

機能性 RNA プロジェクト

浅井 潔、金 大真

(東京大学 教授／CBRC 総括研究員) (数理モデルチーム 研究員)

今年度から、経済産業省の「機能性 RNA プロジェクト」が、渡辺公綱先生（生物情報解析研究センター長）をプロジェクトリーダーとして開始されました。近年の研究で哺乳類などの高等生物に多数存在することが明らかになった、機能性の非コード RNA（タンパク質をコードしない RNA）を推定・解析・計測する技術の開発と実際の機能解析がこのプロジェクトの目的です。

プロジェクトはバイオインフォマティクス、ツール開発、機能解析の3分野から成っており、バイオインフォマティクス分野には、プロジェクトを受託した JBIC（日本バイオ産業情報化コンソーシアム）から、みずほ情報総研（株）、インテック・ウェブ・アンド・ゲノム・インフォマティクス（株）、（株）三菱総合研究所が参加し、産総研（金大真、津田宏治、木立尚孝）、東京大学（浅井研究室）、慶應義塾大学（榊原研究室、金井研究室）などは JBIC との共同研究の形で参加しています。その多くの研究員が、お台場にある CBRC と同じ建物（バイオ IT 融合研究棟）の7階（産総研・東京大学合同研究拠点）に集結して研究を行なっています。

バイオインフォマティクス分野での研究のうち、現時点で私がもっとも重要だと考えているテーマは3種類です。その第1は、1本鎖で二次構造を形成する RNA を扱うことのできる革新的な RNA 配列情報解析技術の開発です。cDNA データやゲノム配列から機能性 RNA を見つけるためには、二次構造を考慮して RNA 配列をアラインメントして比較・分類したり、検索を行ったりする配列解析技術が必要だからです。ところが、二次構造を厳密に考慮した配列比較には莫大な計算コスト（メモリと計算時間）が必要となり、新しいアルゴリズムの開発が不可欠です。第2は比較ゲノムを中心とした手法で実際に機能性 RNA を発見することです。既に比較ゲノムに基づく機能性 RNA 発見を行うソフトウェアは幾つか知られていて、それらを駆使して研究を進めていますが、第1のテーマで開発した技術も投入して、新規の機能性 RNA を見つけることを目指しています。第3は、機能性 RNA データベースの開発です。機能性 RNA に注目が集まるようになって数年しかたっていないので、Rfam などの広く知られた RNA のデータベースは存在するものの、まだ使いやすいデータベースの整備が行われていません。プロジェクト内の情報基盤を提供する目的で、機能性 RNA に関する既知の情報と、新しく発見した情報、中間解析結果などを総合的に扱うことのできるデータベースを開発しています。

プロジェクトに参加しているメンバーによって、Scarna（RNA 配列アラインメント）、Murlet（RNA 配列

マルチプルアラインメント）、RNamine（RNA 二次構造モチーフ抽出、クラスタリング）、PHMMTS（RNA 構造アラインメント）などの RNA 配列情報解析ソフトウェアが開発されています。これらのソフトウェアと開発中のデータベースに加えて、機能性 RNA に関する知識や情報を集約したサイトを立ちあげています（<http://www.ncrna.org/>）。



図1：機能性 RNA に関するポータルサイト www.ncrna.org



図2：Scarna ウェブサーバ www.scarna.org

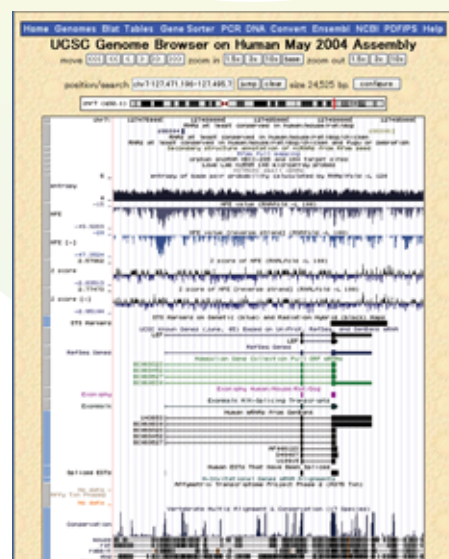


図3：機能性 RNA 情報を付加した UCSC ゲノムブラウザ