

かずさの森から世界へ



2008年3月5日 第3号

<トピックス>

このニュースレターには、今後の世界の食糧問題を考える上で重要なマメ科の植物である大豆の遺伝子地図の作成についての論文発表の概要（4ページ）、ならびに、マメ科植物に関する国際協力プロジェクトについての報告（3-4ページ）を収録しました。

かずさDNA研究所公開講座

昨年12月から開催して参りました「かずさDNA研究所公開講座」は全5回が終了いたしました。第4回（2月2日）は、82名の方が、第5回（2月16日）には88名の方が参加されました。

5月半ばから同じ講師陣で千葉県立中央博物館にて公開講座を行います。講義の日程や申込み方法等は、4月号のニュースレターおよび研究所のホームページ (<http://www.kazusa.or.jp/>) でお知らせする予定です。

第4回（2月2日）の講演の概要

「DNA研究は食糧問題を解決できるか？」

主任研究員・磯部 祥子

21世紀に入っても未だ世界の飢餓人口は減少することなく、地球上の8人に1人が飢えに苦しんでいるとされています。また地球温暖化などの環境変化に伴って、バイオ燃料との競合に起因する作物価格の上昇や大規模な干ばつ被害による農作物の減収など、近年になって新たな食糧問題も生じてきました。

そのため、過酷な環境下でも安定して生産ができ、かつ高い収量を得られる品種を作り出すこと

がますます強く求められています。一方、これまでは作物の設計図であるDNAの情報がほとんど分かっていなかったため、品種改良は非常に時間のかかる作業でした。

そこで様々な作物のDNAの特徴を研究することで、より短い期間で優れた品種を作り出し、食糧問題の解決を図ることが期待されています。

DNA情報を用いた作物の改良には、他種の生物に由来する遺伝子を組み入れた「遺伝子組み換え体」を作る方法と、「DNAマーカー」と呼ばれるDNAの目印を用いて、対象とする作物種からよりよい遺伝子の組み合わせを探す方法があります。

「DNAマーカー」を利用すると、従来と同じ材料を使っても品種改良を格段に効率化できることが期待できますので、様々な作物について活発な研究が行われています。

この講演では「DNAマーカー」の見つけ方や品種改良を行う際の利用の仕方などについて解説しました。

「DNAと生物のもつエネルギー」

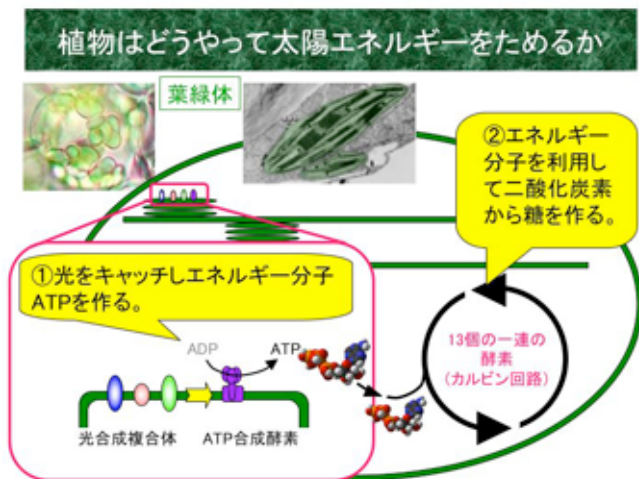
主任研究員・青木 考

最近、石油価格の高騰や二酸化炭素排出規制といった社会的な流れをうけて、「バイオエネルギー」に関心が寄せられています。これは今に始

まったことではなく、過去10年の間にもDNA技術により生物を使って太陽エネルギーの備蓄を高める研究がなされてきました。

植物が太陽エネルギーを蓄えるうえで重要な働きをするルビスコと呼ばれる酵素があります。遺伝子組換え技術を用いてルビスコの改良が試みられ、二酸化炭素固定能を高める工夫がなされました。しかし、遺伝子組換え植物を実用化するにはまだ難問が山積しています。

