

細胞内でネットワークを構成しているタンパク質の相互作用を 試験管内で解析するための新しいツールの開発

I 試験研究の全体計画

1. 研究の趣旨

ゲノム機能の解明と統合化は、医療・環境問題は言うに及ばず、物質・エネルギー生産、食糧等への貢献に向けた21世紀のバイオテクノロジーの最重要課題の1つである。その目的を達成するには、機能未知の遺伝子および遺伝子群の機能を一貫した手法で系統的かつ迅速に解析する手法が必要である。

本提案では、ネットワークを構成している遺伝子群を同定するために、cDNAライブラリーからタンパク質-タンパク質相互作用やタンパク質-核酸相互作用を指標にして、大規模、迅速に*in vitro*でスクリーニングする新しい操作法を開発することを目的とする。この操作法は、遺伝子型と表現型の二つの新しい対応付け分子を用いて達成される。一つの対応付け分子は、遺伝子型(mRNA)と表現系(そのmRNAの翻訳産物であるタンパク質)がピューロマイシンを介して化学結合により一体化した分子(*in vitro virus*)である。もう1つの対応付け分子は、遺伝子型(DNA)と表現系(そのDNAの翻訳産物であるタンパク質)がストレプトアビジン・ビオチンの安定な結合を介して連結した分子(STABLE法)である。タンパク質部分の相互作用(表現型)に基づくスクリーニングで得られる対応付け分子から、直ちにそれをコードする遺伝子型であるmRNAやDNAの配列が同定できる仕組みになっている。

この*in vitro virus*法やSTABLEを用いるスクリーニング法は、タンパク質-タンパク質相互作用や核酸-タンパク質相互作用をしているタンパク質を、従来の手法では及ばないほど大規模、迅速、確実につり上げ、検出することが可能である。

また、ピューロマイシンの蛍光物質誘導体を用いた場合には、タンパク質のC末端を効率的に蛍光ラベル化できる。C末端ラベル化は、タンパク質の立体構造や機能に影響を与えないので、相互作用の検定に威力を発揮する。この単一の原理に基づいて構築される*in vitro virus*とC末端ラベル化タンパク質を用いれば、機能未知の遺伝子群の機能を一貫した手法で系統的かつ迅速に解析することが可能になる。さらに、C末端ラベル化法と蛍光相互相関分光法(以下FCCS法と略す)やマイクロアレイ法を組み合わせると、タンパク質-タンパク質相互作用や核酸-タンパク質相互作用などの分子間相互作用を、従来の検出限界を越える高感度、高効率で検出することが可能になる。本手法

はカタログ化されたcDNAに対応するタンパク質のC末端を無細胞翻訳系において温和な条件下でラベル化した後、FCCS法やマイクロアレイ法を用いて極微量の試料で、短時間で自動測定する高効率(High Throughput)の遺伝子ネットワークの解析手法である。

2. 研究内容及び目標

1. *in vitro virus*を用いたゲノム機能解析法の開発

(1) *in vitro virus*を用いた機能未知遺伝子のスクリーニングと検出システムの開発(慶應義塾大学理工学部)

マウスやヒトのcDNAライブラリーから機能未知遺伝子を*in vitro*でスクリーニングし、タンパク質-タンパク質相互作用およびタンパク質-核酸相互作用を微量かつ簡便に検出する基盤技術の開発に関する研究を行う。本課題の最終目標は、機能未知の遺伝子を迅速かつ確実にスクリーニングする手法の確立であり、3年後の中間達成目標は、*in vitro virus*を用いて、いくつかの機能既知および機能未知の遺伝子のネットワーク解析を行い、その最適条件を検討し、*in vitro virus*法のネットワーク解析における有用性を検証することである。STABLE法では、タンパク質とそれをコードするDNAとの対応づけをエマルジョン中の逆相ミセルの中で行うため、安定かつ均一なサイズ分布のミセルを含むエマルジョンの作成はきわめて重要である。これまで大腸菌S30抽出液由来の無細胞転写翻訳系を用いた条件検討を行ってきたが、本年度は、cDNAライブラリーのスクリーニングに適すると考えられる真核生物由来の無細胞転写翻訳系を用いて、エマルジョン形成条件の検討を行う。具体的には、オイルに加える転写翻訳系の量、逆相ミセル膜を構成する界面活性剤の種類・量、攪拌する速度、反応温度等の条件を変えて、エマルジョン中のミセルのサイズ分布をレーザー散乱法で測定する。

