprocal circulating chromatography.

大平高之、宮内健常、鈴木 勉

2005/12

22. 京都大学 COE ケミカルバイオロジーミニシンポジウム一味違う化学と生命現象の接点を目指して

リボヌクレオーム解析を用いた RNA 修飾遺伝子の網羅的解析.

鈴木 勉

2006/3/16

<平成18年度>

1. 第6回日本蛋白質科学会年会

リボヌクレオーム解析を用いた酵母 RNA 修飾遺伝子の網羅的探索.

野間章子、鈴木 勉

2006/4/24-26

2. IUBMB 国際学会シンポジウム

Mechanistic Insights into Sulfur-Relay by Novel Sulfur Mediators Involved in Thiouridine Biosynthesis at tRNA Wobble Positions.

Yoshiho Ikeuchi, Naoki Shigi, Jun-ichi Kato, Akiko Nishimura, Tsutomu Suzuki

2006/6/18-23

3. IUBMB 国際学会シンポジウム

Insight into the first tRNA cytidine acetyl-transferase, TmcA Sarin Chimnaronk.

Tetsuhiro Manita, Min Yao, Yoshiho Ikeuchi, Tsutomu Suzuki, Isao Tanaka

2006/6/18-23

4. IUBMB 国際学会シンポジウム  
Structural analysis of Protein complexes using the isotope-tagging mass spectrometric footprinting.  
Yuriko Sakaguchi, Yusuke Nozaki and Tsutomu Suzuki  
2006/6/18-23
5. RNA 2006:11th Annual Meeting of the RNA Society  
Mechanistic insights into biogenesis of RNA modifications by multiple protein components.  
Yoshiho Ikeuchi, Akiko Noma, Kenjyo Miyauchi, Takeo Suzuki, Yuriko Sakaguchi and Tsutomu Suzuki  
2006/6/20-25
6. RNA 2006:11th Annual Meeting of the RNA Society  
Stepwise dicing: human Dicer initially cleaves the strand bearing 3'-overhang and subsequently cuts another strand.  
Shinya Kurata, Takayuki Katoh, Naoki Goshima, Nobuo Nomura and Tsutomu Suzuki  
2006/6/20-25
7. 第 8 回日本 RNA 学会年会  
ヒト mRNA 3'UTR における A to I RNA エディティングの機能解析.  
矢野孝紀、櫻井雅之、鈴木 勉  
2006/7/18-20
8. 第 8 回日本 RNA 学会年会  
精密質量分析計を用いた高感度 RNA 解析法の構築.  
鈴木健夫、坂口裕里子、上田宏生、宮内健常、鈴木 勉  
2006/7/18-20
9. 第 8 回日本 RNA 学会年会  
RNA 修飾に関わる硫黄リレーシステムの発見と反応機構の解析.  
池内与志穂、沼田倫征、深井周也、嶋 直樹、加藤潤一、西村昭子、濡木 理、鈴木 勉  
2006/7/18-20
10. 第 3 回 21 世紀大腸菌研究会  
大腸菌 tRNA ウォブル位修飾ウリジンの側鎖構造炭素源の決定.



鈴木健夫, 鈴木 勉

2006/10/3

11. AARS2006

Snapshots of tRNA sulfuration via an adenylated intermediate.

Tomoyuki Numata, Yoshiho Ikeuchi, Shuya Fukai, Tsutomu Suzuki, and  
Osamu

Nureki

2006/10/1-8

12. AARS2006

Insight into the first tRNA cytidine acetyl-transferase.

Sarin Chimnaronk, Tetsuhiro Manita, Min Yao, Yoshiho Ikeuchi, Tsutomu  
Suzuki, Isao Tanaka

2006/10/1-8

13. 電気泳動学会シンポジウム

RNA 修飾の世界.

鈴木 勉

2006/10/27

14. 第 17 回フォーラム・イン・ドージン「生命活動を支える RNA プログラム」

RNA 修飾の多彩な機能と生命現象.

鈴木 勉

2006/11/17

15. 第 33 回核酸化学シンポジウム

Ribonucleome analysis identified enzyme genes responsible for wybutosine  
synthesis.

Akiko Noma and Tsutomu Suzuki

2006/11/20-22

16. RNA 2006 Izu “Functional RNAs and Regulatory Machinery ”

Three-nucleotides periodicity in RNAi: specific residues at every third position  
of siRNA shape its efficient activity.

Takayuki Katoh and Tsutomu Suzuki

2006/12/3-7

17. RNA 2006 Izu “Functional RNAs and Regulatory Machinery”  
Automated parallel isolation of multiple species of non-coding RNAs by the  
“Reciprocal Circulating Chromatography (RCC)” method.  
Tomoya hara, Kenjyo Miyauchi, Takeo Suzuki, Yuriko Sakaguchi and  
Tsutomu Suzuki  
2006/12/3-7
18. 日本分子生物学会 2006 フォーラム  
RNA のチオ化修飾の動的メカニズムの構造的基盤.  
沼田倫征、池内与志穂、深井周也、鈴木 勉、濡木 理  
2006/12/6-8
19. 東大 21COE-ソウル大 BK21 合同セミナー  
Ribonucleome analysis identified enzyme genes responsible for wybutosine  
synthesis.  
Akiko Noma, Tsutomu Suzuki  
2006/12/11-12/12
20. 武田薬品工業(株)つくば研究所セミナー  
RNA マススペクトロメトリーの開発.  
鈴木 勉  
2006/12/22
21. Gordon Research Conference, RNA editing  
Characterization and tissue specificity of A-to-I RNA editing found in 3'UTR of  
human mRNAs.  
Masayuki Sakurai, Takanori Yano and Tsutomu Suzuki  
2007/1/14 – 1/19
22. Keystone symposia conference: MicroRNAs and siRNAs: Biological Functions  
and Mechanisms  
Three-nucleotides periodicity in RNAi: specific residues at every third position  
of siRNA shape its efficient activity.  
Takayuki Katoh, Tsutomu Suzuki  
2007/1/28 – 2/2
23. 第 44 回生物物理学会年会 / 第 5 回アジア生物物理学シンポジウム合同会議  
A novel method to quantify the nucleic acid by fluorescence correlation

spectroscopy coupled with template directed DNA photoligation.

長尾一生、藤本健造、金城政孝

2006/11/13

24. 33<sup>rd</sup> Symposium on Nucleic Acids Chemistry, 2006

A novel RNA synthetic method with a 2'-*O*-(2-cyanoethoxymethyl) protection group.

Yoshinobu Shiba, Hidetoshi Kitagawa, Yutaka Masutomi, Kouichi Ishiyama, Tadaaki Ohgi, Junichi Yano

2006/11/20

25. 第25回メディシナルケミストリーシンポジウム

2-シアノエトキシメチル保護基を用いた新規な RNA 合成法.

北川英俊、柴 佳伸、石山幸一、大木忠明、矢野純一

2006/11/30

<平成19年度>

1. 化学とバイオの架け橋(東工大セミナー)

機能性RNAのマススペクトロメリー～見過ごされているRNAの質的な情報と高次生命現象へのアプローチ～.

鈴木 勉

2007/4/7

2. お茶の水がん学アカデミア第34回集会

RNA修飾の多彩な機能と生命現象.

鈴木 勉

2007/4/24

3. 細胞生物学会/発生生物学会シンポジウム「Frontiers in RNA Biology」

RNA mass spectrometry reveals qualitative aspects of non-coding RNAs.

T. Suzuki

2007/5/30

4. RNA 2007: 12th Annual Meeting of the RNA Society, Madison, USA

Mass spectrometric Characterization of small non-coding RNAs; identification of 2'-*O*-methylation at the 3'-termini of mouse.

T. Suzuki, T. Ohara, T. Suzuki, H. Ueda, T. Seguchi, K.Miyauchi, and Y. Sakaguchi

2007/6/1

5. Ribosome2007: Form and Function, Cape Cod, USA

Mechanistic and architectural analysis of E.coli ribosomal RNAs using the comprehensive genetic selection.

N. S. Sato, K. Kitahara, T. Yokoyama, N. Hirabayashi, T. Komoda, S.S. Phelps, S. Joseph, R.K. Agrawal, I. Agmon, A. Yonath and T. Suzuki

2007/6/5

6. RNA分子のダイナミズムー生命現象の根幹をなす機能性RNA  
RNA修飾が関与する生命現象へのアプローチ.  
鈴木 勉  
2007/7/28
7. 日本ヒトプロテオーム機構(JHUPO)第5回大会  
RNAマスマスペクトロメトリー.  
鈴木 勉  
2007/7/31
8. Yonsei Univ-Univ of Tokyo Joint Symposium (ソウル)  
Mass spectrometric characterization of small non-coding RNAs.  
T.Suzuki  
2007/7/31
9. 22st International tRNA Workshop (Uppsala, Sweden)  
Genome-wide identification of genes responsible for 2-thiolation of  
5-methoxycarbonylmethyl-2-thiouridine (mcm5s2U) at wobble position of yeast  
tRNAs.  
A. Noma and T. Suzuki  
2007/11/2
10. 22st International tRNA Workshop (Uppsala, Sweden)  
TmcA catalyzes 4-acetylcytidine formation at wobble position of bacterial  
tRNAMet. Y. Ikeuchi, S. Chimnaronk, M. Yao, I. Tanaka and T. Suzuki  
2007/11/3
11. 22st International tRNA Workshop (Uppsala, Sweden)  
Quality control of aminoacyl-tRNAs by kinetic competition of aminoacyl-tRNA  
synthetases and EF-Tu surveillance in mammalian mitochondria.  
A.Nagao, T. Suzuki and T. Suzuki  
2007/11/5
12. BMB2007 (第30回日本分子生物学会年会・第80回日本生化学会大会 合同大会) シンポ  
ジウム: small RNAによる生命機能の多様化戦略  
Small non-coding RNAの直接解析で見えてきたもの.  
鈴木 勉  
2007/12/11
13. 第6回国際バイオフィオーラム  
光ライゲーションを用いたDNA及びRNA操作法の開発.  
藤本健造  
2007/6/21
14. BMB2007 (第30回日本分子生物学会年会・第80回日本生化学会大会 合同大会)  
マイクロアレイ上での酵素反応を用いたmiRNAの高感度かつ簡易検出ツールの開発.村田  
成範、川島高広、松原謙一  
2007/12/13
15. First International Symposium on Nucleic Acids Chemistry  
Chemical Synthesis of a very long RNA oligomer, a 110mer precursor-miRNA

candidate, with 2-cyanoethoxymethyl (CEM) as the 2'-O-protecting group.  
H. Masuda, Y. Shiba, N. Watanabe, K. Takagaki, K. Ishiyama, T. Ohgi, and J. Yano  
2007/11/20

16. First International Symposium on Nucleic Acids Chemistry  
Chemical Synthesis and properties of stereoregulated phosphorothioate RNAs.  
T. Wada, T. Kondo, S. Fujiwara, T. Sato, and N. Oka  
2007/11/22
17. 第3回ナノバイオ国際シンポジウム  
RNAi 医薬開発の現状と期待  
矢野純一  
2007/2/21
18. The 17th International Symposium on Phosphorous Chemistry  
Stereocontrolled synthesis of phosphorothioate DNA and RNA by the  
oxazaphospholidine approach.  
Takeshi Wada  
2007/4
19. 国際バイオ EXPO  
RNAi医薬開発における最近の進歩.  
矢野純一  
2007/5/15
20. US TIDES (ラスベガス)  
Delivery and Synthesis of RNA.  
矢野純一  
2007/5/21
21. BTJプロフェッショナルセミナー  
siRNA創薬の現状と課題.  
矢野純一  
2007/7/4
22. 第2回アジア最先端有機化学国際会議  
NEW STRATEGIES FOR THE SYNTHESIS OF BACKBONE-MODIFIED  
NUCLEIC ACIDS AS INTELLIGENT NANOMATERIALS.  
Takeshi Wada  
2007/9
23. BioJapan 2007 バイオビジネスセッション  
RNAi医薬開発:研究から医薬品へ.  
矢野純一  
2007/9/20
24. CNSI-CNBI Symposium on Nanobiotechnology  
Stereocontrolled synthesis and properties of backbone-modified DNA and RNA.  
Natsuhisa Oka and Takeshi Wada  
2007/10

25. 第5回国際核酸化学シンポジウム(第34回核酸化学シンポジウム)  
Chemical synthesis and properties of stereoregulated phosphorothioate RNAs.  
Takeshi Wada, Tomoaki Kondo, Satoshi Fujiwara, Terutoshi Sato, and  
Natsuhisa Oka  
2007/11
26. 第5回国際核酸化学シンポジウム(第34回核酸化学シンポジウム)  
Nucleoside H-boranophosphonates: synthesis and properties of a new class of  
nucleotide analogs.  
Renpei Higashida, Toshihide Kawanaka, Natsuhisa Oka and Takeshi Wada  
2007/11
27. 第23回Wakoワークショップ  
RNAi医薬への挑戦  
矢野純一  
2007/11/26
28. 第17回アンチセンスシンポジウム  
P-B結合を有する核酸類縁体の化学合成と性質.  
和田 猛、清水 護、川中俊秀、東田廉平、舞鶴幸裕、田村 潔、新谷哲子、岡 夏央  
2007/12
29. 有機合成のニュートレンド2009  
2-シアノエトシキメチル保護基を用いたRNA合成法の開発と長鎖RNA合成への応用.  
上田 稔浩  
2008/2/3
30. 日本化学会第88春季年会  
リン原子の立体を制御したPS/POキメラオリゴヌクレオチドの固相合成  
岡夏央、山本美佳、佐藤輝聰、和田猛  
2008/3

