



# かずさDNA研究所ニュースレター

第45号

2011年9月9日



ミヤコグサ (マメ科) の種子

## 開所記念講演会

2011年10月22日 (土) にかずさアカデミアホールで開催します。多くの方々のご参加をお待ちしています。

ページへのリンク → [開所記念講演会](#)



## かずさの森DNA教室

当研究所では、毎年夏休み期間中に、DNAについての実験講座である「かずさの森DNA教室」を開催しております。これは中学生・高校生の皆さんに、DNAについての基礎的な実験を経験していただく場として設けているものです。本年は7月20日、22日および26日に開催いたしました。

参加者（募集はいずれの日も12名）は次の通りです。

7月20日（水）：中学生3名

7月22日（金）：高校生4名、中学生4名

7月26日（火）：高校生5名、中学生7名

実験はバイオラッド社のDNA鑑定のためのキットを使用し、PCR法を使ってDNA鑑定を体験するものです。いずれの日も午前中にDNAについての簡単な講義を行なった後にマイクロピペットの使い方を練習し、その上で実験キットを使ってPCR法でDNAの増幅を開始し、それを午後には電気泳動法で確認するという日程で行ないました。また、午後の電気泳動を行なっている間に、研究所内の見学も行ないました。そして、電気泳動の終了

後に紫外線を当ててDNAのバンドを写真撮影し、得られた結果について参加者で話し合いをしました。その後、植物や動物の細胞からDNAを抽出する方法などについて説明し、最後に質疑応答を行いました。

今回は参加者の少なかった7月20日を除き、中学生と高校生を組み合わせるグループにして実験してもらいました。その結果、中学1年生には難しいことでも、高校生の積極的なリードによってうまく進めることができ、実験を失敗した班は一つもなく、また実験の結果もきれいでした。また、実際に教育に携わっておられる先生方にも参加していただきました。



財団法人 かずさDNA研究所 <http://www.kazusa.or.jp/>

〒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





## 最近の研究成果

### アブラナ科植物の比較ゲノム研究とダイコンの「染色体地図」の役割

植物分子育種研究室：白澤健太ら

昭和30年代ころまでは、初冬の田舎の風物詩の一つとして、たくわんとして漬けこむために洗ったダイコンを何段もの竿にかけて天日干しする光景があちこちで見られたものでした。当時、各地方には大きさも形も辛味もまちまちな独特な品種のダイコンが代々受け継がれており、同じたくわんでもかなり地方色豊かなものでした。ところがいつの頃からか、収穫の容易な「青首」と名付けられたダイコンの品種が広く栽培されるようになり、ダイコンの地方色が急速に失われてしまったようです。現在では、ダイコンに限らず、多くの野菜の品種が複雑な交配を重ねて作出された雑種であるため、栽培した品種から得た種子を蒔くと、多種類の異なった形質をもつヘテロな集団になってしまいます。そのため栽培農家では、安定した形質をもった野菜を得るために、毎年特定の種苗会社から特定の品種の種子を購入することを余儀なくされています。一方、将来に備えているいろいろな「遺伝資源」を確保するためには、各地方にまだ残っているダイコンをはじめとする多様な作物の種子を収集して保存しておく必要もあります。

このような状況を踏まえて白澤らは、今後ダイコンについてのさまざまな研究を進めるのに役立つとともに、ダイコンの育種にも利用できるようにする目的から、ダイコンのゲノム中にある多くの目印となるDNAマーカーを集め、それらを連鎖地図（図1をご覧ください）としてまとめて発表しました。DNAマーカーとして用いたのは、いろいろな条件下で芽、根、葉および花の組織で発現している遺伝子から作られるメッセンジャーRNAの断片をDNAとしてコピーしたもの（EST = expressed sequence tag）と、これらのEST中に存在することが見いだされたくり返し配列（SSR = Simple sequence repeat）を個別にクローン化したものです。収集したESTクローンは全部で26,606個であり、それらを解析した結果、10,381の個別の遺伝子に由来するものであることが判明しまし

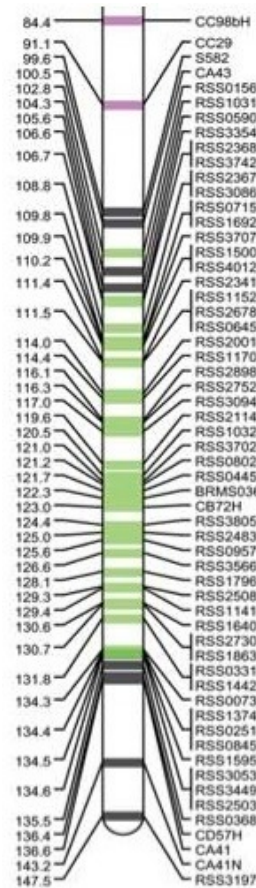


図1：ダイコンの連鎖地図

本文中に書きましたように、これまでの各種の解析から明らかになっている遺伝子などの213部位に加え、植物体の各組織から収集したEST上に見いだされたくり返し配列（SSR）のうち、解析に用いたダイコンの個体間で差異を示すものとして同定された630個のDNAマーカーをダイコンの9本の染色体上に位置づけた地図です。図は、そのうちの一本の染色体の一部（約40%）で、中央に示してあるのが染色体であり、横の線がそれぞれの遺伝子やマーカーの位置を表します。緑、黒、紫などの色の違いは、シロイヌナズナの異なる染色体に対応することを示しています。字が小さくて判読が困難で恐縮ですが、染色体の左側にはそれぞれの遺伝子やDNAマーカーのこの染色体上での位置を、また右側には遺伝子名やマーカー名を表示してあります。