(2) *in vitro virus*を用いたマウスポリコーン遺伝子群の機能解析(早稲田大学教育学部)

発生や分化において「細胞メモリー」の本体をなすと考えられる遺伝子発現状態の維持に機能するポリコーン遺伝子群が最近注目を集めている。我々はマウスポリコーン遺伝子M33を取り上げ、M33ノックアウトマウスにおける遺伝子発現の解析を通じて本遺伝子群の発生・分化における機能を明らかにすることを全体的目標とする。第I期においては、M33ノックアウトマウスおよびそれより樹立した培養細胞を用いた遺伝子導入系を用いてmRNAディフュゼンシヤル・ディスプレイ法によりM33遺伝子の下流遺伝子を明らかにし、これら遺伝子間、および他の遺伝

子との相互作用の実態を *in vitro* virus 法を用いて明らかにすることを目標とする。

(3) *in vitro* virus を用いた jumonji 遺伝子の分子カスケード解析(㈱三菱化学生命科学研究所)

jmj 遺伝子の生体内での機能の理解のため、*in vitro* virus 法を用い、jmj 遺伝子産物と結合するタンパク質の同定と遺伝子カスケードの解明をめざすと同時に *in vitro* virus 法の未知結合タンパク質の同定への有用性を検証する。3年後の中間達成目標は、*in vitro* virus 法を用い、jumonji 遺伝子周辺の遺伝子カスケードとタンパク質相互作用を明らかにし、*in vitro* virus 法のネットワーク解析における有用性を検証することである。

(4) タンパク質-ゲノム DNA 相互作用解析手法の開発(㈱三菱化学生命科学研究所)

イントロンを含む巨大なゲノム遺伝子の機能解析は、最終的には個別の遺伝子の適切な変異体の作製とその遺伝子発現の解析手段に依存する。そのためにはこのプロセスを一貫した手法で系統的かつ迅速に解析する手法の開発を目指す。ゲノム遺伝子はそのサイズが百 kb を越えることがしばしばある。目的とする巨大 DNA だけを直接クローニングしたり、希望する遺伝子変異体に改変する操作法の開発を行う。さらに重要な遺伝子発現の制御領域の解析のための長大な DNA 領域の自由な取り扱いと、迅速なスクリーニング手法の開発も行う。

2. タンパク質の C 末端ラベル化手法と蛍光相互相関分光法やマイクロアレイ法を利用した高感度分子間相互作用検出システムの開発

(1) タンパク質の高効率 C 末端ラベル化手法と分子間相互作用検出システムの開発(慶應義塾大学理工学部)

蛍光相互相関分光法(FCCS 法)は *in vitro* virus 法でスクリーニングされたタンパク質-タンパク質相互作用やタンパク質-核酸相互作用のキネティクスを詳細に解析し相互作用を確認する上できわめて有効であるが、多検体の未知サンプルに対して、結合の有無のみを単純に判別し High-Throughput スクリーニングする簡便な方法としては、プロテインマイクロアレイが優れている。タンパク質の C 末端ビオチン化と、プロテインマイクロアレイによる DNA-タンパク質相互作用の検出という前年度の成果をふまえ、本年度はプロテインマイクロアレイ法によるタンパク質-タンパク質相互作用の検出を目指す。具体的には、c-Fos と c-Jun などのモデルタンパク質を用いて、タンパク質 C 末端をビオチンラベル化し、それらのタンパク質をマイクロアレイヤーを用いてアビジンを塗布したスライドガラス上に固定化し、蛍光ラベル化タンパク質をふりかけ吸着・洗浄後、専用スキャナーで検出するという各ステップについて詳細な条件検討を行う。固定化するタンパク質として 1mg/ml 程度の濃度のサンプルが必要となるので、C 末端ラベル化法によるビオチンラベル化タン