このようなこともあって、現在のバイオエネルギー開発では、太陽エネルギーの高変換植物を作るのではなく、既にバイオマスとして貯蔵されているエネルギーをエタノールや油として取り出すことを目指しています。そして、植物の収量増加や細胞壁の改変等により、利用可能なバイオマスを増やすためにDNA技術が利用されています。日本はまだバイオ燃料生産量は少ないのですが、技術開発は重要な課題となるでしょう。



第5回 (2月16日) の講演の概要

「生物と性—DNAが語る生命の歴史」

主任研究員・岡崎 孝映

この講演の話題は性におけるDNAの役割です。性は真核生物界全体にある基本的なものです。しかし性をもたらすもの(美しい花や鳥など)は生物の原則(無駄を省いて生存競争を勝ち抜く)と矛盾する面も少なくありません。

性とは1倍体と2倍体の世代交代によって種内の遺伝子の組み合わせを変えることです。性が種の遺伝的多様性を生み出す反面、ラバ(ロバとウマの雑

種)には生殖能力がないといった現象から言えるように、性には種の同一性を維持する役割もあります。さらに性は種内の遺伝的多様性が際限なく拡がる(DNAが世代間で変化する速度は意外に速い)のを防いでいる可能性もあります。

性の働きの中心は、父方と母方のDNAを相同な塩基配列に基づいて選別することです。選別のメカニズムは減数分裂(2倍体から1倍体に戻るための特別な分裂)で行われる相同組み換えにあります。

減数分裂や相同組換えなど、話がやや複雑でしたので理解していただけたかどうか気が掛かります。

「DNAと私たちの生活」

参与・磯野 克己

この講演では、今回の公開講座全体のまとめとして、DNAの構造や基本的な性質についてできるだけ正確な知識をもっていただきたいとの考えから、一部に化学式を用い、DNAがどのような構造をもった物質であり、DNAを構成している4種類の塩基(GATC)のそれぞれはどれだけ似ているのか(違っていいのか)、それらはどのように繋がっているのか、さらにDNAとRNAはどこが違うのか、またそのことは生物にとってどのような意味をもつのか、等について説明しました。

生物の細胞内には驚くほど長いDNA分子が含まれており、それが細胞分裂に際して正確にコピーされて分配されています。また、生物が生きているのはDNA分子が遺伝子として働く結果です。その過程で遺伝子からメッセージRNAがコピーされ、そこからタンパク質が作られています。

このような生命のもつ仕組みとDNAの働きについて、重要な点をできるだけ網羅したのですが、少し盛りだくさん過ぎたかも知れません。



閉講式(2月16日)

ようこそ研究所へ

イギリスから海洋バイオの研究者6名が来所 されました

日本における海洋バイオ・リソース研究の現状調査を目的として、イギリスから大学教授や民間研究所の研究者が来日され、当研究所を日本の代表的な研究所の視察として訪問されました。当日は、

大石所長、柴田産業基盤開発研究部長等が対応し、イギリスでの海洋バイオ研究と当研究所の微生物研究について、活発な意見交換がおこなわれました。

その後一行は、**かずさバイオ共同研究開発センター***を見学されました。ここには数千もの化学物質を検出することができる精密な質量分析機器を装備されており、これらの機器を使って植物の果実の成分分析を行うことで、新規の化学物質



を同定することが可能なこと、そしてその中から健康維持に役立つと予想される有用成分などをみいだそうとしているとの説明があり、大変興味を持たれたようです。

今後、この訪問が契機となって、共同研究などに発展することが望まれます。

*この施設は、産学官連携の共同研究施設として平成17年度に千葉県が設置したものです。

世界とともに

発展途上国を救え！ 食糧問題解決に役立てるDNA研究

主任研究員・磯部 祥子

食糧の安定生産には各地域の気候風土や栽培法に合わせた品種を作付けすることが重要であり、先進国で開発された品種が必ずしも発展途上国でその能力を発揮するとは限りません。そのため発展途上国の食糧増産を図るにはその国の実情にあわせた品種を独自に作出していくことが必要です。一方、品種改良を効率的に進めるための作物のDNA研究の進捗は発展途上国と先進国の間で相当な差があります。

