

に成功したことが示された。導入したオペロンは、すべての葉緑体ゲノムには挿入されなかったが、自殖後代においても安定に保持されていた。

また、これらポリエステル生産植物から培養細胞系を構築し、オーキシン類およびショ糖濃度が PHB 生産に与え

る影響について検討した。

^{*1} 基礎科学特別研究員, ^{*2} 訪問研究員, ^{*3} ジュニア・リサーチ・アソシエイト, ^{*4} 研修生

計算科学技術研究

Computational Science and Engineering

代表研究者 牧野内昭武

(素形材工学研究室)

1. 地球シミュレータ用並列ソフトウェア開発

研究担当者: 姫野龍太郎 (情報環境室); Xing H. ^{*1}, 宮村倫司 ^{*2}, 金井 崇 ^{*3}, 阪口 秀 ^{*3}, 荒川貴道 ^{*4} (素形材工学研)

地球シミュレータは、大気・海洋および固体地球分野における複雑な諸現象の解明を目指して、大規模超高速シミュレーションのための並列計算機および並列計算用ソフトウェアの研究開発を行う科学技術庁のプロジェクトである。理研は、このうち、固体地球分野のソフトウェア開発を担当しており、プレート運動に伴う地殻の変動、断層へのひずみの集積、それに起因する断層の動的なすべりと地震の発生、地震波の伝播という一連の現象を、そのまま通して大規模計算を行うためのソフトウェアの研究開発を行っている。これにより、大域的な地震の発生予測と、地震発生後の、局地的な地震波の伝播予測を目指すものである。

本年度は次のような開発を行った。(1) モデリング、メッシュジェネレーション、並列計算のための領域分割、有限要素法解析、可視化を通して行うためのトータルなシステム。(2) 静解析有限要素法と、動解析有限要素法プログラムへの、プレート境界面および断層面における、すべり依存摩擦構成則や、速度および状態依存摩擦構成則を扱うための機能の導入。(3) シミュレーションの出発点となる日本列島近辺の三次元地殻構造モデルを構築するための地殻 CAD。地殻構造データベース作成のための専用インターフェース、三次元ソリッドモデルを作成するための CAD 機能、それをメッシュジェネレータに渡すためのインターフェース。

^{*1} 協力研究員, ^{*2} 研究協力員, ^{*3} 共同研究員, ^{*4} 研修生 (埼玉大学院)

バイオアーキテクト研究

Bioarchitect Research Project

代表研究者 中野明彦

(バイオアーキテクト研究推進グループ)

1. 構築原理研究

(1) アポトーシス執行タンパク質の機能とその制御

研究担当者: 森島信裕 (遺伝生化学研)

生体内でのアポトーシス制御について調べるため、生体内でのカスパーゼ活性化検出系の構築を目指した。カスパーゼ-9 によって切断されたピメンチンのみを特異的に認識する抗体を作製し、これを用いてカスパーゼ-9 活性化の検出に成功した。分子シャペロンの未知機能解明のため、生化学的な解析を行った。ミトコンドリア HSP70 が従来知られているのとは異なる結合様式で特定の酵素に結合し、その特性を変換させていることを明らかにした。

(2) ミトコンドリア遺伝の原理

研究担当者: 凌 楓, 柴田武彦 (遺伝生化学研)

酵母ミトコンドリアの相同組換え、ホモプラスミー形成

に働く Mhr1 タンパク質の機能同定を旨とし、大腸菌で Mhr1 タンパク質大量発現系を構築した。その際、Mhr1 タンパク質を発現する大腸菌細胞で、核様体分離抑制に起因すると見られる異常を見つけた。この仮説を裏付けるとともに、酵母ミトコンドリアでも核様体分離抑制を見いだした。Mhr1 タンパク質の核様体分離抑制は、ホモプラスミー成立と mtDNA 相同組換えでの機能を説明できる。

(3) 個体における核ゲノムの安定性と組換え制御の構築原理

研究担当者: 川崎勝己, 柴田武彦 (遺伝生化学研)

個体における核ゲノムの安定性と組換え制御の構築原理を知ることが目的として、ショウジョウバエ相同的組換え関連 RECQE タンパク自身の機能を明らかにした。また初期胚で RECQE タンパクと共同して働くタンパクを複数見