<平成20年度>

1. 56th ASMS Conference on Mass Spectrometry (Denver)  
RNA mass spectrometry: a platform technology for non-coding RNA research.  
Yuriko Sakaguchi, Hiroki Ueda, Takeo Suzuki, Takayuki Katoh, Takeshi  
Seguchi, Kenjyo Miyauchi and Tsutomu Suzuki  
2008/6/1-5
2. RNAフロンティアミーティング2008(招待講演)  
“自分らしい”RNA研究を追い求めてきて  
鈴木 勉  
2008/6/4
3. RNAフロンティアミーティング2008  
マスペクトロメトリーを用いたRNP複合体中に含まれるRNAの直接解析.  
中條岳志、大平高之、上田宏生、鈴木健夫、坂口裕理子、鈴木 勉  
2008/6/4-6
4. RNAフロンティアミーティング2008  
大腸菌RlmKLは23SrRNA中における2種類の異なるメチル化塩基の生合成を触媒する新し

いタイプのRNA修飾酵素である。

木村 聡、池内与志穂、鈴木健夫、北原 圭、坂口裕理子、鈴木 勉  
2008/6/4-6

5. 第35回 BMSコンファレンス(BMS2008)  
MALDI-TOF型質量分析計を用いたmiRNA発現プロファイル  
瀬口武史、宮内健常、坂口裕理子、上田宏生、鈴木 勉  
2008/7/6-9
6. 第10回日本RNA学会年会  
ヒトRNAに含まれるイノシン化部位の網羅的探索と機能解析  
上田宏生、川畑 瞳、岡田俊平、矢野孝紀、櫻井雅之、鈴木 勉  
2008/7/23-25
7. 第10回日本RNA学会年会  
酵母tRNAウォブル位のチオウリジン修飾はユビキチン様の反応機構を経由する。  
野間章子、鈴木 勉  
2008/7/23-25
8. 第10回日本RNA学会年会  
往復循環クロマトグラフィー法によるnon-coding RNAの全自動単離精製。  
宮内健常、坂口裕理子、鈴木健夫、鈴木 勉  
2008/7/23-25
9. 第10回日本RNA学会年会  
マイクロRNA前駆体に見出されたDicing部位を規定する基質モチーフとmiRNAの3'末端形成。  
加藤敬行、坂口裕理子、宮内健常、鈴木健夫、鈴木 勉  
2008/7/23-25
10. 第10回日本RNA学会年会  
大腸菌23S rRNAの円順列変異の取得とリボソーム構築原理の新知見。  
北原 圭、鈴木 勉  
2008/7/23-25
11. 13th annual meeting of the RNA society (RNA2008) (Berlin)  
Mass spectrometric identification of non-coding RNAs in ribonucleoprotein complexes in yeast.  
Takayuki Ohira, Yuki Takeuchi, Yuriko Sakaguchi, Hiroki Ueda, Takeo Suzuki and Tsutomu Suzuki  
2008/7/28-8/3
12. 発生工学・疾患モデル研究会「第70回定例会」  
RNAマスマススペクトロメトリー —機能性RNAの直接解析で見えてきたもの—  
鈴木 勉  
2008/9/10
13. 2008質量分析計 ユーザーズフォーラム(招待講演)  
RNAマスマススペクトロメトリー —機能性RNAの直接解析で見えてきたもの—  
鈴木 勉  
2008/10/22

14. 第6回 日本分子生物学会三菱化学奨励賞 受賞講演(招待講演)  
RNA修飾の生合成と機能に関する研究(Biogenesis and functions of RNA modifications).  
鈴木 勉  
2008/12/10
15. 第31回日本分子生物学会・第81回日本生化学会合同大会(BMB2008)(招待講演)  
RNAマスマスペクトロメリーを用いたRNP複合体の解析—RNA-タンパク質相互作用ネットワークへのアプローチ.  
鈴木 勉  
2008/12/12
16. 第31回日本分子生物学会年会・第81回日本生化学会合同大会(BMB2008)  
出芽酵母におけるRNA-タンパク質複合体の探索, Mass spectrometric approach to RNA-protein interactome in *Saccharomyces cerevisiae*.  
竹内祐樹、大平高之、上田宏生、坂口裕理子、鈴木 勉  
2008/12/9-12
17. 第31回日本分子生物学会年会・第81回日本生化学会合同大会(BMB2008)  
ヒトmRNA 3'非翻訳領域におけるRNA editingの機能解析.  
岡田俊平、櫻井雅之、矢野孝紀、川畑 瞳、上田宏生、鈴木 勉  
2008/12/9-12
18. 第31回日本分子生物学会年会・第81回日本生化学会合同大会(BMB2008)  
ヒト転写産物におけるイノシン化部位の網羅的探索と機能解析.  
櫻井雅之、上田宏生、岡田俊平、光山統泰、矢野孝紀、川畑 瞳、鈴木 勉  
2008/12/9-12
19. 第31回日本分子生物学会年会・第81回日本生化学会合同大会(BMB2008)  
ゼブラフィッシュ初期発生におけるRNA修飾因子の機能阻害とRNA修飾の役割.  
中村魅加子、比嘉三代美、平野菜穂子、鈴木健夫、鈴木 勉、剣持直哉  
2008/12/9-12
20. 第31回日本分子生物学会年会・第81回日本生化学会合同大会(BMB2008)  
真正細菌*Aquifex aeolicus*由来Trim1[tRNA (m22G) methyltransferase]の構造と基質認識メカニズム.  
粟井貴子、Ihsanawati Is、木村聡、富川千恵、越智杏奈、横川隆志、鈴木 勉、別所 義隆、横山茂之、堀 弘幸  
2008/12/9-12
21. 第31回日本分子生物学会年会・第81回日本生化学会合同大会(BMB2008)  
メタン生成古細菌*Methanosarcina acetivorans* tRNA<sup>Glu</sup>、tRNA<sup>Gln</sup>の転写後修飾はグルタミン酸受容に重要である.  
小野広雅、大熊玲子、横川隆志、大野 敏、大平高之、鈴木 勉、西川一八  
2008/12/9-12
22. 第31回日本分子生物学会年会・第81回日本生化学会合同大会(BMB2008)  
tRNA(Phe)<sub>37</sub>位に存在する修飾塩基ワイプトシンの合成に関わる酵素TYW4のX線結晶構造解析.  
鈴木陽子、野間章子、鈴木 勉、石谷隆一郎、濡木 理  
2008/12/9-12



23. Gordon Research Conference for RNA editing (Galveston)  
Large scale identification of A-to-I editing sites in the human brain transcriptome by the ICE method; implication for modulatory effect of A-to-I editing on translational repression mediated by miRNAs.  
Masayuki Sakurai, Takanori Yano, Shunpei Okada, Hitomi Kawabata, Totai Mitsuyama, Hiroki Ueda and Tsutomu Suzuki  
2009/1/12-16
24. Univ of Todai/Yonsei Univ GCOE Joint Symposium "Chemistry Innovation"  
A novel methyltransferase bearing dual active sites responsible for two species of methyl-modifications in *Escherichia coli* 23S rRNA.  
Satoshi Kimura, Yoshiho Ikeuchi, Kei Kitahara, Yuriko Sakaguchi, Takeo Suzuki and Tsutomu Suzuki  
2009/1/19
25. Univ of Todai/Yonsei Univ GCOE Joint Symposium "Chemistry Innovation"  
Exploration of novel human ribonucleoproteins using immunoprecipitation and RNA mass finger printing.  
Takeshi Chujo, Takayuki Ohira, Hiroki Ueda, Takeo Suzuki, Yuriko Sakaguchi and Tsutomu Suzuki  
2009/1/19
26. Univ of Todai/Yonsei Univ GCOE Joint Symposium "Chemistry Innovation"  
Characterization of the RNA methyltransferase responsible for 3-methylcytidine at position 32 in tRNAs from *Saccharomyces cerevisiae*.  
Sanghyun Yi, Akiko Noma and Tsutomu Suzuki  
2009/1/19
27. バイオアカデミックフォーラム  
光をトリガーにしたDNA及びRNA操作法.  
藤本健造  
2008/7/3
28. 日本分子生物学会第8回春季シンポジウム  
酵素を使わずに光を用いて遺伝子进行操作する手法の開発と応用.  
吉村嘉永、尾崎元樹、田屋悠太、松村裕史、藤本健造  
2008/5/25
29. 2008年光化学討論会  
光クロスリンク反応を用いた高感度遺伝子診断法の開発.  
吉村嘉永、大竹智子、松崎智也、藤本健造  
2008/9/11
30. 日本化学会第88回春季年会  
DNA光ライゲーションによるRNA末端ラベリング.  
荻野雅之、藤本健造  
2008/3/27
31. 第18回アンチセンスシンポジウム  
ボラノホスフェートRNAダイマー(ApbA)の化学合成と性質.  
永田征吾、塩谷由輝子、益富 豊、北川英俊、高垣和史、岡 夏央、和田 猛、大木 忠明、

- 矢野純一  
2008/11/17
32. 第31回日本分子生物学会・第81回日本生化学会合同大会 (BMB2008)  
miRNA検出用の新規アレイツール開発と発現解析.  
村田成範、増見恭子、川島高広  
2008/12/11
33. 第9回日本RNA学会  
MALDI-TOF型質量分析計を用いたmiRNA発現プロファイル.  
瀬口武史、宮内健常、坂口裕理子、上田宏生、鈴木 勉  
2007/7/28
34. 第18回アンチセンスシンポジウム  
ボラノホスホネート型核酸類縁体の合成と性質.  
東田廉平、川中俊秀、岡夏央、和田猛  
2008/11/17
35. 第35回日本トキシコロジー学会学術年会  
RNA創薬の現状と課題.  
矢野純一  
2008/6/27
36. 薬理学テクニカルセミナー –RNAiの基礎研究および医薬開発への応用–  
独自のRNA合成技術と医薬品への応用.  
矢野純一  
2008/3/19
37. AsiaTIDES Keynote Presentaiton  
Key Technologies for RNA Drug Discovery: RNA Delivery and Synthesis.  
矢野純一  
2009/2/23
38. 第18回International Roundtable on Nucleosides, Nucleotides, and Nucleic Acidsおよび第  
35回国際核酸化学シンポジウム合同シンポジウム  
Stereocontrolled synthesis of oligonucleoside phosphorothioates and  
PO/PS-chimeric oligonucleotides by using oxazaphospholidine derivatives.  
Natsuhisa Oka, Mika Yamamoto, Terutoshi Sato and Takeshi Wada  
2008/10
39. 第18回International Roundtable on Nucleosides, Nucleotides, and Nucleic Acidsおよび第  
35回国際核酸化学シンポジウム合同シンポジウム  
Stereocontrolled synthesis of backbone-modified oligonucleotides via  
diastereopure H-phosphonate intermediates.  
Naoki Iwamoto, Natsuhisa Oka and Takeshi Wada  
2008/10
40. 日本化学会第89春季年会  
ボラノホスフェートRNAの新規合成法の開発.  
村山隆二・岩本直樹・岡夏央・和田猛  
2009/3

<平成21年度>

1. 第11回日本RNA学会年会・RNA2009  
MALDI-TOF型質量分析計を用いたmiRNA発現プロファイル.  
瀬口武史、宮内健常、上田宏生、加藤敬行、鈴木健夫、坂口裕理子、鈴木 勉  
2009/7/21-29
2. JBICバイオ関連基盤技術研究会・第一回テーマ「核酸医薬(技術)の課題  
製薬企業から見た核酸医薬品の課題と今後:一国内発の核酸医薬品創製に向けて-」  
矢野純一  
2010/2/26
3. Joint Symposium of 5th Annual Meeting of Oligonucleotide Therapeutics Society  
and the 19th Antisense Symposium  
Recent Progress of Stereocontrolled Synthesis of Backbone-modified Nucleic  
Acids.  
Takeshi Wada  
2009/11
4. Asia TIDES 2010  
Stereocontrolled Synthesis and Properties of Backbone-Modified  
Oligonucleotides.  
Takeshi Wada  
2010/2
5. 第32回分子生物学会  
血球系細胞の分化に関するmiRNA発現解析への新規アレイツールの応用  
村田成範、増見恭子、林田真梨子、川島高広  
2009/12/11
6. 第36回生体分子科学討論会  
microRNAの配列選択的選別法の開発.  
吉村嘉永、大竹智子、岡田孟、藤本健造  
2009/6/19-21
7. 第二回ナノバイオ若手ネットワークキングシンポジウム  
光を用いたDNA, RNA操作法の開発と応用.  
藤本健造  
2009/6/23-24
8. 9th International Bio Forum  
Development about photo-triggered DNA and RNA manipulation.  
Kenzo Fujimoto  
2009/7/2
9. 第24回生体機能関連化学シンポジウム/第12回バイオテクノロジー部会シンポジウム  
配列選択的光クロスリンク反応を用いたmicroRNAの選別法の開発.  
吉村嘉永、岡田孟、藤本健造  
2009/9/13-15