パク質のさらなる収量増大の条件についても前年度に引き続き検討を行う。

(2) 高効率コムギ胚芽無細胞タンパク質合成システム開発(愛媛大学工学部)

高効率無細胞タンパク質合成システムの開発は、本研究課題の基盤となる要素技術のひとつである。そこで、まず、3年後の無細胞系開発の達成目標を、1) 高分子量タンパク質合成能を保持した高翻訳効率化、2) 機能性の付与と安定化、3) 簡便性の3点に焦点を絞り研究を推進する。このため、今年度の研究課題として、「高効率コムギ胚芽無細胞タンパク質合成システム開発の研究」を設定し、次の両面から研究を遂行する。すなわち、(1)高翻訳活性胚芽抽出液の調製とタンパク質合成反応液のキット化、(2)機能既知遺伝子群についてそれらのコードするタンパク質の合成とタンパク質の C 末端標識、タンパク質間相互作用の解析である。

(3) 蛍光相関分光法を利用した高感度分子間相互作用検出装置の開発(北海道大学電子科学研究所)

これまで進めてきた蛍光相関分光法(Fluorescence Correlation Spectroscopy, 以下 FCS)は分子間相互作用において、その変化が10倍以上ないときは検出が困難である。その点を克服するためには、相互作用を行う分子にそれぞれ別の発光波長を持つ蛍光式を標識して、個々の蛍光の揺らぎの相互相関を取ることによって分子量変化によらない分子間相互作用を検出できることが期待される。

大規模未知遺伝子翻訳産物を対象とした FCS 解析と共に新たに蛍光相互相関分光法(Fluorescence Cross Correlation Spectroscopy, FCSS)を用いたタンパク-タンパク相互作用検出システムの基礎の確立を目指す。

前年度に引き続き蛍光相互相関分光法を用いたタンパク-タンパク相互作用検出システムの確立を目指し、特に大規模試料集団を対象とした、微小量試料、短時間測定並びにオンラインデータ解析システムの構築をする。そのため試料の分取、移送、測定、解析、判定までの一連の流れを構成して、実行可能なシステムを検討する。

3. 年次計画

本プロジェクトでは、ネットワークを構成している遺伝子群を同定するために、cDNA ライブラリーからタンパク質-タンパク質相互作用やタンパク質-核酸相互作用を指標にして、大規模、迅速に *in vitro* でスクリーニングする新しい操作法を開発することを目標とする。

第 I 期では、*in vitro* virus 法と STABLE 法と C 末端ラベル化法を用いて、いくつかの機能既知および機能未知の遺伝子のネットワーク解析を行い、その最適条件を検討し、ネットワーク解析における有用性を検証することである。

第 II 期では、*in vitro* virus 法と STABLE 法を用いた機能未知遺伝子のスクリーニングと検出システムの自動化を

計る。

また *in vitro* virus 法と STABLE 法によりカタログ化された、あるいは既にカタログ化された cDNA 大規模遺伝子集団の翻訳産物を C 末端ラベル化し、すべての過程を自動

化した分子間相互作用解析システムを蛍光相互相関分光法 (FCCS 法) とマイクロアレイ法を中心に構築し、これまでにない新たな概念の高効率 (High Throughput) 遺伝子機能スクリーニング法を確立する。