いだした。これらの結果から新しいタイプの核ゲノムの安定性と組換え制御機構のモデルを提出した。

(4) 染色体の階層構造と動的性質の制御

研究担当者：太田邦史（染色体動態制御研究ユニット）

染色体は生命現象のシナリオが記述された機能的遺伝担体である。その再編成と組換えは、遺伝情報の維持と進化にとって極めて重要な意義を持つ。染色体構造の最下階層である DNA 配列が組換えに及ぼす効果を、クロマチン構造との関連から調べ、転写制御配列や複製開始点配列が組換え制御に重要な役割を果たすことを明らかにした。また、クロマチンレベルの解析で、減数分裂期組換えと DNA 合成が共役していることを示した。

(5) 染色体形成と安定維持に関わるタンパク質超分子複合体の再構成

研究担当者：胡桃坂仁志、横山茂之（細胞情報伝達研）

ヒト染色体の試験管内での再構成を目標として、まず染色体セントロメア領域に局在するタンパク質（CENP-B）と DNA との複合体の高次構造を、X 線結晶構造解析により明らかにした。また、ヒトの機能未知の遺伝子であった *Xrcc3* および *Rad51C* の産物が、フィラメント構造を形成する DNA 組換え修復酵素であることを明らかにした。

(6) DNA 修復機構のネットワークと核構造

研究担当者：菅澤 薫、花岡文雄（細胞生理学研）

生物の遺伝情報の維持において重要な役割を担う DNA 修復機構を、他の核機能や核内構造との相互作用を含めて解明し、その試験管内での再構成を目指す。本年度は、ヌクレオチド除去修復（NER）における DNA 損傷認識因子である XPC-HR23B 複合体の機能解析を通じて、NER における多段階損傷認識機構の存在を明らかにした。また、XPC タンパク質と相互作用する新規因子の探索を行ったほか、DNA 損傷に伴う XPC タンパク質の特異的な翻訳後修飾を見だし、その解析を行った。

(7) 染色体 DNA 複製装置の分子構築と制御機構の解明

研究担当者：水野 武、花岡文雄（細胞生理学研）

DNA ポリメラーゼ α の p180 触媒サブユニットが 3 つのドメインに分割され、コアドメインがポリメラーゼ活性に必要な最小領域であること、亜鉛フィンガードメインが一本鎖 DNA 結合活性を有することを明らかにした。また、DNA ポリメラーゼ α に特異的な阻害剤として、dehydroalatenusin を同定した。一方、酵母 Two-hybrid 法を駆使し、新規の複製関連因子としてヒト MCM10 ホモログをクローニングした。

(8) 真核細胞の翻訳調節機構

研究担当者：松本 健、辻本雅文（細胞生化学研）

真核細胞内では (pre-)mRNA は裸の状態では存在せず特定のタンパク質との複合体である hnRNP や mRNP の形で存在すると考えられる。翻訳を抑制し、mRNA を分解から守る mRNA-タンパク質複合体の試験管内再構成を試み、その電子顕微鏡での観察を行った。

(9) ヘパラン硫酸/ヘパリンの生合成酵素の機能分化と細胞構築

研究担当者：相川順一、辻本雅文（細胞生化学研）

ヘパラン硫酸/ヘパリン鎖の生合成酵素の 1 つである脱 N-アセチル/N-硫酸転移酵素の構造と機能を明らかにすることを目的に研究を行った。各 NDST アイソザイムを培養

細胞で発現させたところ、NDST1 および NDST2 では硫酸化の修飾が増進していたが、NDST3 では認められなかった。また、NDST1 の N-硫酸転移酵素および脱 N-アセチル化酵素ドメインの大腸菌での大量発現について試みた。

(10) 金属・色素コファクターを含むタンパク質の構築原理と機能発現

研究担当者：野口 巧（生体物理化学研）

光合成酸素発生反応の分子機構を解明するため、光誘起フーリエ変換赤外吸収法を用いて、基質水分子の O-H 伸縮振動を初めて検出し、その構造の知見を得た。また、酸素発生の反応サイクルにおけるすべての閃光誘起遷移の赤外スペクトルの測定に成功し、酸素発生機構解明のための手段を確立した。さらに、密度汎関数法を用いてヒスチジン側鎖の基準振動解析を行い、そのプロトン化構造を決める赤外・ラマンマーカーを同定した。