そこでCGIAR（国際農業研究協議委員会）が中心となって、先進国で培われたDNAの研究技術を発展途上国の品種改良に生かすことを目的とした研究プログラム「GCP：Generation Challenge Programme」が開始されました。このプログラムは、先進国の一方的な援助ではなく、発展途上国

と先進国の研究者が共同して研究を進めることで途上国の食糧増産と自立を図ることをそのねらいとしています。

2007年からは、GCPのもとでアフリカ向けのマメ類の品種改良プロジェクトがスタートしました。マメ類は、毎日の食卓で肉類を食べることができない貧しい地域においては、タンパク源として欠かすことのできない重要な位置を占めています。このプロジェクトではアフリカにおいて最もよく食べられている4種類のマメ（落花生、インゲンマメ、ササゲ、ヒヨコマメ）を対象として、DNAの解析や品種改良の際に選抜の目印として用いる「DNAマーカー」の開発、またDNAマーカーを利用した品種改良などを行います。

さらにこのプロジェクトにおいては、先進国のDNA研究技術を途上国の研究者や技術者に学んでもらう教育プログラムも盛り込まれています。

2007年9月に南アフリカにおいて最初の会議が開催され、プロジェクトに参加する16ヶ国（アフリカ8、南北アメリカ4、アジア2、ヨーロッパ2）か

ら47名の研究者が集まり、今後の研究計画などについて話し合いました。かずさDNA研究所は研究がより良く進むための評価やアドバイスを行う立場からこのプロジェクトに参画しています。

そのため、当研究所で独自に進めてきた落花生を始めとするマメ類の研究成果を途上国の食糧増産に生かすべく、プロジェクトに参加している研究者との共同研究も開始しました。今後も、世界的な問題となっている食料の安定供給のため、このような世界的プロジェクトに積極的に関わっていきたいと思います。



南アフリカ・ラステンバーグでのGCP-TLI会議にて

研究成果の紹介

ダイズ全ゲノムの遺伝子地図を完成

ダイズは、豆類の中では世界最大の生産量を誇り、国内では醤油、味噌、豆腐、油などの原料や飼料、海外では主に油脂原料や飼料として広く利用されています。今後も増加し続けるダイズの需要に対応するため、収量や耐寒性、耐病性、タンパク質の組成、油脂含量などの品種改良の効率化が急がれており、そのために必要なゲノム研究が主として米国を中心に進められてきました。

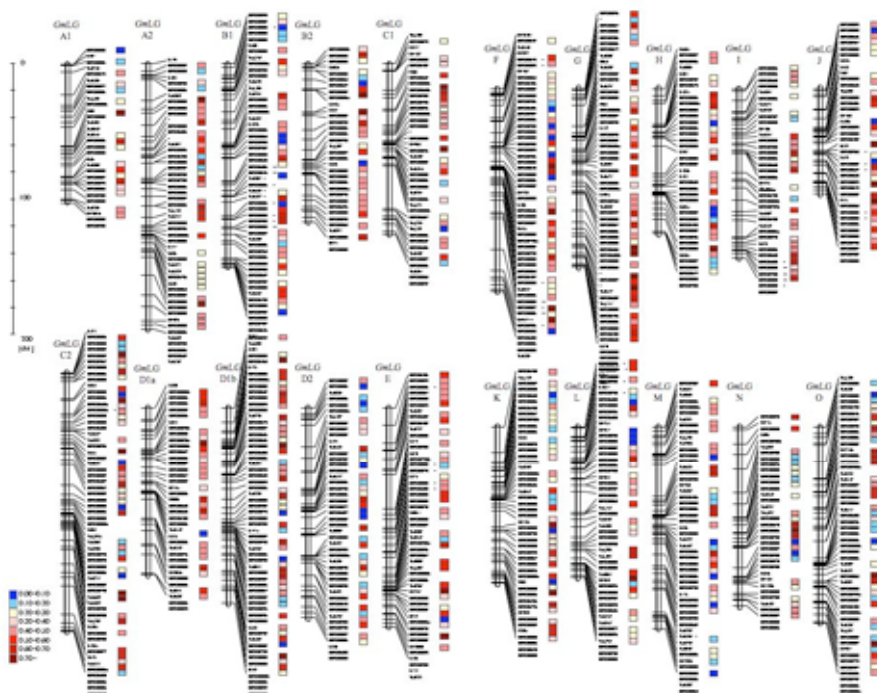
現在では、ダイズの全ゲノムが米国や日本で解読

されつつあります。しかし、ダイズのゲノムは約1ギガ塩基対（イネのゲノムの約2.5倍）と大きく、進化の過程で全体が倍化した複雑な構造をとっているため、育種への展開は容易ではありません。