10. The Sixth International Symposium on Nucleic Acids Chemistry  
Development of a rapid and reversible photocrosslinking of RNA.  
Yoshinaga Yoshimura, Tomoko Ohtake, Hajime Okada, and Kenzo Fujimoto  
2009/9/27-30
11. 第58回高分子討論会  
光クロスリンク反応を用いたmicroRNAの選別法の開発.  
吉村嘉永、岡田孟、大竹智子、藤本健造  
2009/9/16-18
12. Experimental biology 2009  
Circular permutants of the ribosomes in the cell.  
Kei Kitahara and Tsutomu Suzuki  
2009/4/18
13. 第11回日本RNA学会年会  
出芽酵母tRNA前駆体の細胞質から核への逆行性の輸送が塩基修飾の形成に関わる.  
大平高之、鈴木 勉  
2009/7/27-29
14. 第11回日本RNA学会年会  
RNAドメインの序列的な転写はリボソームの生合成に必須ではない.  
北原圭、鈴木 勉  
2009/7/27-29
15. 第11回日本RNA学会年会  
修飾塩基ワイプトシンの合成に関わる酵素TYW4の結晶構造:炭酸固定とメチル化による  
tRNA修飾の構造基盤.  
鈴木陽子、野間章子、鈴木勉、石谷隆一郎、濡木理  
2009/7/27-29
16. 第11回日本RNA学会年会  
マルチサイト特異性tRNAメチル化酵素のtRNA認識機構.  
粟井貴子、木村聡、富川千恵、越智杏奈、Ihsanawati、別所義隆、横山茂之、横川隆志、  
鈴木勉、堀弘幸  
2009/7/27-29
17. 第11回日本RNA学会年会  
哺乳動物ミトコンドリアGln-tRNA<sup>Gln</sup>生合成.  
長尾翌手可、鈴木健夫、加藤敬行、坂口祐理子、鈴木 勉  
2009/7/27-29
18. 第11回日本RNA学会年会  
イントロン領域におけるA-to-I RNAエディティングの機能解析.  
矢野孝紀、櫻井雅之、上田宏生、岡田俊平、川畑瞳、鈴木 勉  
2009/7/27-29
19. 第11回日本RNA学会年会  
ヒトRM44複合体構成因子の同定と機能解析.  
中條岳志、大平高之、上田宏生、五島直樹、野村信夫、鈴木健夫、坂口裕理子、鈴木  
勉

2009/7/27-29

20. 第11回日本RNA学会年会  
大腸菌RlmKLは23S rRNA中における2種類の異なるメチル化塩基の生合成を触媒する新しいタイプのRNA修飾酵素である。  
Satoshi Kimura, Yoshiho Ikeuchi, Takeo Suzuki, Kei Kitahara, Yuriko Sakaguchi and Tsutomu Suzuki  
2009/7/27-29
21. 第11回日本RNA学会年会  
往復循環クロマトグラフィーを用いた微量RNAの全自動単離精製と修飾解析。  
宮内健常, 坂口裕理子, 鈴木健夫, 鈴木 勉  
2009/7/27-29
22. 第11回日本RNA学会年会  
酵母ミトコンドリアtRNAの一次構造解析と修飾中間体に見られる特徴。  
鈴木健夫, 近藤真一, 野間章子, 坂口裕理子, 宮内健常, 鈴木 勉  
2009/7/27-29
23. 第11回日本RNA学会年会  
A-to-I RNA editingによるmiRNA依存的翻訳制御の調節。  
矢野孝紀, 櫻井雅之, 上田宏生, 岡田俊平, 川畑瞳, 鈴木 勉  
2009/7/27-29
24. 第11回日本RNA学会年会  
ICE法と次世代シーケンサーを組み合わせたヒト成人脳由来RNA中に含まれるイノシン化部位の網羅的探索。  
上田宏生, 櫻井雅之, 川畑瞳, 光山統泰, 矢野孝紀, 岡田俊平, 豊田敦, 藤山秋佐夫, 鈴木 勉  
2009/7/27-29
25. 第11回日本RNA学会年会  
ヒト転写産物におけるRNAエディティング部位探索と機能解析。  
櫻井雅之, 川畑瞳, 矢野孝紀, 岡田俊平, 光山統泰, 豊田敦, 藤山秋佐夫, 上田宏生, 鈴木 勉  
2009/7/27-29
26. 第11回日本RNA学会年会  
マスペクトロメトリーによるmiRNAの直接プロファイリング。  
坂口裕理子, 上田宏生, 宮内健常, 鈴木健夫, 鈴木 勉  
2009/7/27-29
27. 第11回日本RNA学会年会  
RNA修飾酵素の機能解析:ゼブラフィッシュを用いた疾患モデルの作成。  
比嘉三代美, 平野菜穂子, 中島由香里, 鈴木健夫, 鈴木 勉, 剣持直哉  
2009/7/27-29
28. 第11回日本RNA学会年会  
MALDI-TOF型質量分析計を用いたmiRNA発現プロファイル。  
瀬口武史, 宮内健常, 上田宏生, 加藤敬行, 鈴木健夫, 坂口裕理子, 鈴木 勉  
2009/7/27-29

29. 第11回日本RNA学会年会  
出芽酵母におけるRNA-タンパク質複合体の探索.  
竹内祐樹、大平高之、上田宏生、坂口裕理子、鈴木 勉  
2009/7/27-29
30. 第11回日本RNA学会年会  
酵母tRNAにおける3メチルシチジン修飾酵素の機能解析.  
イサンヒョン、野間章子、鈴木健夫、鈴木 勉  
2009/7/27-29
31. KASTセミナー、機能性RNAコース～機能性RNAの歴史と応用展開～  
RNAの直接解析で見えてきたもの～microRNAが有する質的な情報と選択的安定化機構～  
鈴木 勉  
2009/9/16
32. 第82回日本生化学会年会  
高感度質量分析法を用いた哺乳動物ゲノムDNA断片の直接解析と新規DNA修飾の探索.  
北村哲也、鈴木健夫、上田宏生、坂口裕理子、鈴木 勉  
2009/10/21-23
33. 第82回日本生化学会年会  
RNAの直接解析で見えてきたもの.  
鈴木 勉  
2009/10/23
34. 第82回日本生化学会年会  
マスペクトロメトリーによるmiRNAの直接プロファイリングとmiRNAの特異的安定化機構の  
発見.  
坂口裕理子、加藤敬行、上田宏生、宮内健常、柏原真一、馬場忠、姜 秉一、栗原靖之、  
鈴木健夫、鈴木 勉  
2009/10/21-24
35. 第82回日本生化学会年会  
リボソーム生合成過程におけるRNA修飾の機能解析.  
荒井大河、北原圭、木村聡、鈴木健夫、鈴木勉  
2009/10/21-24
36. 国際核酸化学シンポジウム  
Precise analysis of modification status at various stage of tRNA maturation in  
*Saccharomyces cerevisiae*.  
Takayuki Ohira, Kenjyo Miyauchi, Yuriko Sakaguchi, Takeo Suzuki, Tsutomu  
Suzuki  
2009/9/27-10/1
37. Joint Symposium of the 5th Annual Meeting of OTS and The 19th Antisense  
Symposium  
Direct analysis of small non-coding RNAs by mass spectrometry.  
Tsutomu Suzuki  
2009/11/6

38. 第32回日本分子生物学会年会  
Direct profiling of microRNAs by capillary LC/nano ESI mass spectrometry.  
Byeong-Il Kang, Yuriko Sakaguchi, Hiroki Ueda, Kenjyo Miyauchi, Yasuyuki Kurihara, and Tsutomu Suzuki  
2009/12/9-12
39. 第32回日本分子生物学会年会  
マスマスペクトロメトリーにより決定された大腸菌tRNA全48種の化学構造. A landscape of tRNA modifications: complete chemical structures of total 48 species of *Escherichia coli* tRNAs determined by mass spectrometry.  
Kenjyo Miyauchi, Yuriko Sakaguchi, Takeo Suzuki and Tsutomu Suzuki  
2009/12/9-12
40. 第32回日本分子生物学会年会  
Exploratory search and functional analysis of A-to-I RNA editing in non-coding RNA.  
Hideki Terajima, Masayuki Sakurai, Takanori Yano, Shumpei Okada, Hitomi Kawabata, Toutai Mitsuyama, Atsushi Toyoda, Asao Fujiyama, Hiroki Ueda and Tsutomu Suzuki  
2009/12/9-12
41. 第32回日本分子生物学会年会  
A novel methyltransferase bearing dual active sites responsible for two species of methyl-modifications in *Escherichia coli* 23S rRNA.  
Satoshi Kimura, Yoshiho Ikeuchi, Takeo Suzuki, Kei Kitahara, Yuriko Sakaguchi and Tsutomu Suzuki  
2009/12/9-12
42. 第32回日本分子生物学会年会  
A landscape of A-to-I RNA editing in human transcriptome: a hidden layer of gene expression produced by qualitative information embedded in RNA molecules.  
Tsutomu Suzuki, Hiroki Ueda, Takanori Yano, Shunpei Okada, Hideki Terajima, Totai Mitsuyama, Atsushi Toyoda, Asao Fujiyama, Hitomi Kawabata and Masayuki Sakurai  
2009/12/9-12
43. 第32回日本分子生物学会年会  
Mechanistic characterization of the selective stabilization of miR-122 mediated by 3'-terminal adenylation by GLD-2.  
Hiroaki Hojo, Takayuki Katoh and Tsutomu Suzuki  
2009/12/9-12
44. 第32回日本分子生物学会年会  
Requirements for in vitro formation of 5-carboxymethylaminomethyluridine at the wobble position in *Escherichia coli* tRNAs.  
Takeo Suzuki, Tomoyuki Numata, Takuo Osawa and Tsutomu Suzuki  
2009/12/9-12
45. 第32回日本分子生物学会年会  
Analysis of ribosomal RNA modification using snoRNA knockdown system.  
Sayomi Higa, Takeo Suzuki, Yukari Nakajima, Naoko Hirano, Tamayo Uechi, Tsutomu Suzuki and Naoya Kenmochi

2009/12/9-12

46. 第32回日本分子生物学会年会  
The acetylation of 18S rRNA is an essential modification to synthesize the small subunit of eukaryotic ribosome.  
Satoshi Ito, Yu Akamatsu, Akiko Noma, Satoshi Kimura, Yoshiho Ikeuchi, Yoshikazu Tanaka, Kenjyo Miyauchi, Isao Tanaka, Takeo Suzuki and Tsutomu Suzuki  
2009/12/10
47. Univ of Todai/Yonsei Univ GCOE Joint Symposium "Chemistry Innovation"  
Functional Analysis of A-to-I Editing in the Intronic Regions of Human mRNAs.  
Takanori Yano, Masayuki Sakurai, Hiroki Ueda, Shumpei Okada, Hitomi Kawabata and Tsutomu Suzuki  
2010/1/19
48. Univ of Todai/Yonsei Univ GCOE Joint Symposium "Chemistry Innovation"  
Characterization of novel ribonucleoprotein complex found in human mitochondria.  
Takeshi Chujo, Takayuki Ohira, Hiroki Ueda, Takeo Suzuki, Yuriko Sakaguchi and Tsutomu Suzuki  
2010/1/19
49. Univ of Todai/Yonsei Univ GCOE Joint Symposium "Chemistry Innovation"  
Exploration and Characterization of the Genes Responsible for Biosynthesis of Ribosomal RNA Modification.  
Satoshi Kimura, Yoshiho Ikeuchi, Kei Kitahara, Yuriko Sakaguchi, Takeo Suzuki and Tsutomu Suzuki  
2010/1/19
50. The 23rd tRNA workshop  
Biogenesis of Gln-mt tRNA<sup>Gln</sup> in human mitochondria.  
Asuteka Nagao, Takeo Suzuki, Takayuki Katoh, Yuriko Sakaguchi and Tsutomu Suzuki  
2010/1/28-2/2
51. The 23rd tRNA workshop  
Novel wobble modification in tRNA<sup>Ile</sup> responsible for decoding AUA codon in archaeal species; convergent evolution of the decoding system across domains of life.  
Satoshi Kimura, Yoshiho Ikeuchi, Tomoyuki Numata, Daigo Nakamura, Takashi Yokogawa, Kazuya Nishikawa, Takeshi Wada, Takeo Suzuki and Tsutomu Suzuki  
2010/1/28-2/2
52. The 23rd tRNA workshop  
A landscape of tRNA modifications: complete chemical structures of total 48 species of *Escherichia coli* tRNAs determined by mass spectrometry.  
Kenjyo Miyauchi, Yuriko Sakaguchi, Takeo Suzuki and Tsutomu Suzuki  
2010/1/28-2/2
53. The 23rd tRNA workshop  
Requirements for in vitro formation of 5-carboxymethylaminomethyluridine at the wobble position in *Escherichia coli* tRNAs.



Takeo Suzuki, Tomoyuki Numata, Takuo Osawa and Tsutomu Suzuki  
2010/1/28-2/2

54. The 23rd tRNA workshop

Tertiary network in mammalian mitochondrial tRNA revealed by solution  
probing and phylogeny.

