

事後評価報告書(日スウェーデン研究交流)

1. 研究課題名:「真核生物染色体高次構造構築原理についての革新的研究」

2. 研究代表者名:

2-1. 日本側研究代表者: 東京大学 分子細胞生物学研究所 教授 白髭 克彦

2-2. 相手側研究代表者: カロリンスカ研究所 細胞分子生物学部門 チームリーダー

Camilla Sjögren

3. 総合評価:(S)

4. 事後評価結果

(1)研究成果の評価について

日本側が開発した Chip-HTS 技術および大規模な ChIP-seq データを高速・省メモリで解析することができる染色体情報解析システム DROMPA を用いることにより、スウェーデン側が機能解析を行ってきた SMC タンパク質の染色体上でのマッピングが可能となり、その結果、DNA 複製の際に生じる DNA の超らせんストレスを解消するための新規メカニズムを発見、共同研究として Nature に発表した成果は極めて高く評価できる。また、関連して 10 編の論文が期間内に発表されたことは大きな成果である。さらに、DROMPA の開発により、幅広いゲノム解析、生物種の染色体構造の解析が可能となり、それを国内外の研究者が使用できるように web 上に公開した点は、今後の染色体研究領域の発展に大きく貢献するものであり、高く評価できる。

2)交流成果の評価について

海外から毎年 5 名の研究者を 4 ヶ月にわたり受け入れ、実質的な共同研究を行った点は高く評価できる。また、研究室内の会話は全て英語で行う等、国際的に通用する人材育成への配慮が認められる。ほぼ毎年カロリンスカ研究所を訪問し、セミナーへの出席、国際会議での講演を行うなど、研究上の情報交換も積極的に進められた。引き続き共同研究が計画されており、持続的な交流が期待できる。一方、本事業に関わる日本側の若手研究者の海外派遣がなされていない。相手側研究機関に送り、現地での実験に参加させるなど、人材育成の観点からの配慮が必要である。

(3)その他(研究体制、成果の発表、成果の展開等)

共同研究の目的が当初より明確で、かつ、両国の研究者間で共有されていたことが成功の鍵であったと思われる。二国間共同研究事業の優れたモデルケースである。染色体動態と疾患の関連の解明は、今後のエピゲノム医療の発展に必要不可欠であるため、基礎研究として更に展開することが期待される。