かずさDNA研究所植物ゲノム研究部を中心とする研究チームは、ダイズのゲノム全体をカバーする、世界で最も高密度な遺伝子地図を作ることに成功しました。この地図は、ダイズ遺伝子の塩基配列をもとに、20本の染色体からなるダイズゲノムの693ヶ所に目印となるDNAマーカーを貼り付けたものです。

これらのDNAマーカーは、ゲノム解読で得られた塩基配列を正しくゲノムの地図上に位置づけたり、農業上重要な性質に関わる遺伝子を見つける際に、重要になります。今回作られたDNAマーカーが、育種に使われているたくさんの品種や系統にも利用できること、進化の過程でダイズのゲノムが倍化の後にも複雑に変化してきたことなどもわかりました。この研究で開発されたDNAマーカーと現在解読が進んでいるゲノムのGATCの配列情報を組み合わせることによって、今後ダイズの育種が加速することが期待されます。

この研究の成果は、国際専門誌DNA Research、2007年12月号に掲載されました。



今回発表したダイズの遺伝子地図

研究最前線

代謝物を一斉に測定する

産業基盤開発研究部 部長 柴田大輔

メタボリックシンドローム（代謝症候群）、略して、メタボという言葉をよく聞くようになりました。この言葉は、肥満にまつわる症状を示す言葉として使われていますが、もともとは英語のメタボリズム（Metabolism; 代謝）という語に由来しています。

本来の意味での「代謝」について紹介しましょう。遺伝情報を担っているDNAは炭素、酸素、水素、窒素などの元素が結びついた複雑な化合物です。DNAは巧妙な仕組みでアミノ酸（これも化合物）を連結して多くのタンパク質を作り出します。それらのタンパク質は、さらに多くの化合物を作り出します。DNA自身も細胞の数が増えるときには、他の化合物から作られます。このように、細胞の中で次々と化合物が作りだされたり分解されたりすることを代謝といい、作られる化合物を「代謝物」と呼んでいます。生命活動とは、代謝物が織りなす調和のとれた複雑な世界、と表現することができます。今、流行の「メタボ」とは、その調和が悪くなった状態と言えます。

では、代謝物はどのくらいの種類があるのでしょうか？動物では4000種類前後、微生物では約1000種類が一つの生物種で見つかります。意外かもしれませんが、植物では代謝物の種類が多く、約5000種類もあります。また、植物の種類ごとに代謝物の種類が微妙に異なっており、植物界全体では20万種類以上はあると言われています。

私達は生物が作り出す様々な代謝物を生活のなかで利用しています。肉やコメなどの食料は代謝物をまるごと食べていることになります。DNAも食料の一部として毎日大量に食べています。紙は木に含まれるセルロースという細長い代謝物を利用して作られます。お酒の成分であるエタノールは、最近ではバイオ燃料としても使われますが、微生物の作り出す代謝物です。医薬品の多くは植物や微生物が作り出す代謝物のなかから発見されています。代謝物は、人間が生活するうえで欠かすことができないものだと言えます。

代謝物を研究するためにメタボロミクスと呼ばれる新しい分野の研究が始まっています。メタボロミクスはゲノム生物学の一分野です。ゲノム生物学は遺伝子の働きなどを一斉に解析することに特徴があります。同じように、メタボロミクスでは代謝物の一斉分析を行います。

代謝物の一斉分析には、最新型の質量分析装置が活躍しています。かずさDNA研究所には、代謝物測定用の質量分析装置が8台あり、多数の代謝物を毎日測定しています。そして、コンピュータを駆使して、得られたデータを一斉に分析する技術を開発しています。この技術によって、遺伝情報と代謝との関係が次第に明らかになってきました。例えば、私達は理化学研究所との共同研究で、アブラナ科植物に含まれる抗がん性化合物グルコシノレートがどのような遺伝子の作用によって作られるのかを解明しました。