Marie Messmer, Joern Putz, Takeo Suzuki, Tsutomu Suzuki, Claude Sauter,  
Marie Sissler and Florentz Catherine

2010/1/28-2/2

55. 臨床応用を目指した最前線セミナー～microRNAを標的とした診断・治療の開発に向けて  
～

RNAの直接解析で見えてきたもの～microRNAが有する質的な情報と選択的安定化機構  
～

鈴木 勉

2010/2/15

### 研究開発項目③

#### 機能性RNAの機能解析

<平成17年度>

1. 第24回メディシナルケミストリーシンポジウム  
ゲノム科学に基づく創薬研究.  
辻本豪三  
2005/11/29
2. 千里ライフサイエンスシンポジウム  
ゲノム機能科学に基づく創薬表的探索.  
辻本豪三  
2006/2/7
3. 第2回公開シンポジウム「免疫難病・感染症等の先進医療技術」  
細胞脱分化の誘導－拒絶反応と倫理的問題の多い多能性幹細胞樹立を目指して.  
山中伸弥  
2005/12/16
4. 公開シンポジウム「RNA 情報網」  
Mechanistic insights into the linkage between pre-mRNA splicing and snoRNP  
biogenesis.  
廣瀬哲郎  
2005/8/8
5. Cold Spring Harbor Lab meeting「Eukaryotic mRNA processing」  
The ATPase-like spliceosomal protein, X160, is a general intron-binding protein that  
recruits factors involved in late stages of splicing and post-splicing events.  
廣瀬哲郎  
2005/8/26
6. 日本生化学会  
機能性 RNA 研究の新展開  
Mechanistic insights into determining the post-splicing fates of the removed intron and  
the ligated exon.  
廣瀬哲郎  
2005/10/22

7. 日本分子生物学会  
ポストスプライシング現象を規定する核内因子 X160 の機能.  
廣瀬哲郎  
2005/12/8
8. 日本分子生物学会年会  
線虫低分子RNAのカタログ化.  
牛田千里  
2005/12/7
9. A-IMBN annual meeting  
miRNA biogenesis in Drosophila.  
塩見美喜子  
2005/10/28
10. 日本分子生物学会年会  
ショウジョウバエにおける RNA silencing.  
塩見美喜子  
2005/12/8
11. 日本分子生物学会年会  
RNAi における Argonaute 蛋白質の Slicer としての機能.  
三好啓太、塩見美喜子  
2005/12/8
12. Keystone Symposia  
RNAi and Related Pathways  
Biochemical characterization of RNAi and miRNA pathways in Drosophila.  
塩見美喜子  
2006/1/28
13. 日本薬理学会年会  
Biochemical characterization of RNAi and miRNA pathways in Drosophila.  
塩見美喜子  
2006/3/8
14. International Symposium on Germ Cells, Epigenetics, Reprogramming and Embryonic Stem Cells, Kyoto  
Genome-wide expression analyses revealed universal existence of natural antisense RNA at imprinted loci in mice.

Kiyosawa, H., Mise, N., Iwase, S. and Abe, K.  
2005/11

15. 第 28 回日本分子生物学会

組織特異的に変化するナチュラル・センス-アンチセンス遺伝子の発現解析.  
清澤秀孔、小林理恵子、三瀬名丹、岩瀬秀、大久保和央、瀬野龍一郎、安部一俊、  
阿部訓也  
2005/12

<平成18年度>

1. 第 43 回今掘フォーラム

Micro RNA の機能と疾患との関連.  
吉田 哲郎  
2006/5/30

2. Keystone Symposia “MicroRNAs and siRNAs: Biological Functions and Mechanisms

Micro RNAs regulate osteoblast differentiation of human mesenchymal stem cells.  
Yoji Yamada, Tatsuya Miyazawa and Tetsuo Yoshida  
2007/1/31

3. A celebration of 25 years of embryonic stem cell research in Cambridge

Expression of microRNAs in ES cells and iPS cells.  
小柳 三千代  
2006/12/18-12/19

4. BBSRC Japan Partnering Award Meeting

Expression of microRNAs in ES cells and iPS cells.  
小柳 三千代  
2006/12/21

5. 11<sup>th</sup> Annual meeting of the RNA society , Seattle USA

Significant role of Intron in EJC assembly in the spliceosomal C1 complex.  
Ideue, T., Nagai, M., Hagiwara, M., Hirose, T.  
2006/6/23

6. 第8回日本 RNA 学会

RNA 品質管理機構の機能抑制によるヒト mRNA 型 non-coding RNA 蓄積への影響.  
廣瀬哲郎、永井美智、渋谷真弓、井手上賢、横井崇秀  
2006/7/19

7. 第8回日本 RNA 学会

イントロン結合タンパク質 IBP160 は EJC の会合に必要である.

井手上賢、永井美智、萩原正敏、廣瀬哲郎

2006/7/20

8. 新しい RNA/RNP を見つける会

mRNA と ncRNA の細胞内挙動の違いについて.

廣瀬哲郎

2006/9/1

9. RNA 2006 Izu

Intron-mediated assembly of exon junction complex in the spliceosomal C1 complex.

Ideue, T., Sasaki, YF, Hagiwara, M., Hirose, T.,

2006/12/5

10. 日本分子生物学会 2006 フォーラムシンポジウム

ヒトの non-coding RNA 様転写物と mRNA との細胞内挙動の違いについて.

廣瀬哲郎、佐々木保典

2006/12/8

11. RNA 特定サテライトミーティング

機能性ノンコーディング遺伝子を探す.

相澤 康則

2006/9/12

12. The LXXI Cold Spring Harbor Sympoium

Expression of *C. elegans* novel ncRNAs Regularoty RNAs.

牛田千里

2006/6/3

13. IUBMB 国際学会シンポジウム

Characterization of Cen21/CeR-2 RNA, small ncRNA localized in *Caenorhabditis elegans* Nucleoli.

保木井悠介、牛田千里

2006/6/19

14. 第8回日本 RNA 学会

*C.elegans* 低分子 RNA CeR-2 RNA の細胞内局在と生合成.

保木井悠介、牛田千里

2006/7/19

15. 新しい RNA/RNP を見つける会

*C. elegans* small RNAs.

牛田千里

2006/9/1

16. 新しい ncRNA/RNP を見つける会

ホールマウント RNA-FISH による線虫低分子 RNA の発現解析.

菅原由起、牛田千里

2006/9/1

17. RNA 特定サテライトミーティング

*C. elegans* 新規 H/ACA 型 RNA の発現解析.

遠藤優子、牛田千里

2006/9/12

18. East Asia Worm Meeting

Spatio temporal distribution patterns of *C. elegans* small ncRNAs.

保木井悠介、牛田千里

2006/11/17

19. RNA2006Izu

*C. elegans* small-RNA catalog.

牛田千里

2006/12/5

20. MBSJ

Biochemical analyses of Drosophila Piwi-subfamily protein functions in germ-line development and in RNA silencing.

Kuniaki Saito, Kazumichi M. Nishida, Tomoko Mori, Yoshinori Kawamura, Keita Miyoshi, Tomoko Nagami, Haruhiko Siomi and Mikiko C. Siomi

2006/5

21. IUBMB国際学会シンポジウム

Distinctive roles of five Drosophila Argonautes in RNA silencing.

Mikiko C. Siomi

2006/6/19

22. IUBMB 国際学会シンポジウム  
Functional analysis of CG31992, a Drosophila homolog of human GW182, in miRNA-mediated RNA silencing pathway.  
Keita Miyoshi, Haruhiko Siomi, Mikiko C. Siomi  
2006/6/19
23. 日本 RNA 学会年会  
ショウジョウバエ生殖幹細胞自己新生因子 PIWI による RNA silencing 機構.  
齋藤都暁、西田知訓、森智子、河村佳紀、永海知子、三好啓太、塩見春彦、  
塩見美喜子  
2006/7/19
24. 第 8 回 日本 RNA 学会年会  
ショウジョウバエ miRNA 機構におけるヒト GW182 ホモログ CG31992 の機能解析.  
三好啓太、塩見春彦、塩見美喜子  
2006/7/19
25. CAS international meeting  
RNA silencing mediated by Piwi, an essential factor for germline stem cell self-renewal in Drosophila.  
Kuniaki Saito, Kazumichi M. Nishida, Tomoko Mori, Yoshinori Kawamura, Keita Miyoshi, Tomoko Nagami, Haruhiko Siomi and Mikiko C. Siomi  
2006/10
26. KSMCB 2006  
Elucidating the connection between Fragile X Syndrome and RNA silencing using Drosophila as a model.  
Mikiko C. Siomi  
2006/10/12
27. RNA 2006 IZU  
RNA silencing mediated by Piwi subfamily proteins and rasiRNAs in Drosophila.  
Mikiko C. Siomi and Haruhiko Siomi  
2006/12/4
28. 日本分子生物学会2006フォーラム  
ショウジョウバエにおけるRNA silencingの分子メカニズム.  
塩見美喜子  
2006/12/8
29. 日本分子生物学会 2006 フォーラム  
ショウジョウバエ miRNA 機構におけるヒト GW182 ホモログ CG31992 の機能解析.  
三好啓太、塩見春彦、塩見美喜子  
2006/12/8

30. Keystone Symposia Conference (miRNA and RNAi)  
Piwi Subfamily Proteins and their Associated Small RNAs in Drosophila Germlines.  
Mikiko C. Siomi  
2007/1/30
31. Genome Informatics Workshop 2006  
Computational Analysis of Global Expression Profiles in Mouse Natural Antisense Transcripts.  
Okada Y, Numata K, Saito R, Kiyosawa H, Kanai A, Tomita M  
2006/12
32. 日本薬学会年会第 127 年会  
microRNA による制御遺伝子ネットワークの構築.  
国本亮、奥野恭史、箕輪洋介、外村孝一郎、土屋創健、寺澤和哉、類家慶直、津田謹輔、  
辻本豪三  
2007/3/28-30
33. 岡山大学学内 COE「医歯薬融合による統合的疾患プロテオミクスの構築とその応用研究」  
平成 18 年度報告会  
網羅的プロテオーム解析による癌および疾病原因遺伝子産物の標的蛋白群の同定と発  
症機構の解明.  
大内田 守、神崎浩孝、伊藤佐智夫、清水憲二  
2007/2/20-21
34. 岡山大学重点プロジェクト公開シンポジウム  
LC/MS 解析を目的とした2次元電気泳動における分離能の改善と評価.  
神崎浩孝、大内田 守、清水憲二  
2007/3/20
35. 岡山大学重点プロジェクト公開シンポジウム  
LC/MS を用いた microRNA の標的蛋白の解析.  
大内田 守、神崎 浩孝、伊藤佐智夫、清水憲二  
2007/3/20
36. 第 263 回情報計算化学生物学会(CBI)研究講演会「エピジェネティクス:疾患と創薬の視点  
から」  
近年のゲノム・トランスクリプトーム解析から判明した哺乳動物の内在性アンチセンス RNA



の特徴.  
清澤秀孔  
2006/4

37. 東京大学大学院農学生命科学研究科・応用動物科学セミナー  
マウストランスクリプトーム解析で判明した内在性アンチセンス RNA の特徴.  
清澤秀孔  
2006/7

38. 第 8 回日本 RNA 学会  
ヒトとマウスにおいて保存されるセンス・アンチセンス遺伝子の発現解析.  
田代千晶、沼田興治、大久保和央、岩瀬秀、岡田祐輝、瀬野龍一郎、安部一俊、金井昭夫、斎藤輪太郎、阿部訓也、清澤秀孔  
2006/7

39. RNA 2006 Izu, International Symposium <Functional RNAs and Regulatory Machinery>  
Expression analysis of sense and antisense genes conserved between mice and human.  
Tashiro, C., Okada, Y., Numata, K., Kobayashi, R., Saito, R., Kanai, A., Doi, T., Abe, K. and Kiyosawa, H.  
2006/12

40. 日本分子生物学会 2006 フォーラム シンポジウム「ゲノム情報発現制御因子としての Noncoding RNA」  
マウストランスクリプトームで同定された内在性アンチセンス/non-coding RNA の発現析.  
清澤秀孔  
2006/12

41. 大阪大学大学院医学研究科・生殖幹細胞セミナー  
mRNA と相補性を持つ RNA を介した細胞機能制御機構の解析.  
清澤秀孔  
2006/12

42. The 17th International Conference on Genome Informatics  
Computational analysis of global expression profiles in mouse natural antisense transcripts.  
Okada, Y., Numata, K., Saito, R., Kiyosawa, H. and Tomita, M.  
2006/12

<平成19年度>

1. 日本分子生物学会春季シンポジウム  
Identification and characterization of human non-coding RNAs with tissue-specific expression.  
佐々木保典、佐野美穂、井手上賢、金大真、浅井潔、廣瀬哲郎  
2007/4/23
2. Twelfth annual meeting of the RNA society  
Expression profile and intracellular localization of putative non-coding RNAs in human cells.  
Sasaki, Y., Sano, M., Ideue, T., Kin, T., Asai, K., and Hirose, T.  
2007/5/29-6/3
3. 日本RNA学会  
多発性内分泌腫瘍(MEN)座位ノンコーディングRNAの細胞内局在  
佐々木保典、井手上賢、佐野美穂、横井崇秀、廣瀬哲郎  
2007/7/29
4. 日本RNA学会  
ヒト培養細胞中の U7 snRNA の機能破壊が及ぼすヒストン mRNA プロセッシングへの影響  
井手上賢、永井美智、横井崇秀、廣瀬哲郎  
2007/7/29
5. 日本RNA学会  
胸腺特異的な新規 non-coding 様 RNA Thy-nc1 の解析  
青木一真、佐野美穂、原島哲、廣瀬哲郎  
2007/7/29
6. 日本RNA学会  
新しい RNA 解析系によるオーファン snoRNA 標的遺伝子の探索  
井手上賢、永井美智、戸川昌代、廣瀬哲郎  
2007/7/29
7. 第30回日本分子生物学会年会  
核内構造体パラスペックルの構造維持に寄与する non-coding RNA の作用機構。  
佐々木保典、井手上賢、佐野美穂、横井崇秀、廣瀬哲郎