(11) 生体分子複合体の質量分析

研究担当者：瀧尾擴士（生体分子解析室）

膜タンパク質は、脂質二重膜を形成する脂質との相互作用により立体構造が形成され、機能を発揮する。両親媒性ペプチド、蜂毒メリチンをモデルとして Dodecylphosphocholine (DPC) ミセルとの相互作用による構造形成をアミド水素の交換速度から検討した。

(12) クロマチンの構造変換機構によるゲノム機能の制御

研究担当者：永田恭介*（バイオアーキテクト研究推進グループ）

遺伝子-タンパク質複合体の動的な機能を明らかにするためには、複合体の構造変化を誘起し維持する要因の同定と機構解析が重要と考えられている。本年度は我々が開発した遺伝子-タンパク質複合体を鋳型とした無細胞転写・複製系を用いて、複合体の構造変換に関わる因子を系統的に探索した。その結果、「酸性分子シャペロン」と総称できる因子群の同定・単離に成功した。

(13) 神経細胞死の実行制御機構の研究

研究担当者：三浦正幸*（バイオアーキテクト研究推進グループ）

神経細胞死の実行機構を明らかにし、そのメカニズムを操作することによって神経細胞死の意義に迫る研究を展開する。この目的のために、生体での神経細胞死誘導を指標にショウジョウバエを用いた分子遺伝学的な手法で、細胞死誘導因子を同定する。また、生体での細胞死を感度よく検出する新しい方法の開発も行う。

* 共同研究員

2. 適応制御システム研究

(1) 小胞輸送経路における分子選別とオルガネラ形成の分子メカニズム

研究担当者：佐藤 健（10）、中野明彦（生体膜研）

出芽酵母ゴルジ体膜タンパク質 Rer1p が小胞体膜タンパク質 Sec12p の膜貫通領域と特異的に相互作用し、ゴルジ体から小胞体へと送り返す逆送レセプターであることを示した。また、Rer1p と緑色蛍光タンパク質（GFP）の融合タンパク質を構築し、Rer1p のゴルジ体局在化の分子メカニズムについて解析を行った。その結果、生細胞において Rer1p がゴルジ体と小胞体間を活発にリサイクリングしな

が機能しており、この動態にはゴルジ体から形成される COP I 小胞の働きが重要であることが明らかとなった。

(2) 小胞輸送におけるタンパク質選別機構の解析

研究担当者：佐藤 健 (12), 中野明彦 (生体膜研)

小胞輸送における、可溶性積み荷タンパク質の輸送小胞への積み込み機構を解明するため、試験管内再構成系を用いて解析を行った。ER-Golgi 間の輸送小胞の形成途上において、輸送小胞の被覆タンパク質と可溶性積み荷タンパク質が複合体を形成するための最適な条件を見いだした。

(3) 液胞タンパク質の局在異常を指標にした高等植物の小胞輸送突然変異体の単離

研究担当者：安部 弘, 中野明彦 (生体膜研)

高等植物の小胞輸送を可視化するために、種々の液胞タンパク質に GFP を融合したマーカータンパク質を発現する形質転換アラビドプシスを作製した。液胞膜の動的な bulb 構造が、 γ -TIP-GFP 発現個体の共焦点レーザー顕微鏡観察により明らかになった。また液胞タンパク質の輸送過程あるいは液胞内での存在状態に、光による制御機構が働いていることを初めて見いだした。

(4) 複合糖質の細胞内転送制御物質

研究担当者：室井 誠, 高月 昭 (動物・細胞システム研)

糖タンパク質細胞内転送の機構解析のために、ウイルス外被糖タンパク質の細胞表層出現の結果起こる細胞融合を指標として選択的な阻害剤を探索した。探索の結果、ミコフェノール酸の誘導体である新規物質 F13459 の単離・構造解析を行った。また、同定されたラディシコールについても解析を加えた。

(5) ストレス応答型 MAP キナーゼ p38 のマウスにおける機能解析

研究担当者：須藤龍彦, 長田裕之 (抗生物質研)

p38 の個体における生理機能を明らかにすることを目的に、C57BL/6J の 8 週齢のオスを用いて、脳における p38 の発現を検討した。その結果、嗅索、視索、前交連、小脳髄質、外包、線条体などの神経束で強い免疫活性が見られた。さらに詳細な検討を行った結果、神経軸索ではなくそれを取り囲むミエリン鞘に p38 が強く発現していることを明らかにした。

(6) 生体における酸素適応とその情報伝達系

研究担当者：中村寛夫, 城 宜嗣 (生体物理化学研)