代謝物の一斉分析によって得られる情報や知識は、医薬品開発、食糧増産、バイオ燃料生産、石油代替製品の製造など、人類が直面する様々な分野において役立っています。

今月のキーワード（「研究最前線」にでてきた言葉の解説）

質量分析装置：島津製作所の田中耕一さんが質量分析装置の改良によってノーベル賞を受賞しましたので、この装置のことを聞いたことのある方も多いと思います。この装置を使うと、分子（化合物、代謝物）の質量を正確に測定することができます。

バイオ燃料：生物（主に植物）が作る代謝物を利用した燃料の総称。植物は光合成によって二酸化炭素を糖に変換します。サトウキビの場合は、ショ糖を茎に貯めるので、それを集め、発酵させてエタノールを作ります。これはバイオエタノールと呼ばれます。ブラジルでは販売される車の85%はフレックス車（バイオエタノールでもガソリンでも走れる車）だそうです。

時事トピックス

***パーソナルゲノム：1,000人のゲノム配列を
解き明かす**

最初のヒトゲノムの解読結果は2001年に報告されました。ヒトのゲノム配列は個人の間で99%以上同じであり、わずかに違う配列が個性を生み出すと考えられ、また、人によって違う病気のかかりやすさや薬の効き方なども、最終的には個人個人のゲノムの違いに密接に関連していると考えられています。

このようなことから、個人のゲノム解析が重要視されるようになってきており、これまでにDNAの二重らせん構造の発見者のワトソン博士と、ゲノム科学者のベントナー博士のゲノムなどが解析され、さらに、異民族間の個人のゲノムの差などが調べられてきました。その結果、個人の間にはこれまで考えられていた以上に違いがあることがわかりました。

近年、急速な技術革新によってより安価にゲノム解析ができるようになり、2009年には一人当たり2万ドルでゲノム解析ができるようになると予測されています。このような中で、米英中の協力で世界中の様々な人種1,000人を対象としたゲノム解析を開始することが発表されました。すでに病気になりやすい遺伝的変異を含むゲノム領域が100以上特定されていますが、多くの個人のゲノム配列の詳細な比較データが得られることにより、遺伝的疾患にかかわる変異の発見や、その疾患の診断や治療、さらに予防法の開発に役立つことが期待されます。

***フグのゲノムを解析するのはなぜ？**

ヒトの全ゲノム解析が終了した後、さまざまな他の動物の全ゲノム解析が行なわれるようになりました。他の動物のゲノムを解析をするのには、重要な意味があります。それはヒトと他の動物のゲノムを比較することで、ヒトのゲノムからだけでは解らない問題点が見えてくるからです。

特にフグの解析はノーベル医学生理学賞を受賞したブレンナー博士の音頭で始まりましたが、ゲノムに含まれる遺伝子（蛋白質を作っている単位）の割合が高く、ジャンクDNA（遺伝子がないとみなされる領域）が少ないため（ヒトの約1/10程度）、少ない労力でゲノム情報が得られるわけです。

昨年7月までにフグゲノムの95%以上が解読されましたが、フグで見つかった「スシイチ(sushi-ichi)」と名付けられた遺伝子が、ヒトやネズミにも存在しており、大変重要な役割を果たしていることが明らかになりました。実験に用いたネズミでは、「スシイチ」が働かなくなると胎児が育つ際に重要な胎盤（胎児と母親を結ぶ器官）の細かい血管が異常になり、誕生前後に胎児が死んでしまうことがわかりました。

このように異なる種類の動物のゲノムを比較することで、今までわからなかった遺伝子などの重要性が、今後明らかになっていくのではないかと期待されます。

財団法人 かずさDNA研究所

〒292-0818 千葉県木更津市かずさ鎌足2-6-7

TEL : 0438-52-3900 FAX : 0438-52-3901

<http://www.kazusa.or.jp/>

<今月の花>

シュンラン（ラン科、2007年3月8日撮影

Cymbidium goeringii)

花言葉：気品 清純