2007/12/11

8. 第 30 回日本分子生物学会年会

U7 snRNA の機能破壊が引き起こすヒト培養細胞の細胞周期遅延の分子機構の解析.  
井手上賢、青木一真、永井美智、横井崇秀、廣瀬哲郎

2007/12/11

9. 第 30 回日本分子生物学会年会

胸腺特異的ノンコーディング RNA Thy-nc1 の性状解析.  
青木一真、佐野美穂、原島哲、廣瀬哲郎

2007/12/11

10. 第1回「情報と細胞機能」研究会

細胞核内ボディの形成と維持に関わる non-coding RNA の解析.  
廣瀬哲郎

2008/2/16

11. 日本分子生物学会春季シンポジウム

piRNA biogenesis and modification in Drosophila.  
塩見美喜子

2007/4/23-24

12. 2007FAOBMB シンポジウム

Biogenesis of repeat-associated short interfering RNA in Drosophila.  
塩見美喜子

2007/5/29

13. 第 6 回新しい RNA/RNP を見つける会

新しいカーネル関数を用いた機能性 RNA 探索手法の開発と線虫ゲノム上での実験.  
森田研介, 齋藤裕

2007/9/6

14. 国際哺乳類ゲノム会議

Global analysis of microRNA and gene expression in human cell lines.  
類家慶直、市村敦彦、国本亮、奥野恭史、土屋創健、清水一治、辻本豪三

2007/10/29

15. 日本分子生物学会年会・日本生化学会大会 合同大会  
マウス体細胞の初期化に関わる microRNA の同定と機能解析.  
小柳三千代、一阪朋子、青井貴之、沖田圭介、高橋和利、中川誠人、山中伸弥  
2007/12/11-12
16. 日本分子生物学会年会・日本生化学会大会 合同大会  
慢性骨髄性白血病細胞株 K562 において TPA 刺激により誘導される miRNA および標的  
遺伝子探索  
市村敦彦、類家慶直、寺澤和哉、辻本豪三  
2007/12/11-12
17. 日本分子生物学会年会・日本生化学会大会 合同大会  
MAP キナーゼ経路によって誘導される miRNA の同定と解析  
寺澤和哉、松尾剛明、辻本豪三  
2007/12/12
18. Mobile Elements in Mammalian Genomes (FASEB Conferences)  
Retrotransposon adaptation into the human transcriptome.  
Y. Aizawa  
2007/6/2-7
19. 第9回日本RNA学会年会  
コーディング及びノンコーディングRNAにおけるヒト・レトロトランスポゾン由来配列の分布  
とその生物学的意義.  
菊池邦生、坊農秀雅、相澤康則  
2007/7/28-31
20. 第9回日本RNA学会年会  
分化誘導系によるノンコーディング遺伝子の抽出と発現解析  
菊池邦生、渡辺亮子、横井崇秀、渡辺公綱、相澤康則  
2007/7/28-31
21. Molecular Control of Adipogenesis and Obesity (Keystone Symposia)  
Noncoding "Long" RNAs in the Signalling Networks behind hMSC Differentiation.  
K. Kikuchi, M. Inoue, M. Fukuda, T. Kin, K. Asai, T. Hirose, K. Watanabe, and Y.  
Aizawa  
2008/2/19-24

22. Molecular Control of Adipogenesis and Obesity (Keystone Symposia)  
Loss-of-function studies on Anti-adipogenesis Non-coding RNA 4 and 5 in hMSC  
Adipogenesis.  
M.Inoue, K. Kikuchi, and Y. Aizawa  
2008/2/19-24
23. Molecular Control of Adipogenesis and Obesity (Keystone Symposia)  
Novel Non-coding RNAs Involved in Adipogenesis and Neurogenesis.  
M.Fukuda, K.Kikuchi, and Y. Aizawa  
2008/2/19-24
24. 分子生物学会第7回春季シンポジウム  
線虫 *Caenorhabditis elegans* における rRNA プロセッシング機構.  
笹野有未、保木井悠介、牛田千里、井上邦夫、坂本 博、藤原俊伸  
2007/4/23
25. 第 40 回日本発生生物学会、第 59 回日本細胞生物学会合同大会  
線虫の機能 RNomics.  
牛田千里、小笠原隆広、天川純一、遠藤優子、菅原由起、武藤 昱、保木井悠介  
2007/5/29
26. 16th International C. elegans Meeting  
C/D or H/ACA snoRNP proteins do not influence the nucleolar localization of  
*C.elegans* CeR-2/CeN21 RNA.  
Hokii, Y., Shimoyama, M., Taneda, A., Sasano, Y., Fujiwara, T., Sakamoto, H., Sakata,  
K., Shingai, R., Muto, A., and Ushida, C.  
2007/6/30
27. 第 9 回 RNA ミーティング  
受精前後の卵における線虫 *Caenorhabditis elegans* 核小体低分子 RNA の動態.  
保木井悠介、笹野有未、藤原俊伸、坂本 博、武藤 昱、牛田千里  
2007/7/30
28. 第 9 回 RNA ミーティング  
線虫 snoRNP タンパク質遺伝子ノックダウン株における snoRNA の局在変化.  
菅原由起、保木井悠介、武藤 昱、牛田千里  
2007/7/30

29. 新しい ncRNA/RNP を見つける会  
Intracellular localization of *C. elegans* novel ncRNAs.  
佐藤洋旭、牛田千里  
2007/9/6
30. BMB2007(第30回日本分子生物学会年会・第80回日本生化学会大会 合同大会)  
線虫新規低分子 ncRNA の局在解析.  
牛田千里、保木井悠介、菅原由起、遠藤優子、佐藤洋旭、武藤 昱  
2007/12/13
31. 第9回日本 RNA 学会年会  
ショウジョウバエ生殖細胞における RNA silencing 機構  
塩見美喜子  
2007/7/28
32. EMBO WorldWorkshop「日本で開く第8回欧州減数分裂会議」  
RNA silencing mechanisms in *Drosophila* germlines.  
Siomi MC.  
2007/9/13-18
33. 日本遺伝学会年会  
RNA 干渉による遺伝子サイレンシング.  
塩見美喜子  
2007/9/19
34. 23rd Ernst Klenk Symposium  
RNA silencing in *Drosophila* germlines.  
Siomi MC.  
2007/10/2
35. 日本がん学会年会  
Elucidating the mechanism of RNA silencing in *Drosophila*.  
Siomi MC.  
2007/10/4
36. 第20回内藤コンファレンス  
Molecular mechanisms of RNA silencing in *Drosophila*  
Siomi MC.

2007/10/9-12

37. WAKO ワークショップ「RNA ルネッサンス」  
RNA サイレンシング:分子とその機能.  
塩見美喜子  
2007/11/16
  
38. BMB 2007(第 30 回日本分子生物学会年会・第 80 回日本生化学会大会 合同大会)  
ショウジョウバエ生殖細胞で起こる RNA サイレンシング機構.  
塩見美喜子  
2007/12/11
  
39. ISAG 2007(International Symposium on Applied Genomics 2007)  
Gene silencing mechanisms mediated by small RNAs and Argonates in Drosophila.  
Siomi MC.  
2007/12/19-20
  
40. JSBi 2007(Japanese Society for Bioinformatics2007)  
Gene silencing mechanisms mediated by small RNAs and Argonates in Drosophila.  
Siomi MC.  
2007/12/18
  
41. 第 9 回日本 RNA 学会  
ヒト-マウス間の内在性センス-アンチセンス RNA の比較発現プロファイリング  
沼田興治、岡田祐輝、長田木綿子、斎藤輪太郎、金井昭夫、阿部訓也、清澤秀孔  
2007/7/28
  
42. 清澤秀孔  
哺乳動物における内在性アンチセンス/ncRNA  
千葉がんセンター・集談会  
2007/8
  
43. 第6回新しい RNA/RNP を見つける会  
カスタムオリゴ DNA アレイをもちいた新規内在性アンチセンス RNA の解析.  
沼田興治、長田木綿子、岡田祐輝、斎藤輪太郎、金井昭夫、阿部訓也、清澤秀孔  
2007/9/5-6

44. 第6回新しいRNA/RNPを見つける会  
センス-アンチセンス転写産物の網羅的解析のための情報整備  
斎藤輪太郎、長田木綿子、岡田祐輝、沼田興治、村田真也、金井昭夫、富田勝、清澤秀孔  
2007/9/5-6
45. 第6回新しいRNA/RNPを見つける会  
ヒト-マウス間シンテニー領域に存在する内在性アンチセンス転写産物の組織別発現比較解析.  
岡田祐輝、田代千晶、沼田興治、斎藤輪太郎、金井昭夫、阿部訓也、富田勝、清澤秀孔  
2007/9/5-6
46. 第6回新しいRNA/RNPを見つける会  
内在性アンチセンス RNA の解析方法.  
清澤秀孔  
2007/9/5-6
47. The 17th Lake Shirakaba Conference  
Current progress in Mammalian endogenous antisense/ncRNA studies.  
Kiyosawa, H.  
2007/10/28-11/1
48. 日本動物遺伝育種学会・シンポジウム  
哺乳動物の内在性アンチセンス/ncRNA  
清澤秀孔  
2007/11/25
49. BMB 2007(第30回日本分子生物学会年会・第80回日本生化学会大会 合同大会)  
哺乳動物における新規アンチセンス/ncRNA の発現解析.  
清澤秀孔、沼田興治、岡田祐輝、長田木綿子、斎藤輪太郎、金井昭夫、安江博、大河内信弘、阿部訓也  
2007/12/11-15
50. BMB 2007(第30回日本分子生物学会年会・第80回日本生化学会大会 合同大会)  
センス-アンチセンス転写産物の特徴解析に向けた基盤整備.  
長田木綿子、岡田祐輝、沼田興治、村田真也、斎藤輪太郎、金井昭夫、富田勝、清澤秀孔  
2007/12/11-15



51. BMB 2007(第 30 回日本分子生物学会年会・第 80 回日本生化学会大会 合同大会)  
ヒト-マウス間シテニー領域に存在する内在性アンチセンス転写産物の組織別発現比較解析.  
岡田祐輝、田代千晶、沼田興治、金井昭夫、斎藤輪太郎、阿部訓也、富田勝、清澤秀孔  
2007/12/11-15
52. BMB 2007(第 30 回日本分子生物学会年会・第 80 回日本生化学会大会 合同大会)  
ゲノムシテニー情報をもちいた新規内在性アンチセンス転写産物の予測.  
沼田興治、長田木綿子、岡田祐輝、斎藤輪太郎、金井昭夫、阿部訓也、清澤秀孔  
2007/12/11-15
53. 第 21 回国際哺乳類ゲノム会議  
Global analysis of microRNA and gene expression in human cell lines.  
類家慶直、市村敦彦、国本亮、奥野恭史、土屋創健、清水一治、辻本豪三  
2007/10/29
54. 第 30 回日本分子生物学会年会・第 80 回日本生化学会大会 合同大会(BMB2007)  
慢性骨髄性白血病細胞株 K562 において TPA 刺激により誘導される miRNA および標的遺伝子探索.  
市村敦彦、類家慶直、寺澤和哉、辻本豪三  
2007/12/11
55. 第 30 回日本分子生物学会年会・第 80 回日本生化学会大会 合同大会(BMB2007)  
MAP キナーゼ経路によって誘導される miRNA の同定と解析.  
寺澤和哉、松尾剛明、辻本豪三  
2007/12/12
56. 第 30 回日本分子生物学会  
遺伝子ノックアウト法により見えてきた miRNA が寄与する生命現象  
蓮輪英毅、伊川正人、岡部勝  
2007 年 12 月
57. 岡山大学学内 COE「医歯薬融合による統合的疾患プロテオミクスの構築とその応用研究」  
平成 19 年度報告会  
網羅的プロテオーム解析による癌および疾病原因遺伝子産物の標的蛋白群の同定と発症機構の解明  
大内田 守、神崎浩孝、伊藤佐智夫、清水憲二

2008/2/14

58. 岡山大学重点プロジェクト公開シンポジウム

発がんに関わる microRNA の標的蛋白のプロテオミクス解析

大内田 守、神崎 浩孝、伊藤佐智夫 清水憲二

2008/3/14

59. 第9回RNAミーティング(第9回日本RNA学会年会)

ヒト間葉系幹細胞からの miRNA の単離と解析

吉田哲郎、山田陽史、宮澤達也

2007/7/29

60. 第66回日本癌学会 学術総会

がんと低分子機能性 RNA(シンポジウム)

マイクロ RNA による癌治療の可能性

吉田哲郎

2007/10/4

61. 第30回日本分子生物学会年会・第80回日本生化学会大会合同大会(BMB2007)

癌細胞の増殖・細胞死に関与するマイクロ RNA の同定と機能解析

中野春男、宮澤達也、山田陽史、吉田哲郎

2007/12/14

<平成20年度>

1. 千里ライフサイエンスセミナー(招待公演)

iPS細胞の可能性と課題.

山中伸弥

2009/1/9

2. 第22回表皮細胞研究会

iPS細胞の可能性と課題.

山中伸弥

2008/12/7

3. 第29回日本臨床薬理学会年会(招待公演)

iPS細胞の可能性と課題.

山中伸弥

2008/12/5

4. International Symposium on Regenerative Medicine –Tenth Anniversary of Institute for Frontier Medical Sciences, Kyoto University(招待公演)

Induction of Pluripotency by Defined Factors.