研究項目	11年度	12年度	13年度	14年度	15年度
1. <i>in vitro</i> virus を用いたゲノム機能解析法の開発					
(1) <i>in vitro</i> virus を用いた機能未知遺伝子のスクリーニングと検出システムの開発	<i>in vitro</i> virus 法と STABLE 法を用いたスクリーニング手法の確立 <i>in vitro</i> virus 法と STABLE 法の機能既知、機能未知遺伝子への適用 <i>in vitro</i> virus 法と STABLE 法を用いたスクリーニング手法の HTP 化				
(2) <i>in vitro</i> virus を用いたマウスポリコム遺伝子群の機能解析	M33 の下流遺伝子群の探索 各遺伝子の構造、発現解析 <i>in vitro</i> virus 法による各遺伝子間の相互作用解析 jmj タンパク質の探索				
(3) <i>in vitro</i> virus を用いた jumonji 遺伝子の分子カスケード解析	下流因子及び上流因子と結合するタンパク質の探索				
(4) タンパク質-ゲノム DNA 相互作用解析手法の開発	巨大 DNA の迅速なクローニング法の開発 <i>in vitro</i> virus を用いたゲノム上の制御領域の探索				
2. タンパク質の C 末端ラベル化手法と蛍光相関分光法やマイクロアレイ法を利用した高感度分子間相互作用検出システムの開発					
(1) タンパク質の高効率 C 末端ラベル化手法と分子間相互作用検出システムの開発	C 末端の効率的ラベル化 蛍光相関法を用いた相互作用の検出 マイクロアレイ法を用いた相互作用の検出システムの確立 相互作用検出システムの HTP 化 簡便な合成キットの開発				
(2) 高効率コムギ胚芽無細胞タンパク質合成システム開発	全自動無細胞タンパク質合成システムの構築 全自動無細胞タンパク質合成システムによるタンパク質ライブラリーの作製 384 ウェル対応 FCS 測定装置の開発				
(3) 蛍光相関分光法を利用した高感度分子間相互作用検出装置の開発	蛍光相互相関分光装置の開発 蛍光相互相関分光法を用いた相互作用検出システムの HTP 化				
所要経費(合計)	208 百万円	188 百万円	198 百万円		

4. 平成13年度における実施内容と達成目標

1. *in vitro* virus を用いたゲノム機能解析法の開発

(1) *in vitro* virus を用いた機能未知遺伝子のスクリーニングと検出システムの開発

(慶応義塾大学理工学部)

・*in vitro* virus 法による遺伝子ネットワーク解析システムの構築：*in vitro* virus 法のタンパク質間相互作用検出のスクリーニングの手法の確立：平成12年度の成果である大規模対応付け分子のライブラリーを用いて c-Fos と c-Jun をモデル系として、c-Fos と c-Jun の相互作用のスクリーニングの基本手法を確立する（慶大と愛媛大）。

・*in vitro* virus 法による遺伝子ネットワーク解析システムの構築：*in vitro* virus 法の cDNA ライブラリーの構築—これまで、単一で一定の ORF 長でストップコドンのないもので検討してきたが、ストップコドンがある場合あるいは ORF がいろいろな長さの対応付け分子のライブラリーの形成において、転写、ライゲーション、対応付け分子形成の各工程での初期知見を得る。さらに、cDNA ライブラリーとしてランダムプライミングで逆転写して構築した cDNA の機能ドメインランダムライブラリーを用いて対応付け分子のライブラリーを形成し、タンパク質間相互作用のスクリーニングの基本手法を確立する（慶大と愛媛大）。

・*in vitro* virus 法による jumonji 遺伝子の分子カスケードの解析：平成12年度の成果として jmi タンパク質と相互作用する DNA 断片の塩基配列が明らかになった。このことに基づき、jmi タンパク質の対応付け分子の形成および DNA 断片をベイトとしたタンパク質—核酸相互作用検出のスクリーニングの手法の確立を目指す。将来的には、cDNA ライブラリーの構築とその cDNA ライブラリーからのタンパク質—核酸相互作用検出のスクリーニングの手法の確立をめざす（慶大と三菱化学生命研）。

・*in vitro* virus 法によるマウスポリコム遺伝子群のネットワーク解析：マウスポリコム遺伝子群のたとえば BMI1 と M33 のような相互作用するタンパク質のペアを用いて、対応付け分子の形成およびタンパク質間相互作用検出のスクリーニングの手法の確立を目指す。将来的には、cDNA ライブラリーの構築とその cDNA ライブラリーからのタンパク質間相互作用検出のスクリーニングの手法の確立をめざす（慶大と早大）。

