

かずさの森から世界へ



2009年11月9日 第23号

<トピックス>

本号では、開所記念行事関連の報告とお知らせ(下記)、かずさDNA研究所が中心メンバーの一つとして進めてきたトマトのゲノム解読についての報告(2ページ)、研究最前線の一環としてプロテインアレイを用いた研究の紹介(3ページ)と関連するキーワード(4ページ)、およびトピックスとしてブタのゲノム解読についての紹介(4ページ)などを掲載しております。

研究所からのお知らせ

*開所記念見学・体験教室を開催いたしました

かずさDNA研究所では、一般の方々や将来を担う子供たちに、簡単な実験を通じてDNAとはどういうものかについて少しでも体験していただくために、毎年この時期に「見学・体験教室」を開催しております。本年は、11月2日(月)と3日(火・祝)に開催いたしました。前日までの暖かさから一転して寒くなりましたが、2日間で50名を超える皆様にご参加いただきました。

この体験教室では、簡単なDNAについての説明の後、アカメフグの白子を材料としてDNAの抽出実験を行いました。また、1ccの1,000分の1を計り取る



ことのできるマイクロピペットの使い方を体験したり、自分の頬の内側の粘膜細胞を顕微鏡で観察したりしました。

折しも、11月3日にサントリーが遺伝子組換え技術を使って作り出した「青いバラ」が発売されました。こういうことをきっかけにして、一人でも多くの方にDNA技術に対する関心を深めていただくことを願っております。

*「開所記念講演会」は11月14日(土)です

「メタボリックシンドロームと内臓脂肪」

松澤 佑次 氏 (財団法人 住友病院 院長)

「健康づくりとスポーツ」

村山 正博 氏 (横浜市スポーツ医科学
センター 顧問)

日時：平成21年11月14日(土)

午後1時30分～午後4時10分

場所：かずさアカデミアホール

(<http://www.kap.co.jp/arc/access/>)

※JR木更津駅より無料送迎バスを運行します

まだ席には余裕がございますので、受講を希望される方は直接会場にお越し下さい。

トマトのゲノム解読

【はじめに】

かずさDNA研究所は、トマトのゲノム解読を行う国際共同プロジェクトで中心的な役割を果たしてきましたが、今回、解読したデータの一部(概要配列情報)を世界に先駆けて独自に公開しました。

トマトは誰もが知っている作物であり、ジャガイモ、ナス、ピーマンなどを含むナス科の植物の代表として古くからいろいろな研究が行われてきました。今回公開したデータにはトマトの全遺伝子の約8割が含まれています。

このゲノム情報を活用することによって、病害虫耐性や乾燥耐性などに優れた高収量のトマトや、カロテン、リコペン、ポリフェノールなどの機能性物質に富む高機能性のトマトの新品種、さらにはナス科の作物全般の育種が大きく加速することが期待されます。

【背景と意義】

トマトは世界中のどこでも手に入る野菜であり、またナス科の作物の代表としての重要性が高いことから、2004年から国際ゲノム解読プロジェクトが進められてきました。このプロジェクトには、米国、日本、韓国、英国などの10カ国が参加し、ゲノム中の遺伝子を含む領域の高精度な解読を目指してきました。その過程でかずさDNA研究所は、(独)農業・食品産業技術総合研究機構野菜茶業研究所と共同でトマトの8番染色体の解析を担当し、プロジェクトの推進に大きく貢献してきました。

しかしながら、この国際共同プロジェクトは、いろいろな事情で進捗が大幅に遅れていました。そこでかずさDNA研究所では、2006年から独自にトマトゲノムの遺伝子を含む領域の概要配列の解析に取り組んできました。

今回公開された情報を活用することにより、トマトのもつ有用な遺伝子の発見や機能研究が容易になりますし、また、トマトをはじめ、ナスやピーマンなどのナス科作物で優れた品種の育成が大きく加速することが期待されます。

【成果の概要】

1) トマトゲノム(約9億5千万塩基)のうち、遺伝子

の約8割を含む領域(約5億4千万塩基：57%)を解読しました。

- 2) 部分的なものを含めて40,041個の遺伝子の構造を明らかにしました。その約8%はナス科植物に特有のものです。
- 3) 今回得られた概要配列情報は、関連研究者に情報提供するために、かずさDNA研究所のデータベース(<http://www.kazusa.or.jp/tomato/>)で公開しました。
- 4) 国際プロジェクトの終了後、2010年前半には論文として発表されることになっています。