- Yamanaka, S.  
2008/12/4
5. 慶応義塾大学・京都大学連携記念第1回シンポジウム(招待公演)  
iPS細胞の可能性と課題.  
山中伸弥  
2008/12/4
  6. 第38回日本免疫学会総会(招待公演)  
iPS細胞の可能性と課題.  
山中伸弥  
2008/12/3
  7. 第58回日本アレルギー学会秋季学術大会(招待公演)  
iPS細胞の可能性と課題.  
山中伸弥  
2008/11/27
  8. The Massry Prize(アメリカ)(招待公演)  
iPS Cells, Perspective and Challenge.  
Yamanaka, S.  
2008/11/22
  9. 2008 Massry Prize Mini-Symposium at UCLA(アメリカ)(招待公演)  
Induction of Pluripotency by Defined Factors.  
Yamanaka, S.  
2008/11/21
  10. Massry Prize Lectures at USC(アメリカ)(招待公演)  
Induction of Pluripotency by Defined Factors.  
Yamanaka, S.  
2008/11/20
  11. 2008年度武田医学賞受賞記念講演(招待公演)  
多能性幹細胞の維持と誘導.  
山中伸弥  
2008/11/12
  12. 第23回内藤カンファレンス(招待公演)  
Induction of Pluripotency by Defined Factors.  
山中伸弥  
2008/11/12
  13. 関西医科大学創立80周年記念講演会(招待公演)  
iPS細胞の可能性.  
山中伸弥  
2008/11/1
  14. 第23回日本整形外科基礎学術集会(招待公演)  
iPS細胞研究の展望と課題.  
山中伸弥

2008/10/24

15. BioJapan2008  
iPS細胞の可能性と課題.  
山中伸弥  
2008/10/17
16. 第70回日本血液学会総会(招待公演)  
Induction of Pluripotency by Defined Factors.  
山中伸弥  
2008/10/10
17. The Biology of Stem Cells in Development and in Cancer, Karolinska Institutet (スウェーデン)(招待公演)  
Induction of Pluripotency by Defined Factors.  
Yamanaka, S.  
2008/9/25
18. 第13回アジア太平洋リウマチ会議 開会式特別講演(招待公演)  
iPS細胞の可能性と課題.  
山中伸弥  
2008/9/23
19. 万有製薬株式会社 第4回 Kansai Cardiovascular Consortium (招待公演)  
iPS細胞の可能性と課題.  
山中伸弥  
2008/9/20
20. 第17回日本組織適合性学会大会 第44回日本移植学会総会 合同特別講演(招待公演)  
iPS細胞の展望と課題.  
山中伸弥  
2008/9/19
21. 2nd International SOX Meeting Opening lecture(招待公演)  
iPS, Perspective and Challenge.  
Yamanaka, S.  
2008/9/16
22. 北京大学 College of Life Science (招待公演)  
Induction of Pluripotency by Defined Factors.  
Yamanaka, S.  
2008/9/11
23. The Shaw Prize Public Lectures(招待公演)  
iPS Cell, Perspective and Challenge.  
Yamanaka, S.  
2008/9/10
24. Workshop on Cellular Reprogramming, Development and Stem Cells(招待公演)  
Induction of Pluripotency by Defined Factors.  
Yamanaka, S.

2008/9/8

25. European Forum Alpbach 2008 Technology Forum(オーストリア) (招待公演)  
iPS cells—perspective and challenge.  
Yamanaka, S.  
2008/8/21
26. 清和政策研究会 夏季研究会(招待公演)  
iPS細胞の可能性と課題.  
山中伸弥  
2008/8/19
27. First Annual Stem Cell Symposium on the Bay(アメリカ) (招待公演)  
iPS Cell.  
Yamanaka, S.  
2008/8/8
28. 中日懇話会400回記念会(招待公演)  
iPS細胞の可能性と課題.  
山中伸弥  
2008/7/8
29. 神戸大学 神戸カンファレンス(招待公演)  
iPS細胞の展望と課題  
山中伸弥  
2008/6/27
30. 奈良県立医科大学精神医学教室同門会・三山会学術講演会 (招待公演)  
iPS細胞の可能性と課題  
山中伸弥  
2008/6/7
31. 第51回日本糖尿病学会年次学術集会(招待公演)  
iPS細胞の展望と課題.  
山中伸弥  
2008/5/23
32. 大阪臨床整形外科医会研修会(招待公演)  
人工多能性幹細胞の可能性と課題.  
山中伸弥  
2008/5/17
33. 毛髪研究サテライトシンポジウム(招待公演)  
Perspective of iPS cells.  
山中伸弥  
2008/5/13
34. 第16回近畿臍帯血幹細胞移植研究会(招待公演)  
iPS細胞の可能性と課題.  
山中伸弥  
2008/5/10

35. 大塚製薬株式会社 第26回川内カンファレンス(招待公演)  
多能性幹細胞研究のインパクト—iPS細胞研究の今後.  
山中伸弥  
2008/5/1
36. 毎日新聞社 シンポジウム  
iPS細胞の展望と課題.  
山中伸弥  
2008/4/15
37. The 3rd International Workshop on Cell Regulations in Division and Arrest Under Stress  
(招待公演)  
Induction of pluripotency by defined factors.  
Yamanaka, S.  
2008/4/9
38. 第31回日本分子生物学会年会・第81回日本生化学会大会 合同大会(BMB2008)  
MicroRNA-338 and microRNA-451 regulate localization of beta1 integrin into basolateral  
membrane.  
土屋創健、奥 雅仁、今中由花子、奥野恭史、寺澤和哉、佐藤史顕、清水一治、辻本豪  
三  
2009/12/10
39. 第31回日本分子生物学会年会・第81回日本生化学会大会 合同大会(BMB2008)  
マウス・ヒト体細胞のiPS細胞化に関わるmicroRNAの探索とその機能解析.  
小柳三千代、岡田亜紀、一阪朋子、熊崎 恵、田辺剛士、青井貴之、沖田圭介、高橋和  
利、中川誠人、山中伸弥  
2008/12/9
40. 第31回日本分子生物学会年会・第81回日本生化学会大会 合同大会(BMB2008) iPS細  
胞に由来するマウスの長期経過観察.  
青井貴之、沖田圭介、一阪朋子、田邊剛士、小柳三千代、高橋和利、中川誠人、山中伸  
弥  
2008/12/9
41. 41st Annual SSR Meeting  
Disruption of miR-200b Leads to Female Infertility.  
Hidetoshi Hasuwa, Masahito Ikawa and Masaru Okabe  
2008/5/27-30
42. 第31回日本分子生物学会年会・第81回日本生化学会大会合同大会(BMB2008)  
プロテオミクス解析によるmiRNA clusterの新規標的タンパク質の探索.  
神崎浩孝、大内田守、伊藤佐智夫、田丸聖治、花房裕子、清水憲二  
2008/12/12
43. 第31回日本分子生物学会年会・第81回日本生化学会大会合同大会(BMB2008)  
ヒト卵巣癌細胞の増殖・細胞死を制御するマイクロRNA.  
中野春男、宮澤達也、木下圭太、山田陽史、吉田哲郎  
2008/12/11

44. Keystone Symposia 'Therapeutic Modulation of RNA Using Oligonucleotides'  
Identification of microRNAs targeting Cyclin D1 and Bcl-XL mRNAs in colorectal cancer cells.  
Haruo Nakano, Tatsuya Miyazawa, Keita, Kinoshita, Yoji Yamada, and Tetsuo Yoshida  
2009/2/8
45. 東京医科歯科大学セミナー(招待講演)  
RNomics ゲノムとプロテオームを結ぶ新分野  
廣瀬哲郎  
2008/4/24
46. RNAフロンティアミーティング2008  
胸腺特異的ノンコーディングRNA Thy-nc1の機能解析.  
青木一真、佐野美穂、原島 哲、廣瀬哲郎  
2008/6/5
47. 第10回日本RNA学会年会  
U7 snRNAはS期以外でのヒストン遺伝子発現を負に制御する。  
井手上賢、廣瀬哲郎  
2008/7/23- 25
48. 第10回日本RNA学会年会  
核内ノンコーディングRNA、MEN  $\epsilon / \beta$  は核内構造体パラスペックル形成に必須でる。  
佐々木保典、井手上賢、佐野美穂、廣瀬哲郎  
2008/7/23 - 25
49. 13th annual meeting of the RNA society (RNA2008) (Berlin)  
Interaction between RNA-binding proteins with MEN $\epsilon/\beta$  non-coding RNA establishes the integrity of the nuclear body, paraspeckle.  
Sasaki, YTF., Sano, M., Ideue, T., and Hirose, T.  
2008/7/28-8/3
50. 13th annual meeting of the RNA society (RNA2008) (Berlin)  
Expression and intracellular localization of complicatedly spliced thymus-specific non-coding RNA, Thy-nc1.  
Aoki, K, Sano, M, Harashima, A, and Hirose, T,  
2008/7/28-8/3
51. The 2008 CSHL meeting on Dynamic Organization of Nuclear Function  
Identification of a non-coding RNA as a structural integrator of the nuclear body, Paraspeckle.  
Sasaki, YTF., Ideue, T., Sano, M., Mituyama, T., and Hirose, T.  
2008/9/17-21
52. BioJapan2008(招待講演)  
機能性ノンコーディングRNAの機能解明へのアプローチ。  
廣瀬哲郎  
2008/10/16
53. 千里ライフサイエンスセミナーシリーズ「機能的non-coding RNA - 古典的なセントラルドグマへの挑戦」(招待講演)

- 哺乳類non-coding RNAの細胞内動態と機能.  
廣瀬哲郎  
2008/11/11
54. 第31回日本分子生物学会・第81回日本生化学会合同大会 (BMB2008)  
The role of noncoding RNAs in subcellular body.  
Hirose, T, Sasaki, YTF., Naganuma, T., and Kawaguchi, T.  
2008/12/9 - 12
55. 第31回日本分子生物学会・第81回日本生化学会合同大会 (BMB2008)  
U7 snRNAはS期外においてヒストン遺伝子の転写を負に制御する.  
井手上賢、廣瀬哲郎  
2008/12/9-12
56. 第31回日本分子生物学会・第81回日本生化学会合同大会 (BMB2008)  
胸腺特異的ノンコーディングRNA Thy-nc1による遺伝子発現制御機構.  
青木一真、佐野美穂、原島 哲、廣瀬哲郎  
2008/12/9-12
57. 第二回「情報と細胞機能」研究会  
noncoding RNAによる細胞内構造形成.  
廣瀬哲郎  
2009/2/14
58. 2nd International Symposium on Advanced Biological Engineering and Science (中国)  
Polyadenylated Noncoding RNAs behind Human Stem Cell Differentiation.  
Yasunori Aizawa  
2008/4/1
59. HITS2008 Symposium (イギリス)  
Dark Matter of Human Transcriptome -Noncoding RNA and Retrotransposon-  
Yasunori Aizawa  
2008/4/21
60. 第10回日本RNA学会年会  
ヒト幹細胞分化時に発現変動する機能未知転写産物の機能解析.  
相澤康則  
2008/7/23-25
61. 生体関連若手シンポジウム(招待講演)  
ヒトゲノムから転写される機能未知RNAの解析.  
相澤康則  
2008/9/17
62. DKFZ (German Cancer Research Center) Seminar (ドイツ)  
Junk + RNA = peptide.  
Yasunori Aizawa  
2008/9/26
63. 第11回生命科学研究会(招待講演)  
がらくたRNAを通して、遺伝子とヒトゲノムを考える.



相澤康則  
2008/11/29

64. RNAフロンティアミーティング2008  
*C. elegans*におけるsnoRNA結合タンパク質のノックダウンと核内構造体の形成.  
保木井悠介、菅原由起、笹野有未、藤原俊伸、武藤 昱、牛田千里  
2008/6/5
65. 第10回日本RNA学会年会  
核小体局在を示す線虫新規ncRNA.  
保木井悠介、佐藤洋旭、武藤 昱、牛田千里  
2008/7/23-25
66. 第7回新しいRNA/RNPを見つける会  
線虫CeR-2 RNAはC/D snoRNAである.  
保木井悠介、牛田千里  
2008/9/9
67. Keystone symposium (RNAi, microRNA, and non-coding RNA)  
Expression and localization of *C. elegans* CeR-5 RNA.  
Chisato Ushida, Yuki Sugawara, and Yusuke Hokii  
2008/3/29
68. Seoul大学にて(韓国)(招待セミナー)  
RNA silencing in *Drosophila* germlines.  
塩見美喜子  
2008/5/7
69. GCOE Program “Human Metabolomic Systems Biology” Summer School (招待発表)  
RNA silencing in *Drosophila*.  
塩見美喜子  
2008/7/10
70. 20th International Congress of Geneticsのsymposium「RNA machine」(ドイツ)(招待講演)  
*Drosophila* endogenous small RNAs bind to Argonautes in somatic cells.  
塩見美喜子  
2008/7/15
71. 12th Molecular Cardiovascular Conference(招待講演)  
ショウジョウバエ生殖細胞におけるRNAサイレンシング.  
塩見美喜子  
2008/9/5-7
72. Joint Symposium of 18th International Roundtable on Nucleosides, Nucleotides and Nucleic Acids and 35th International Symposium on Nucleic Acids Chemistry(招待発表)  
Characterization of endogenous human Argonautes and their miRNA partners in RNA silencing.  
塩見美喜子  
2008/9/10

73. 第16回シンポジウム創薬薬理フォーラム(招待発表)  
遺伝子発現を制御する内在性small RNAの生合成と作用機序  
塩見美喜子  
2008/9/19
74. 東京大学先端科学技術研究センター(招待講演)  
ヒトArgonauteのRNA silencingにおける機能解析.  
塩見美喜子  
2008/10/3
75. Academia SINICA(台北)(招待セミナー)  
Characterization of endogenous human Argonautes and their miRNA partners in RNA silencing.  
塩見美喜子  
2008/10/23
76. 20th FAOBMB Taipei Conference Frontier in Life Sciences(台北)(招待発表)  
Characterization of endogenous human Argonautes and their miRNA partners in RNA silencing.  
塩見美喜子  
2008/10/25
77. 東京大学分子生物学研究所のセミナー(招待発表)  
RNA silencing in Drosophila germline cells.  
塩見美喜子  
2008/11/6
78. 九州大学GCOEプログラム拠点(Stem Cells and Regenerative Medicine)(招待発表)  
How selfish retrotransposons are silenced in Drosophila germline and somatic cells.  
塩見美喜子  
2008/11/9
79. 第31回日本分子生物学会・第81回日本生化学会合同大会(BMB2008)(招待発表)  
Aub/AGO3-independent piRNA biogenesis in Drosophila germline cells.  
塩見美喜子  
2008/12/10
80. 第10回日本RNA学会  
DNAマイクロアレイによる新規内在性アンチセンスRNAの検出と解析  
沼田興治、斎藤輪太郎、平岩典子、金井昭夫、阿部訓也、清澤秀孔  
2008/7/23- 25
81. 13th annual meeting of the RNA society (RNA2008)(Berlin)  
Reverse complement probes of custom-made microarray detect novel endogenous cis-antisense transcripts.  
Numata, K., Osada, Y., Okada, Y., Saito, R., Hiraiwa, N., Kanai, A., Abe, K., and Kiyosawa, H.  
2008/7/28-8/3
82. 日本遺伝学会第80回大会  
DNAのメチル化に影響を与える内在性アンチセンス転写産物のスクリーニング.