・*in vitro* virus の FCS による観察：平成12年度の成果である大規模対応付け分子のライブラリーの検討において、ライブラリーの規模は、コード領域の翻訳効率に依存することが明確に示された。また、スペーサーの改良で蛍光で簡単に対応付け分子が検出可能となり、FCS で対応付け分子が形成される翻訳工程を観測することが出来る可能性が出てきた。FCS で直接翻訳工程を観測することで対応付け分子の形成機構を調べることで、さらに翻訳効率を向上できる可能性を探る（慶大と北大）。

・STABLE 法による遺伝子ネットワーク解析システムの構築：cDNA ライブラリースクリーニングに適すると考えられる真核生物由来の無細胞転写翻訳系を用いてエマルジョン形成条件等を検討する。さらに、ストレプトアビジン遺伝子と cDNA ライブラリーとの融合遺伝子ライブラリーを構築し、エマルジョンの中でタンパク質—cDNA 対応付け分子のライブラリーを構築し、Bmi1-M33 および Cdc2-CyclinB をモデルタンパク質として、実際にライブラリーからのスクリーニングを行う（慶大と早大）。

(2) *in vitro* virus を用いたマウスポリコム遺伝子群の機能解析（早稲田大学教育学部）

・平成12年に引き続きマウスポリコム遺伝子 M33 のノックアウトマウスおよびそれにより樹立した培養細胞より mRNA を抽出し、mRNA ディフュゼンシャル・ディスプレイ法を用いて M33 の遺伝子の下流遺伝子候補群を選別する。

・得られた下流遺伝子群のメンバーについて塩基配列決定、未知、既知の同定を行う。

・M33 下流遺伝子の cDNA あるいはその改良型 DNA をマウス胚、または培養細胞に顕微注入し、発現を検出する。

(3) *in vitro* virus を用いた jumonji 遺伝子の分子カスケード解析（㈱三菱化学生命科学研究所）

・cyclinD プロモーター内における jmj タンパクの結合および作用域の特定をはかる。平成12年度の研究で jmj タンパクは cyclinD プロモーターに結合し、その転写活性を抑制することが判明した。今年度は jmj タンパクが結合し、かつ転写抑制をおよぼす cyclinD プロモーター内の配列をより絞り込んで特定する。このため、タンパク—DNA 結合アッセイおよび転写活性測定実験を行う。

・jmi タンパク内の転写調節域の特定をはかる。上記に記したように平成12年度の研究で jmi タンパクが転写調節能を有することが明らかになった。今年度は jmi タンパク内の転写調節を担う領域を探索する。このため、各種 jmi タンパクの欠失体、変異体を作成し、cyclinD プロモーターに対し、転写活性測定実験を行う。

・jmi タンパク内の他タンパクとの結合域の特定をはかる。jmi タンパクは他タンパクと相互作用し、転写複合体を形成していることが強く予想される。このため、two-hybrid 法を用いて、他タンパクと結合しうる領域を探索する。

・上記の結果をもとに jmi タンパクと結合するタンパクの同定をめざす。上記の jmi タンパク内のタンパク結合域を用いて two-hybrid 法で結合タンパクを探索する。また、複合体の一括単離同定を目指し、*in vitro* virus 法、STABLE 法について、その進捗に合わせ、応用を検討する（慶大と三菱化学生命研）。

・トランスジェニックマウスによるレスキュー系を用いて jmi 遺伝子の機能の組織普遍性を検討する。平成12年度の研究で jmi 遺伝子発現トランスジェニックマウスによる

レスキュー系が確立した。この系を用いて、また、さらに発展させて、水晶体はじめ様々な組織、時期の *jmj* 遺伝子の細胞増殖制御機能を検定する。

・ *jmj* 遺伝子と同機能のカスケードを探索する。 *jmj* 遺伝子変異体の心筋増殖異常はマウスの系統が異なれば観察されない。このことは *jmj* 遺伝子と同機能の遺伝子カスケードが存在することを示す。しかも、これまでの研究は *cyclin D* 遺伝子の発現を抑制する *jmj* 遺伝子以外の遺伝子の存在を示唆する。本年度はマウス系統間での *cyclinD* 遺伝子発現制御の差違を探索することによりこの遺伝子の特定の手がかりを探す。