根粒菌の酸素センサータンパク質 FixL/FixJ の酸素センシングとリン酸化シグナリングの分子機構を解明する目的で FixL のセンサードメインの結晶構造解析と分子分光解析、および、FixL キナーゼドメインと FixJ のリン酸基受容ドメインの変異体の生化学的解析を行った。また、動物細胞の低酸素応答の情報伝達系の研究にも着手した。

(7) 枯草菌 Na^+/H^+ 対向輸送系の構造と機能

研究担当者：古園さおり, 工藤俊章 (微生物学研)

イオン輸送における各 Sha タンパク質の役割を知る目的として、各 sha 遺伝子の破壊を行い、破壊株の性質を調べた。sha オペロン内のどの遺伝子を破壊しても Na 感受性をもたらした結果から、sha 遺伝子は全てイオン輸送に関わる 1 つの系を構成することが示唆された。栄養増殖から孢子形成への遷移期にイオン環境調節を受ける因子を探索する目的で、shaA 破壊株のプロテオーム解析を行った。shaA 破壊株では一次代謝関連タンパク質やストレス誘導タンパク

質の発現が野生株に比べて高くなっていたことから、shaA 破壊株が準ストレス状態にあり、かつ定常期に入った後も栄養増殖期の代謝状態が続いていることが示唆された。

(8) 植物病原系状菌の細胞内圧力調節機構の解析

研究担当者：本山高幸, 中迫雅由*, 山口 勇 (微生物制御研)

糸状菌の生長や病原性の発揮にはその細胞内圧力や細胞壁合成の厳密な制御が必要とされる。イネいもち病菌は細胞内のグリセロール濃度を上昇させることにより、80 気圧にも達する膨圧を発生させてイネに感染する。このメカニズムを解析するため、グリセロール蓄積に関与することが予想されるヒスチジンキナーゼ遺伝子をイネいもち病菌からクローニングし、遺伝子破壊等により機能解析を行った。遺伝子破壊体は高濃度の糖に応答したグリセロール蓄積能の低下を示した。

(9) 微生物酵素における新規翻訳後修飾生成系に関する研究

研究担当者：尾高雅文 (生化学システム研)

鉄型ニトリルヒドラターゼ (NHase) は活性中心に新規なシステイン翻訳後修飾を含む酵素である。NHase ファミリーにおける翻訳後修飾の生成機構および機能を明らかにするため、以下の研究を行った。鉄型 NHase は光活性化後も不活性型と同様に $\alpha\text{Cys112-SO}_2\text{H}$ と $\alpha\text{Cys114-SOH}$ という翻訳後修飾を有し、 $\alpha\text{Cys114-SOH}$ が $\text{Cys-SO}_2\text{H}$ に酸化されると失活することを明らかにした。また、少なくとも $\alpha\text{Cys112-SO}_2\text{H}$ の修飾は他の Fe 型、Co 型 NHase を初め NHase に相同なチオシアネート加水分解酵素においても保存されていることを明らかにした。

(10) 成熟細胞および幹細胞を用いた生体外組織形成と人工臓器への応用

研究担当者：松下 琢* (バイオアーキテクト研究推進グループ)

ヒト胎児肝細胞を増殖させた後、EGF およびインスリンを含む無血清培地中で負電荷を有する培養基材表面で培養することで、自発的に直径 100 μm 程度の三次元球状細胞集塊 (スフェロイド) を形成させることができた。このスフェロイド形成によって、増殖中に消失したアンモニア代謝機能の回復が確認された。胎児肝細胞は肝幹細胞を多く含まれると思われ、今後生体外における肝幹細胞からの部分的肝組織形成のモデル系になりうるものと思われる。

(11) 酵母ゴルジ体の構造と機能の動的な形成維持機構

研究担当者：依田幸司* (バイオアーキテクト研究推進グループ)

小胞輸送におけるゴルジ体の構造・機能・形成機構などを明らかにするため、酵母の Uso1, Sly1, Vig4, Sed5, Tlg2 などゴルジ体に関わる重要なタンパク質の働きと小胞膜との相互作用を調べ、新たな興味深い知見を得た。またゴルジ体の各領域の小胞を免疫吸着で単離する方法を確立し、詳細な生化学的解析を開始した。

* 共同研究員

3. 統合最適化研究

(1) 統合システムとしての共生系研究

研究担当者：大熊盛也, 工藤俊章 (微生物学研)