- 渡邊 豊、沼田興治、長田木綿子、村田真也、斎藤輪太郎、阿部訓也、清澤秀孔  
2008/9/3-5
83. 第7回新しいRNA/RNPを見つける会  
発現アレイをつかった内在性アンチセンスRNA／非翻訳性RNAの検出と解析.  
沼田興治、清澤秀孔  
2008/9/8-9
84. 第7回新しいRNA/RNPを見つける会  
センス-アンチセンス遺伝子座で検出される50-100ntの低分子RNAの発現解析.  
金子直人、沼田興治、清澤秀孔  
2008/9/8-9
85. 第7回新しいRNA/RNPを見つける会  
エピジェネティックな遺伝子発現制御に関与する内在性アンチセンスRNAの探索.  
渡邊 豊、沼田興治、清澤秀孔  
2008/9/8-9
86. 第7回新しいRNA/RNPを見つける会  
ゲノム刷り込み遺伝子座における内在性アンチセンスRNA.  
清澤秀孔  
2008/9/8-9
87. 第7回新しいRNA/RNPを見つける会  
Comprehensive Analyses of Antisense Expressions in Cancer-related Genes.  
斎藤輪太郎  
2008/9/8-9
88. 第31回日本分子生物学会・第81回日本生化学会合同大会 (BMB2008)  
センス-アンチセンス遺伝子座に頻出する低分子RNAの発現解析.  
金子直人、沼田興治、阿部訓也、清澤秀孔  
2008/12/9-12
89. 第31回日本分子生物学会・第81回日本生化学会合同大会 (BMB2008)  
CpG island周辺のDNAメチル化に影響を及ぼす内在性アンチセンス転写産物の解析.  
渡邊 豊、村田真也、沼田興治、長田木綿子、斎藤輪太郎、阿部訓也、清澤秀孔  
2008/12/9-12
90. 第31回日本分子生物学会・第81回日本生化学会合同大会 (BMB2008)  
マイクロアレイをもちいた内在性アンチセンスRNAの検出と乳がんモデルマウスへの適用.  
沼田興治、斎藤輪太郎、平岩典子、渡辺一史、金井昭夫、阿部訓也、清澤秀孔  
2008/12/9-12
91. 第31回日本分子生物学会  
ヒトとマウスのオーソログ遺伝子における配列相同性 / 発現相同性解析  
村田真也、沼田興治、清澤秀孔、斎藤輪太郎、富田勝  
2008/12/9-12
92. International Symposium on “Decoding Epigenetic Code,” organized by BRAIN  
(Bio-oriented Technology Research Advancement Institution)  
Endogenous antisense RNA and epigenetics

- Kiyosawa H.  
2008/12
93. 立命館大学R-GIROシンポジウム「アンチセンスRNAによる発現調節機構と創薬への応用」  
トランスクリプトーム解析で同定された哺乳動物の内在性アンチセンス/非翻訳性RNA  
清澤秀孔  
2009/3
94. 第10回日本RNA学会  
DNAマイクロアレイによる新規内在性アンチセンスRNAの検出と解析.  
沼田興治、斎藤輪太郎、平岩典子、金井昭夫、阿部訓也、清澤秀孔  
2008/7/23-25
95. 日本実験動物科学技術2008  
miR-200b欠損マウスの解析  
蓮輪英毅、伊川正人、岡部勝  
2008/5
96. 41st Annual Meeting of the Society for the Study of Reproduction  
Disruption of miR-200b Leads to Female Infertility.  
Hidetoshi Hasuwa, Masahito Ikawa, Masaru Okabe  
2008/5
97. 第31回日本分子生物学会・第81回日本生化学会合同大会(BMB2008)  
ヒトとマウスのオーソログ遺伝子における配列相同性 / 発現相同性解析  
村田真也、沼田興治、清澤秀孔、斎藤輪太郎、富田勝  
2008/12/9-12
98. 東工大—JSTイノベーションブリッジ(招待講演)  
がらくたRNAからの機能性ペプチド候補の探索  
相澤康則  
2009/3/4

<平成21年度>

1. 第82回日本生化学会大会  
MicroRNA-210 regulates cellular proliferation through cell cycle arrest and is down-regulated in esophageal squamous cell carcinoma.  
土屋創健、佐藤史顕、藤原大、嶋田裕、辻本豪三、清水一治  
2009/10/23
2. 第32回日本分子生物学会年会  
miR-X Contributes to Cisplatin Resistance of Esophageal Cancer Cells.  
今中由花子、土屋創健、佐藤史顕、嶋田裕、清水一治、辻本豪三  
2009/12/11
3. The 24th Naito Conference  
Analysis of miRNA related to female infertility.  
Hidetoshi Hasuwa, Masahito Ikawa, Masaru Okabe  
2009/6

4. 100th AACR Annual Meeting 2009. Denver  
Identification of novel target protein for miR-17-92 cluster by proteomic analysis.  
Hirotaka KANZAKI, Mamoru OUCHIDA, Sachio ITO, Seiji TAMARU, Hiroko HANAFUSA and Kenji SHIMIZU  
2009/4/18-22
5. 68th Annual Meeting of the Japanese Cancer Association  
Identification of novel target proteins for miR-17-92 cluster in breast cancer.  
Ouchida, M., Kanzaki, H., Ito, S., Tamaru, S., Hanafusa, Y., and Shimizu, K.  
2009/10/1-3
6. 68th Annual Meeting of the Japanese Cancer Association  
Proteomic analysis of miR-17-92 cluster-overexpressing lung cancer cell line aimed to identify novel immediate target protein.  
Kanzaki, H., Ouchida, M., Ito, S., Tamaru, S., Hanafusa, Y., Shimizu, K.  
2009/10/1-3
7. 7th Japan Human Proteome Organization Conference 2009, Tokyo  
Proteomic analysis of lung cancer cell lines aimed to identify novel target proteins for miR-17-92 cluster.  
Hirotaka Kanzaki, Mamoru OUCHIDA, Sachio ITO, Seiji TAMARU, Hiroko HANAFUSA and Kenji SHIMIZU  
2009/7/27-29
8. The 8th HUPO World Congress, Toronto, Canada  
Proteomic analysis of lung cancer cell lines aimed to identify novel target proteins for miR-17-92.  
Hirotaka Kanzaki, Mamoru OUCHIDA, Sachio ITO, Seiji TAMARU, Hiroko HANAFUSA and Kenji SHIMIZU  
2009/9/26-30
9. 第32回日本分子生物学会年会  
プロテオミクス解析によるmiR-17-92 cluster の新規標的遺伝子の同定  
神崎浩孝、大内田守、伊藤佐智夫、田丸聖治、花房裕子、清水憲二  
2009/12/9-12
10. 第32回日本分子生物学会年会  
Micro RNA expression profiling in human tumors.  
伊藤佐智夫、花房裕子、大内田守、清水憲二  
2009/12/9-12
11. (財)神奈川科学技術アカデミー 教育講座 機能性RNAコースー機能性RNAの歴史と応用展開ー  
RNA研究最前線から医療応用への展開ー核酸医薬の可能性と課題ー  
吉田哲郎  
2009/9/15
12. 第60回今掘フォーラム  
RNA研究最前線から医療応用への展開ー核酸医薬の可能性と課題ー  
吉田哲郎

2009/10/7

13. 第32回日本分子生物学会年会  
ヒトマスト細胞株からのマイクロRNAの単離と発現・機能解析  
小坂 恭子、山田陽史、宮澤達也、倉田和美、神垣昌世、吉田哲郎  
2009/12/9-12
14. 第14回国際内分泌学会議  
Induction of Pluripotency by Defined Factors  
山中伸弥  
2010/3/29
15. 第9回日本再生医療学会総会  
iPS細胞の可能性と課題  
山中伸弥  
2010/3/19
16. 第9回日本再生医療医学会総会  
microRNA発現プロファイリングiPS細胞評価系への応用  
小柳三千代、一阪朋子、成田恵、田邊剛士、三浦恭子、青井貴之、沖田圭介、高橋和利、  
中川誠人、山中伸弥  
2010/3/18
17. 2010年ライフサイエンス国際シンポジウム「Future Outcome of Stem Cell Research Today」  
Induction of Pluripotency by Defined Factors.  
山中伸弥  
2010/1/18
18. Induced Pluripotent Stem Cells and the National Institutes of Health Intramural Research  
Program at NIH  
Induction of Pluripotency by Defined Factors.  
Yamanaka, S  
2010/1/15
19. 第32回日本分子生物学会年会  
micro RNAs are actively involved in induction of pluripotent stem cells from mouse and  
human fibroblasts.  
小柳三千代、一阪朋子、岡田亜紀、成田恵、田邊剛士、青井貴之、沖田圭介、高橋和利、  
中川誠人、山中伸弥  
2009/12/10
20. 第32回日本分子生物学会年会  
Induction of Pluripotency by Defined Factors.  
山中伸弥  
2009/12/9
21. 第71回日本血液学会学術集会  
Induction of Pluripotency by Defined Factors.  
Yamanaka,S.  
2009/10/24

22. 第82回日本生化学学会大会  
iPS細胞の可能性と課題.  
山中伸弥  
2009/10/23
23. JDDW2009 第51回日本消化器病学会大会  
iPS細胞の可能性と課題.  
山中伸弥  
2009/10/16
24. STS Forum 6th Annual Meeting, Plenary Session 200  
Science and Technology for Global Health.  
山中伸弥  
2009/10/5
25. JSPS, Sweden – Japan Join Colloquium. Advances in Cellular Reprogramming and Stem  
Cell Biology  
Induction of Pluripotency by Defined Factors.  
Yamanaka, S  
2009/9/5
26. EMBO Meeting 2009 at Amsterdam  
Induction of Pluripotency by Defined Factors.  
Yamanaka, S  
2009/9/1
27. IUBMB 2009 Congress/ The Chinese Society of Biochemistry and Molecular Biology  
(CSBMB)  
Induction of Pluripotency by Defined Factors.  
Yamanaka, S  
2009/8/7
28. ISSCR 7th Annual Meeting  
Induction of Pluripotency by Defined Factors.  
Yamanaka, S  
2009/7/11
29. 7th ISSCR Annual Meeting  
microRNAs are actively involved in induction of pluripotent stem cells from mouse and  
human fibroblasts.  
Koyanagi, M., Ichisaka, T., Okada, A., Narita, M., Tanabe, K., Aoi, T., Okita, K.,  
Takahashi, K., Nakagawa, M., and Yamanaka, S.  
2009/7/9
30. 第9回国際炎症学会  
Induction of Pluripotency by Defined Factors.  
山中伸弥  
2009/7/6
31. EMBO Conference Advances in Stem Cell Research  
Induction of Pluripotency by Defined Factors.