(4) タンパク質-ゲノム DNA 相互作用解析手法の開発 (㈱三菱化学生命科学研究所)

・ 枯草菌ゲノムベクター中で欠失操作を行い短縮させた *jumonji* 遺伝子 DNA 回収ベクター *pGETS103* を利用して cDNA として回収を試みる。回収した DNA を用いて、*pKaneD* の残る 20kb の組み込みを試みる。 *in vitro* virus 法で作製されるマウス cDNA ライブラリーで欠失させた領域と相互作用するタンパク質をスクリーニングする (三菱化学生命研と慶大)。

・ *jumonji* の上流 (制御領域) を延長させるために、新たに BAC クローンを取得し、枯草菌ゲノムベクター中で 10 kb 単位で延長する手法を試みる。

2. タンパク質の C 末端ラベル化手法と蛍光相互相関分光法やマイクロアレイ法を利用した高感度分子間相互作用検出システムの開発

(1) タンパク質の高効率 C 末端ラベル化手法と分子間相互作用検出システムの開発 (慶應義塾大学理工学部)

プロラインマイクロアレイ法によるタンパク質-タンパク質相互作用の検出。具体的には、*c-Fos* と *c-Jun* などのモデルタンパク質を用いて、タンパク質 C 末端のビオチンラベル化、アビジンを固定化したスライドガラス上へのタンパク質の固定化、蛍光ラベル化タンパク質の吸着・洗浄等の条件検討を行う。固定化するタンパク質として 1mg/ml 程度の濃度のサンプルが必要となるので、C 末端ラベル化法によるビオチンラベル化タンパク質のさらなる収量増大の条件についても前年度に引き続き検討を行う。

・ FCCS 法を利用したタンパク質間相互作用の検出を試みる (慶大と愛媛大と北大)

・ FCCS 法およびプロテインマイクロアレイ法に用いるペイトタンパク質の高効率コムギ胚芽無細胞翻訳系による大量調製 (慶大と愛媛大)。

(2) 高効率コムギ胚芽無細胞タンパク質合成システム開発 (愛媛大学工学部)

・ これまでの成果を踏まえ、さらなる高翻訳活性・安定性を有するコムギ胚芽抽出液の調製方法を開発するとともに、キット化に向けて、系の安定性・保存性に関する実験基盤を確立することを目標とする (愛媛大と慶大)。

・ 新たに開発したタンパク質標識システムの最適化をはかるため、モデルタンパク質間によるタンパク質相互作用の解析に着手する。合成した既知遺伝子タンパク質の分子間相互作用を FCCS 法を用いての解析を試みる (愛媛大と慶大と北大)。

・ 全自動無細胞タンパク質合成システムの試作を開始し、より多検体のタンパク質を安価かつ効率よく生産する方法について検討する (愛媛大と慶大)。

(3) 蛍光相関分光法を利用した高感度分子間相互作用検出装置の開発 (北海道大学電子科学研究所)

・ 蛍光相互相関分光法 (FCCS) 測定のためには、2 種類の蛍光色素をそれぞれのタンパクラベルする必要がある。タンパク質間相互作用の検出のためにはそのラベル蛍光色素が分子間相互作用に影響を及ぼさないことが重要である。そのため、種々の蛍光ピュロマイシンの合成と、その C 末端取り込みの効率を検討する。特に青色色素として Alexa 488, Rhodamin Green が有効であることが分かったが、一方赤色色素ではまだ有効な色素が判明していないが、Cy5 または IC5 がその候補に挙がっているので、その詳細な検討を行う (北大と慶大)。