シロアリ腸内共生原生生物の多くの種について分子系統を確認し、また、原生生物の細胞内に共生するメタン生成古細菌、および、細胞表面に付着共生するスピロヘータについて分子系統学的に同定した。どちらも原生生物-共生微生物間で1対1に固定された単純な関係ではなく、より動物的かつ複雑な関係である可能性が考えられた。

(2) シロアリ共生系からの培養を介さない遺伝情報の取得とそれに基づく共生系およびその構成生物の分子生物学的解析

研究担当者：守屋繁春，工藤俊章（微生物学研）

シロアリ共生性原生生物の分子系統学的解析を転写伸長因子と微小管構成タンパク質の配列を用いて行った。その結果、共生原生生物は原始的な真核生物と考えられ、かつ真核生物の微小管システムの大きな分岐をすでに経験していることが明らかとなった。また、シロアリ共生菌類の集団構造解析を行った。その結果、シロアリの菌園は、唯一種類の菌類から構成されていることが分かった。この菌は *Termitomyces* 属の担子菌であった。

(3) 植物ホルモン系の制御による植物機能の再構築

研究担当者：浅見忠男，中野雄司（植物機能研）

植物ホルモンの作用を明らかにすると同時に任意の形態や機能を有する植物の出現を目ざして研究を行い、以下の結果を得た。(i) ブラシノステロイド生合成阻害剤である Brz91 の作用部位を確定した。新規であり、かつ特異性が高いまたは作用部位が新しい BBI である Brz220, Brz2001 やスピロノラクトンの開発に成功した。(ii) ブラシノステロイド欠損状態に依存的に形態発現する変異体を選抜した。(iii) 特異的アブシジン酸生合成阻害剤のリード化合物を開発した。(iv) 複数存在すると予想されるアブシジン酸受容体中特定の受容体に作用すると予想されるアゴニストを見いだした。

(4) 植物ホルモン系による葉緑体機能最適化機構の解明

研究担当者：中野雄司，浅見忠男（植物機能研）

葉緑体機能を制御する植物ホルモンとしては、ポジティブ因子としてサイトカイニン，ネガティブ因子としてブラシノステロイドが知られるが、その詳細な機構は未だ知られていない。そこで、本研究では、主としてこの2種植物ホルモンによる葉緑体機能制御の詳細を分子生物学的手法により解明することを目的とする。現在、タバコ緑色培養細胞に対するディファレンシャルディスプレイ法によって *cig* 群 (cytokinin-inducible gene) を数種単離し機能解析を進めている。また、ブラシノステロイド生合成阻害剤 *brz* に耐性を示す突然変異体 *bil* 群 (前項参照) について葉緑体分化の遅延傾向を認め、その詳細を解析中である。

(5) 高等植物における小胞輸送のダイナミクスとその分子機構の解析

研究担当者：上田貴志，中野明彦（生体膜研）

高等植物に特異的に存在する Rab/Ypt GTPase, Ara6 について、その細胞内局在化機構、および機能解析を行った。その結果、Ara6 は植物細胞内においてエンドソームの融合を制御しており、アミノ末端の脂質修飾，ヌクレオチドの結合，カルボキシル末端の数アミノ酸の協調的な働きにより、エンドソームに局在していること等が明らかとなった。

(6) 酵母細胞膜タンパク質の小胞輸送経路の解析

研究担当者：平田龍吾，高月 昭（動物・細胞システム研）

細胞膜タンパク質の細胞内輸送過程における選別輸送機構の多様性を明らかにすることを目的として、細胞膜タンパク質の局在に影響する酵母変異株を検索した。その結果、細胞内小器官酸性化の主体である液胞型プロトンポンプの欠失変異や本酵素の選択的阻害剤が、複数回膜貫通型の細胞膜タンパク質である Pma1p の液胞への誤輸送を誘起する現象を認めた。

(7) バキュロウイルスを利用した遺伝子導入系の確立と昆虫機能の包括的解析への応用

研究担当者：松本正吾（分子昆虫学研）

昆虫における細胞レベルでの機能発現と神経ホルモンによる機能調節の分子機構解明に向け、バキュロウイルスを用いたカイコ組織への遺伝子導入系を *in vivo*, *in vitro* で検討した。その結果、フェロモン産生細胞における *in vitro* での遺伝子導入系がフェロモン腺での遺伝子機能解析に適応しうることが示された。さらに、この系を用いて組織特異的なプロモータ領域を解析するため、フェロモン腺特異的に発現する複数の機能分子遺伝子のクローニングを行った。