- Yamanaka, S  
2009/6/17
32. JST-CIRM Workshop  
Induction of Pluripotency by Defined Factors.  
Yamanaka, S  
2009/6/8
33. 第52回日本腎臓学会学術総会  
iPS細胞の可能性と課題.  
山中伸弥  
2009/6/5
34. 第179回生命科学フォーラム  
iPS細胞の可能性と課題.  
山中伸弥  
2009/6/4
35. 第82回日本整形外科学会学術総会  
iPS細胞の可能性と課題.  
山中伸弥  
2009/5/15
36. Conferences Jacques Monod (フランス) (招待講演)  
Molecular mechanisms of RNA silencing in Drosophila  
塩見 美喜子  
2009/4/6
37. UT Southwestern Medical Center seminar (アメリカ) (招待講演)  
RNA silencing in Drosophila germlines  
塩見 美喜子  
2009/4/22
38. Keystone Symposia (カナダ) (招待講演)  
piRNA biogenesis systems in Drosophila germline cells  
塩見 美喜子  
2009/4/28
39. 岡山医療国際シンポジウム (招待講演)  
microRNAs; biogenesis and functions  
塩見 美喜子  
2009/5/17
40. 京都大学免疫ゲノム医学特別セミナー (招待講演)  
Molecular mechanisms of RNA silencing in Drosophila  
塩見 美喜子  
2009/5/18
41. かずさDNA研究所セミナー (招待講演)  
機能性RNAはどのように生まれ、どの様に働くか？ーショウジョウバエの知見を基にー  
塩見 美喜子



2009/6/2

42. よこはまNMR構造生物学研究会第37回ワークショップ(招待講演)  
Piwi-interacting RNA biogenesis pathways in Drosophila  
塩見 美喜子  
2009/7/24
43. 第11回RNAミーティング  
ショウジョウバエLoquaciousアイソフォームのsmall RNAプロセッシングにおける機能的相違  
三好 智博  
2009/7/28
44. 16th International Society of Developmental Biologists Congress(スコットランド)(招待講演)  
piRNA biogenesis pathways in Drosophila germline cells.  
塩見 美喜子  
2009/9/7
45. 神奈川科学技術アカデミー(KAST)機能性RNAコース(招待講演)  
低分子ncRNAはどの様に現れ、どの様に機能するか?—ショウジョウバエの知見を基に—  
塩見 美喜子  
2009/9/15
46. RNAフロンティアミーティング2009  
ショウジョウバエLoquaciousアイソフォームのsmall RNAプロセッシングにおける機能的相違  
三好 智博  
2009/9/27
47. 岐阜大学フェア2009(招待講演)  
遺伝子発現は小さなRNAによってどの様に制御されるのか?  
塩見 美喜子  
2009/10/31
48. 第5回OTS年会-第19回アンチセンスシンポジウム合同シンポジウム(招待講演)  
Specific requirement of Dicer2 and Loquacious-PD for endo-siRNA biogenesis in Drosophila  
塩見 美喜子  
2009/11/5
49. 宮崎大学院生のためのサイエンスキャリアセミナー(招待講演)  
生体生命の仕組みを分子レベルで理解する意義と手法と必要因子.  
塩見 美喜子  
2009/12/3
50. 第39回日本分子生物学会年会(招待講演)  
Tudor domain-containing proteins in the piRNA biogenesis pathways in Drosophila.  
塩見 美喜子  
2009/12/9

51. Keystone Symposia 2010(アメリカ) (招待講演)  
piRNAs in the fly germ line.  
塩見 美喜子  
2010/1/18
52. Cincinnati Children's Hospital Research Foundation Seminer(アメリカ) (招待講演)  
piRNAs in Drosophila germlines.  
塩見 美喜子  
2010/3/10
53. EMBL Symposium(ドイツ) (招待講演)  
Function of Tudor protein in the Drosophila piRNA pathway.  
塩見 美喜子  
2010/3/19
54. UCR Symposium(アメリカ) (招待講演)  
Small RNAs in animals.  
塩見 美喜子  
2010/3/28
55. The 10th International Conference on Systems Biology, Stanford, CA, USA  
Comprehensive Expressional Analyses of Antisense Transcripts in Colon Cancer Tissues  
Using Artificial Probes to Detect Potential Regulatory Antisense RNAs.  
Saito, R., Kohno, K., Okada, Y., Osada, Y., Numata, K., Watanabe, K., Nakaoka, H.,  
Yamamoto, N., Kanai, A., Yasue, H., Murata, S., Abe, K., Tomita, M., Ohkohchi, N.,  
and Kiyosawa, H.  
2009/8/30 - 2009/9/4
56. 第11回日本RNA学会  
線虫LSU rRNA のプロセッシングに働く新規ncRNA  
牛田千里、保木井悠介、笹野有未、藤原俊伸  
2009/7/27-29
57. 第8 回新しい RNA/RNP を見つける会  
線虫 CeR-2 RNA と pre-rRNA プロセッシング.  
牛田千里  
2009/9/7-8
58. 第32回日本分子生物学会年会  
線虫新規ncRNAとrRNA前駆体のプロセッシング.  
保木井悠介、笹野有未、佐藤真悠、坂本博、坂田和実、新貝りゅう蔵、種田晃人、岡茂範、  
姫野俵太、武藤昱、藤原俊伸、牛田千里  
2009/12/9-12
59. ソニーコンピューターサイエンス研究所セミナー  
発散する遺伝子間領域にヒトと人の定性的な起源を探る.  
相澤康則  
2009/4/14
60. 第2回スイス-日本生命化学シンポジウム  
Development of Comprehensive Detection System for Retrotransposon-Derived

structural variation in the Human Genome.  
Koichi Ishiguro and Yasunori Aizawa  
2009/9/11

61. 第2回スイスー日本生命化学シンポジウム  
Six unannotated RNAs with distinct active structures involved in human stem cell differentiation.  
Kunio Kikuchi, Makiha Fukuda, Tomoya Ito, Mitsuko Inoue, Takahide Yokoi, Suenori Chiku, Toutai Mitsuyama, Kiyoshi Asai, Tetsuro Hirose, and Yasunori Aizawa  
2009/9/11
62. 第24回生体関連化学シンポジウム  
ヒトゲノム遺伝子間領域にコードされる機能性ペプチド配列の探索と機能解析.  
伊藤智哉、福田牧葉、井上允子、渡部暁、大西哲、木川隆則、横井崇秀、相澤康則  
2009/9/13-15
63. 遺伝研セミナー  
Evolutionary and functional significance of human intergenic transcripts.  
Yasunori Aizawa  
2009/10/20
64. 福岡大学理学部セミナー(招待講演)  
遺伝子間ゲノム領域に潜む新規遺伝子を探る.  
相澤康則  
2009/11/24
65. 京都大学工学研究科セミナー  
What are “Noncoding” RNAs of the human genome?  
相澤康則  
2009/11/30
66. 日本医科大学 私立大学戦略的研究基盤形成支援事業シンポジウム「診断・治療に新たな展開をもたらす機能性RNA研究」  
“Noncoding” RNAs from intergenic regions of the human genome.  
Yasunori Aizawa  
2009/11/7
67. 熊本大学薬学部セミナー(招待講演)  
ヒトゲノムから発現される機能未知RNAの中から新規遺伝子を探す.  
相澤康則  
2010/1/21
68. 埼玉医科大学ゲノム科学研究センター運営委員会承認学術集会  
哺乳動物におけるアンチセンス/非翻訳性RNAの発現動態ーゲノム科学的アプローチによる発現解析ー  
清澤秀孔  
2009/4
69. Seminar at RIKEN Research Center for Allergy and Immunology  
Expression dynamics of endogenous antisense/non-coding RNA in mammals – Expression analysis by genomic science approach.

- Kiyosawa H.  
2009/5
70. Seminar at National Institute of Genetics  
Novel characteristics of endogenous antisense transcripts in mammals revealed by genome-wide expression analysis, and their functional implications.  
Kiyosawa H.  
2009/6
71. 第八回新しいRNA/RNPを見つける会  
アンチセンス RNA によるゲノム刷り込み確立制御の解明を目指して  
小濱千裕、清澤秀孔  
2009/9
72. 第八回新しいRNA/RNPを見つける会  
レビュー:哺乳動物におけるアンチセンス/ncRNA  
清澤秀孔  
2009/9
73. 第32回日本分子生物学会  
Ube3a遺伝子の神経細胞特異的な刷り込みにおけるアンチセンスRNAの役割の解析.  
小濱千裕、加藤英政、沼田興治、清澤秀孔  
2009/12
74. 第32回日本分子生物学会  
Genome-wide analysis of expression modes and DNA methylation status at sense-antisense transcript loci in mouse.  
Watanabe, Y., Numata, K., Murata, S., Osada, Y., Saito, R., Nakaoka, H., Yamamoto, N., Watanabe, K., Kato, H., Abe, K., and Kiyosawa, H.  
2009/12
75. 第32回日本分子生物学会年会  
Cajal bodyに局在するRNA分子種の解析  
北尾紗織、光山統泰、廣瀬哲郎  
2009/12/9
76. 第32回日本分子生物学会年会  
細胞の内的／外的環境変化によって発現制御されるmRNA-like noncoding RNAの解析  
日野公洋、廣瀬哲郎  
2009/12/9
77. 第32回日本分子生物学会年会  
U7 snRNAによるヒストン遺伝子群の転写抑制機構の解析  
井手上賢、廣瀬哲郎  
2009/12/9
78. 第32回日本分子生物学会年会  
パラスペックル構造構築のためのnoncoding RNAと新規構成タンパク質の役割  
長沼孝雄、永井美智、五島直樹、佐々木保典、廣瀬哲郎  
2009/12/9

79. 第32回日本分子生物学会年会  
パラスペックル構造体によって制御される核内繫留mRNAの解析  
谷川明恵、横井崇秀、佐々木保典、廣瀬哲郎  
2009/12/9
80. 第32回日本分子生物学会年会  
核内構造構築を司る長鎖noncoding RNAの選択的3'末端形成を介した機能発現機構  
長沼孝雄、佐々木保典、中川真一、廣瀬哲郎  
2009/12/9
81. 第82回日本生化学会大会(シンポジウム)  
核内構造構築のための長鎖noncoding RNAの機能獲得機構  
廣瀬哲郎、長沼孝雄、北尾紗織、佐々木保典  
2009/10/22
82. RNAフロンティアミーティング2009  
U7 snRNAによるヒストン遺伝子群の転写抑制機能  
井手上賢、廣瀬哲郎  
2009/9/27
83. RNAフロンティアミーティング2009  
Social RNA(特別講演)  
廣瀬哲郎  
2009/9/26
84. 科学技術アカデミーコース  
ゲノムの暗黒物質:ノンコーディングRNAの新たな機能について  
廣瀬哲郎  
2009/9/15
85. 第11回日本RNA学会年会  
核局在型ノンコーディングRNAである MALAT-1の分解に関する研究  
谷英典、井尻憲一、廣瀬哲郎、秋光信佳  
2009/7/27
86. 第11回日本RNA学会年会  
長鎖ノンコーディングRNAであるMALAT-1 が核スペックルへ局在化する機構の解析  
水野利恵、宮川隆、中村陽、井尻憲一、廣瀬哲郎、秋光信佳  
2009/7/27
87. 第11回日本RNA学会年会  
未成熟T細胞株特異的ノンコーディングRNA Thy-ncR1の解析  
青木一真、佐野美穂、原島哲、廣瀬哲郎  
2009/7/27
88. 第11回日本RNA学会年会  
細胞周期のG1期におけるU7 snRNAによるヒストン遺伝子群の転写抑制  
井手上賢、廣瀬哲郎  
2009/7/27

89. 第11回日本RNA学会年会  
Cajal bodyに局在するRNA分子種の解析  
北尾紗織、廣瀬哲郎  
2009/7/27
90. 第11回日本RNA学会年会  
パラスペックル構造体によって制御される核内留置mRNAの解析  
谷川明恵、横井崇秀、佐々木保典、廣瀬哲郎  
2009/7/27
91. 第11回日本RNA学会年会  
MEN  $\epsilon$  /  $\beta$  ncRNAと新規構成タンパク質によるパラスペックル構造体の構築  
長沼孝雄、永井美智、五島直樹、佐々木保典、廣瀬哲郎  
2009/7/27
92. よこはまNMR構造生物学研究会第37回ワークショップ(招待講演)  
長鎖noncoding RNAの機能解析  
廣瀬哲郎  
2009/7/24
93. 「筋萎縮性側索硬化症の病態に基づく画期的治療法の開発」班のワークショップ(招待講演)  
長鎖ノンコーディングRNAが果たす多彩な機能と疾患との接点  
廣瀬哲郎  
2009/7/31

## 5. その他

### (1)受賞実績

- ・2006年12月:(財)病態代謝研究会最優秀理事長賞、廣瀬哲郎
- ・ Michiaki Hamada, Toutai Mituyama and Kiyoshi Asai, *2008-2009 SIGBIO Best Paper Award*
- ・相澤康則 東工大挑戦的研究賞 (平成19年度)
- ・平成20年4月 山中伸弥 2008年日経BP技術賞大賞
- ・平成20年4月 山中伸弥 平成20年度 科学技術分野の文部科学大臣表彰  
科学技術特別賞
- ・平成20年5月 山中伸弥 第61回(平成20年)中日文化賞
- ・平成20年5月 山中伸弥 The 2008 TIME 100 選出
- ・平成20年7月 山中伸弥 第6回高峰記念三共賞
- ・平成20年9月 山中伸弥 京都創造者大賞2008 特別賞
- ・平成20年9月 山中伸弥 Shaw Prize in Life Science 2008
- ・平成20年9月 鈴木 勉 第6回日本分子生物学会三菱化学奨励賞
- ・平成20年11月 山中伸弥 京都新聞大賞 文化学術賞
- ・平成20年11月 山中伸弥 Meira and Shaul G. Massry Prize
- ・平成20年11月 山中伸弥 Robert Koch Prize 2008
- ・平成20年11月 山中伸弥 平成20年秋の紫綬褒章
- ・平成20年11月 山中伸弥 2008年度 武田医学賞
- ・平成20年11月 寺井悟朗 ポスター賞 (CBRC2008)
- ・平成20年12月 佐藤健吾 JSBi 2008 best poster award (JSBi 2008)
- ・平成20年12月 山中伸弥 平成20年度上原賞
- ・平成20年12月 山中伸弥 平成20年度島津賞
- ・平成21年10月 山中伸弥 2009 Albert Lasker Basic Medical Research Award
- ・平成21年10月 山中伸弥 2009 Canada Gairdner International Award
- ・平成22年3月 山中伸弥 日本学士院賞・恩賜賞
- ・平成21年度 藤本健造  
科学技術分野の文部科学大臣表彰若手科学者賞  
「光化学的なDNA及びRNA操作システムの研究」
- ・塩見美喜子 第29回猿橋賞受賞