・ FCCS 測定の基礎は蛍光分子の単一分子検出である。そのため測定効率は蛍光検出を上げることが必要に他ならない。そのため装置の検出効率を上げるため光ファイバーを介して高感度アバランシェフォトダイオードを取り付ける (慶大と北大)。

・ 多数の測定試料を検出装置まで運ぶためには二通りの方法が考えられる。試料そのものを対物レンズ上へ運び測定する方法であり、また一方は試料の一部をキャピラリーチューブを用いて移動させる方法である。この両者を検討して、最適な方法を設計する (北大と慶大)。

II 平成13年度における実施体制

研究項目	担当機関	研究担当者
1. <i>in vitro</i> virus を用いたゲノム機能解析法の開発		
(1) <i>in vitro</i> virus を用いた機能未知遺伝子のスクリーニングと検出システムの開発	慶應義塾大学工学部	柳川 弘 志
(2) <i>in vitro</i> virus を用いたマウスポリコーム遺伝子群の機能解析	早稲田大学教育学部	東中川 徹
(3) <i>in vitro</i> virus を用いた jumonji 遺伝子の分子カスケード解析	慶應義塾大学工学部 (株)三菱化学生命科学研究所	柳川 弘 志 竹内 隆
(4) タンパク質-ゲノム DNA 相互作用解析手法の開発	慶應義塾大学工学部 (株)三菱化学生命科学研究所	柳川 弘 志 板谷 光 泰
2. タンパク質のC末端ラベル化手法と蛍光相互相関分光法やマイクロアレイ法を利用した高感度分子間相互作用検出システムの開発。		
(1) タンパク質の高効率C末端ラベル化手法と分子間相互作用検出システムの開発	慶應義塾大学工学部	柳川 弘 志
(2) 高効率コムギ胚芽無細胞タンパク質合成システム開発	愛媛大学工学部	遠藤 弥重太
(3) 蛍光相関分光法を利用した高感度分子間相互作用検出装置の開発	北海道大学電子科学研究所	金城 政 孝
3. 研究運営	慶應義塾大学工学部	柳川 弘 志

III 研究推進委員会

委員	所 属
[プロジェクト内委員]	
○柳川 弘 志	慶應義塾大学 工学部応用化学科生命分子工学研究室教授
板谷 光 泰	(株)三菱化学生命科学研究所 ゲノム機能工学研究室主任研究員
遠藤 弥重太	愛媛大学 工学部応用化学科応用生物化学研究室教授
金城 政 孝	北海道大学 電子科学研究所電子機能素子部門助教授
竹内 隆	(株)三菱化学生命科学研究所 先端研究部門主任研究員
東中川 徹	早稲田大学 教育学部生物学教室分子遺伝学研究室教授
[プロジェクト外委員]	
榊 桂 之	東京大学 医科学研究所教授
西 沢 正 文	慶應義塾大学 医学部講師
水 野 猛	名古屋大学 大学院生命農学研究科教授
宮 川 厚 夫	浜松フォトニクス(株) システム事業部長

(注：○は研究推進委員長)

IV 研究連絡会議

委 員	所 属
板 谷 光 泰	(株)三菱化学生命科学研究所 ゲノム機能工学研究室主任研究員
遠 藤 弥 重 太	愛媛大学 工学部応用化学科応用生物化学研究室教授
小 川 洋 子	(株)三菱化学生命科学研究所 ゲノム機能工学研究室研究補佐職
金 城 政 孝	北海道大学 電子科学研究所電子機能素子部門助教授
澤 崎 達 也	愛媛大学 工学部応用化学科応用生物化学研究室助手
高 嶋 秀 昭	(株)三菱化学生命科学研究所 ゲノム機能工学研究室主任研究員
竹 内 隆	(株)三菱化学生命科学研究所 先端部門主任研究員
土 居 信 秀	慶應義塾大学 理工学部応用化学科生命分子工学研究室助手
東中川 徹	早稲田大学 教育学部生物学教室分子遺伝学研究室教授
柳 川 弘 志	慶應義塾大学 理工学部応用化学科生命分子工学研究室教授