【波及効果】

現在国内でトマトの研究推進のために、文部科学省ナショナルバイオリソースプロジェクト(担当機関：筑波大学、かずさDNA研究所、URL：<http://tomato.nbrp.jp/>)により、トマトの植物体および遺伝子資源の整備が進められています。今回公開されるトマトゲノムの情報は、蓄積されている実験室株から実際に品種を開発することや、トマトに含まれる成分の研究とその有効利用にも貢献することが期待されます。

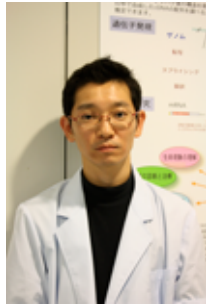
さらに、作物のゲノム研究における千葉県ひいては日本の存在感が増すことによって、今後、いろいろな作物の有用遺伝子の探索や分子育種に関する最新の情報の集積が進むことが期待されます。



研究最前線

プロテインアレイを用いた
ヒト遺伝子産物の機能解析

ヒト遺伝子応用技術研究室
研究員 山口 佳洋



2000年にヒトゲノムDNAの塩基配列が解読され、得られたデータに基づいていろいろな研究が行なわれた結果、ヒトには約2万4千種類の遺伝子が存在することが推定されました。これは我々の体が約2万4千種類の遺伝子から作られるタンパク質でできていることを示します。しかし、それぞれのタンパク質が細胞の中でどのような働きをしているかについては、未だに相当数のものについて明確にはわかっていません。

一方、多くの研究の結果、種々の疾患に関連すると思われる遺伝子の変異が見いだされており、疾患と遺伝子の変異の関係についての情報がどんどん蓄積してきています。そして、いくつかの疾患では実際に医療現場での診断法の一つとして遺伝子検査が始まっています。

これまでかずさDNA研究所では、膨大な数のヒトの遺伝子をクローン化し、「遺伝子バンク」として整備してきました。これらの遺伝子の中には、疾患に関与すると思われる変異が見つかった遺伝子も多数含まれています。ただし、遺伝子の中には、どのような機能を果たしているのかが明らかでないものも多数含まれています。このため、これらの遺伝子から作られるタンパク質の機能を解明することは、疾患の発症の仕組みの解明や治療方法を確立する上で重要な課題になるであろうと考えられます。

現在、かずさDNA研究所は、千葉県の研究機関として、姉妹州となっているアメリカのウイソコンシン州に本社を置くプロメガ社との間で共同研究を進めています。両者が持つ独自の技術に加え、プロメガ社のタンパク質機能解析のための技術と我々の豊富な遺伝子資源を融合することで、ヒト遺伝子进行操作して組み換えタンパク質を作製することが容易にできるようになってます。

例えば、遺伝子の中に「分子タグ」と呼ばれる特定のアミノ酸配列を挿入した組み換えタンパク質を作

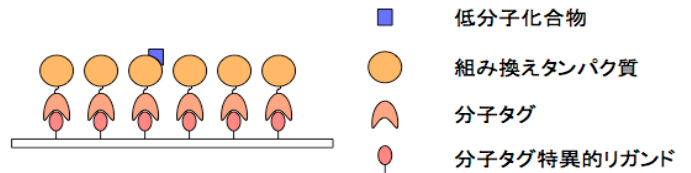


図1：プロテインアレイの原理の概略

予めスライドガラス上に分子タグと親和性の高い化合物(特異的リガンド)を付着させておき、分子タグを介していろいろな組換えタンパク質を結合させたアレイ(タンパク質を並べたもの)を作成します。それを検査する化合物に接触させると、特定の組換えタンパク質だけが結合するのでそれを検出します。

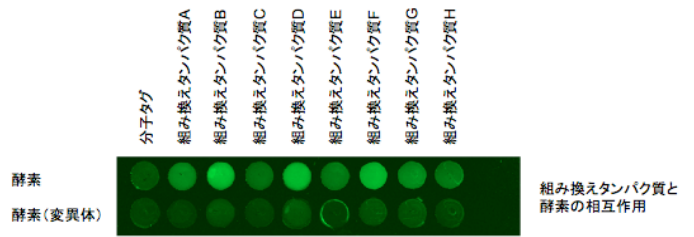


図2：プロテインアレイの実際

ある酵素が8種類のどのタンパク質と結合するかを調べたもの。緑色の蛍光が親和性の程度を示しています。

らせませす。このようにして作成した組換えタンパク質にはいろいろな用途がありますが、その一つとして、プロテインアレイ (DNAの断片を並べて作成したDNAアレイの方法に準じて、多数のタンパク質を並べて調べるもの) があります。これはスライドガラス上に、上述した方法で多数の遺伝子から作成した組み換えタンパク質を「分子タグ」を利用して並べて固定したものです【図1】。