(8) バキュロウイルスと昆虫宿主との分子応答機構の解明

研究担当者：姜 媛瓊，松本正吾（分子昆虫学研）

昆虫を宿主とするバキュロウイルスの増殖機構を解明するため、バキュロウイルス-宿主の間の相互作用に着目した研究を行った。酵母の2-ハイブリッド法を用いた結果、前初期遺伝子 *ie-2* は細胞周期や転写に関わっている可能性がある宿主の遺伝子産物と、他方核酸結合タンパク質である BRO-A は宿主のラミニンと相互作用することが示唆された。また、カイコ核多角体病ウイルスの感染によりカイコ蛹の脂肪体崩壊が阻止できることを明らかにした。

(9) 植物病原菌の宿主植物との相互作用に関わる細胞因子の解明

研究担当者：鎌倉高志（微生物制御研）

いもち病菌の感染特異的器官の分化に関わる遺伝子の解析を通じて、糸状菌の細胞分化のメカニズムを探るとともに、植物病原性獲得の進化の問題に迫ることを目的として、分化ステージに発現する遺伝子群の機能解析を行った。遺伝子破壊法の効率化とそれによるいくつかの遺伝子破壊に成功し、細胞接着またはその物理的認識にかかわるのではないと思われる遺伝子について解析した。

(10) 微小管重合阻害剤を用いた重合阻害機構の解析

研究担当者：臼井健郎，長田裕之（抗生物質研）

間期の微小管ネットワークに影響を与えず、M 期特異的に紡錘体形成異常を引き起こす化合物として報告された monastrol の標的分子の同定を、チューブリンカラムを用いて行った。薬剤存在下・非存在下でカラムへの結合・各種溶出条件下で違いが見られるタンパク質を検索したところ、約 120 kDa 付近に特異的なバンドを検出した。

(11) デノボ設計による構築原理の解明

研究担当者：磯貝泰弘（生体物理化学研）

天然タンパク質のアミノ酸配列とは独立に、天然様の構造特性と機能をもつ新規タンパク質をデノボ設計することを目指す。立体構造データベースから得られる経験的ポテンシャルエネルギーを用いてミオグロビンおよび λ CRO の立体構造に適合するアミノ酸配列をそれぞれ理論設計し、これらの配列をもつ人工タンパク質の合成・解析を行った。これらの結果を設計にフィードバックし、新しい設計用関

数の作製を行った。

(12) 新生物機能創成のためのマイクロ生化学システムの研究

研究担当者：藤井輝夫^{*} (バイオアーキテクト研究推進グループ)

生命の構成原理に基づく新たな機能の創成を考えるためには、人工的に制御可能な環境において生物プロセスを実現するような新しい実験系を用意する必要がある。本研究では、試験管内で行ってきた従来の生化学反応および分析プロセスとは異なる新しいシステムとして、マイクロチップを用いた反応分析プロセスの研究開発を進めている。本年度は、種々の生化学反応に必要な温度制御機能を有するマイクロチップの開発を試み、マイクロチップ上でPCR反応による遺伝子増幅ならびに生体外タンパク質合成反応が可能であることを確認するとともに、増幅した断片の確認についても同一チップ上に設けたマイクロチャンネル内で行うことに成功した。

(13) 非対称細胞分裂を制御する細胞極性の研究

研究担当者：松崎文雄^{*} (バイオアーキテクト研究推進

グループ)

ショウジョウバエの神経幹細胞は非対称分裂の際、神経の運命決定因子である転写因子や Notch シグナルの制御因子が姉妹細胞に不等分配される。神経幹細胞におけるこれらの運命決定因子の細胞内局在に機能する因子を遺伝的に検索したところ、2つのがん抑制因子が同定され、神経細胞の運命決定、分化因子の細胞内局在、がん抑制という従来関連が知られていなかった3つの現象に接点を見いだした。

(14) 実験室進化系の構築

研究担当者：四方哲也^{*} (バイオアーキテクト研究推進グループ)

一定の構造と高い機能を示す特別なアミノ酸配列はどのように進化してきたのだろうか。この問題にアプローチするために、実験室でランダムなアミノ酸配列をもつポリペプチドライブラリーの合成を行った。その結果、今後の選択系に必要な条件を満たすファージライブラリーが完成した。

^{*} 共同研究員