プロテインアレイを用いることにより、スライドガラスに固定したタンパク質に結合する化合物(タンパク質を含む)の検定などを行ったり【図2】、細胞がある刺激に曝された時、どのようなタンパク質がそれに反応するかを探索することが可能になります。このような方法を用いてヒト遺伝子の機能の解析を進め、疾患の治療や健康増進につながる研究を目指しています。

私は現在、基礎免疫疾患に関与すると考えられている遺伝子からつくり出されるタンパク質に着目し、患者さんから見つかった変異タンパク質と健常者が持つタンパク質の間の機能的な差異を見いだすための研究にこの技術を応用していこうと考えています。

今月のキーワード（「研究最前線」にでてきた言葉の解説）

遺伝子検査：病気に関連する遺伝子を調べることで病気の程度や薬の処方あるいは薬の効きやすさなどを予測したり、病原菌やウイルス由来の遺伝子の有無を調べることでインフルエンザなどの感染症の検査を行うことができます。最近の研究により、病気の発症には多くの遺伝子が関与していることがわかってきましたので、薬の投与や治療法の選択には患者一人一人に適した医療を提供することが大切だという考えが浸透してきました。今後の医療には遺伝子検査がますます重要になってくると思われまます。

分子タグ：遺伝子組み換え技術によってタンパク質の末端に特定のアミノ酸配列（分子タグ；「タグ」は荷札のこと）を持たせたものを作成すれば、そのタンパク質が細胞のどこで働いているかを検出したり、その部分と結合する化合物を介してガラスなどに貼り付けて利用することなどができます。昨年のノーベル賞で有名になったオワンクラゲ由来のGFPと呼ばれる蛍光タンパク質もこのような分子タグの一種として使われます。

遺伝子とタンパク質：細胞の中で遺伝子が働く際には、まずその遺伝子（DNA）の塩基のならびをコピーしたメッセンジャーRNA（mRNA）が作られ、次にmRNAの三つの塩基が一つのアミノ酸に対応するという仕組みでアミノ酸がならんだタンパク質ができます。ですから、人工的に特定のアミノ酸のならびを持たせたタンパク質を作るには、そのタンパク質を作る遺伝子の塩基のならびの一部を変えればよいことになります。

時事トピックス

*ブタゲノムの解析

現在世界各地で飼育されているブタは、もともとその地の野生のイノシシが独立に家畜化されたものであり、いろいろな特徴をもった品種が多く存在します。したがって、それぞれの品種の特徴をもった雑種をかけ合わせれば、味が良く飼育も容易であるといった品種のブタを作り出すことができます。一般にわたしたちの食卓にのる豚肉は、長い間確立されてきた系統のブタのうち3-4品種を交配して得られる雑種（三元/四元雑種）がほとんどだということです。

このような食料資源としてのブタの重要性に鑑み、(独)農業生物資源研究所は欧米の研究機関と共同でブタのゲノム解読を行い、今回その概要配列を公表しました。ゲノム解読のために用いられた品

種は赤毛が特徴である米国原産のデュロックと呼ばれる種で、日本でも掛け合わせ品種の親として用いられているものです。

ブタの染色体は19対38本であり、ゲノムの大きさはヒトと同程度の約27億塩基対で、22000個の遺伝子が同定されています。今後ゲノム解析の結果を豚肉の味の向上や病気への抵抗性を高める品種改良に活かされていくと思われまます。

ブタは食肉用として重要であるだけでなく、その内臓の大きさがヒトと同じくらいであることや、生理現象がヒトのものと似ていることなどから、これまでも臓器移植や感染症研究などの医療の分野でモデル疾患動物としても用いられてきました。遺伝子組換えブタの開発も進んでおり、今後医療の分野での貢献も期待されています。

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 : 0438-52-3956 FAX : 0438-52-3901

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

<今月の花>

キッコウハグマ (*Ainsliaea apiculata*)

キク科 2008年11月6日撮影)