## 今月のキーワード

～「最近の研究成果」にてできた言葉の解説～



**遺伝資源**：生物の育種（家畜や作物としてふさわしい形質を持つように交配して選抜を重ねること）のためには、交配が可能で異なった形質を持つ野生の近縁種が多く存在することが有効です。現在では、通常の交配ができない生物種間でもDNAを用いることにより「交配」が可能になっていますので、自然界に生息する多様な生物種が多数利用できれば潜在的な価値が高いと考えられます。このような考えから、進化の過程で生じた多様な生物群のもつさまざまな遺伝子群を自然資源として捉え、「遺伝資源」と呼ぶのです。一般に、遺伝資源が豊富であることは生物種が多様であることと表裏の関係にあります。

**連鎖地図**：2009年1月号にも簡単な解説を載せましたが、連鎖地図とは、いろいろな突然変異を解析することによって同定されたそれぞれの遺伝子がどの染色体上にあるのかを示すと同時に、同一染色体上にある場合にはかけ合わせをくり返して行なうことでそれらの相互の位置関係を解析し、得られた結果から「染色体上の遺伝子の相対的な位置」を計算して表したものです。これは、同一染色体上の二つの遺伝子は離れていればいるほど組換えを起す頻度が高いことに基づき、組換えの頻度を距離に換算して地図に表したものです。現在では、ゲノム解析（ゲノムDNAの塩基配列の解析）が行なわれたり、各種のDNAマーカーが同定されたりしていますので、これまでに知られた遺伝子に加えて、得られたDNAマーカーも位置づけ、それによって非常に高精度な連鎖地図が作成されています。距離の単位としては、連鎖している（すなわち、同じ染色体上にある）二つの遺伝子が、かけ合わせを通じて、平均1%の確率で組換えを起こした場合を1センチモルガンとして定義して用います。



た。また、これらのEST中に見いだされたSSRを解析対象のダイコン間で比較し、個体間で差異を示す630個を選抜しました。これらのSSRをもつESTは、シロイヌナズナや大根と同属のアブラナ科植物で発現している遺伝子のメッセンジャーRNAと類似していることから、これらのアブラナ科の植物で発現しているそれぞれの遺伝子は機能的にも類似していることが推測されます。

当研究所で世界の研究機関と共同でゲノム解析を行ない、2000年12月に、高等緑色植物として最初にゲノム解析データを公表したシロイヌナズナも同じアブラナ科の植物です。したがって、ダイコンとシロイヌナズナの詳細な比較解析を行えば、ゲノムや遺伝子が詳細に研究されているシロイヌナズナを媒介として、アブラナ科の他の作物の解析を進めることが容易になります。それが上述したダイコンで得られた各種のDNAマーカーを他の研究者に提供することの意義であり、それによって、アブラナ科の他の多くの作物の育種に役立つ情報が得られることが期待されます。

実際、このようにして作成した連鎖地図を、シロイヌナズナおよび[ハクサイ](#)（全ゲノム解読が終了して公開されました）の三者で比較してみますと、染色体の数（シロイヌナズナは5本、ハクサイは10本、ダイコンは9本）は異なるものの、三者の連鎖地図のいろいろな部分は類似しています。特に、遺伝子の並びが一致している（これを「シンテニー [synteny] が保存されている」と言います）部分が多く見られます。これらのことから白澤らは、ダイコンをはじめとするアブラナ科の作物は、シロイヌナズナも含めて同一の祖先から生じたものであろうと推論しています。ただし、アブラナ科の作物はこれまでにいろいろな交配を経てきており、そのゲノムや遺伝子構成などの状況はかなり複雑です。

【ここに紹介したのは、学術雑誌 DNA Research 誌で間もなく公表される「ダイコンの発現遺伝子および単純くり返し配列の連鎖地図とアブラナ科の比較ゲノム解析」という論文（原文は英語）の概要です。】

## どんなゲノム こんなゲノム

### \* サンゴのゲノム解析 (2011年8月18日号のNature誌)

沖縄と言えばサンゴが有名です。青い亜熱帯の海の中に色とりどりのサンゴが生えているのを見ると、誰でも一度は実際に潜って自分の目で見たいと思うことでしょう。そのようにきれいなサンゴですが、その生物学的な実態はウニと同じ棘皮動物に属するサンゴチュウの群体が作り出した固い石灰質の骨格なのです。最近、珊瑚礁を作る造礁サンゴの一種で学名を *Acropora digitifera* というサンゴのゲノム解析が、沖縄科学技術研究基盤整備機構（沖縄科学技術大学院大学【仮称】の設立を準備するための独立行政法人）の研究者らによって発表されました。ゲノムの大きさは4.2億塩基で、約24,000個の遺伝子を含んでいると推定されています。サンゴはいろいろな藻類と共生しており、*Acropora*の細胞間隙には光合成を行う *Symbiodinium* という渦鞭毛藻が共生しています。しかし、長い間の共生にもかかわらず、このサンゴのゲノム中に共生藻から遺伝子が水平伝搬（生物種間で遺伝子が移動すること）したという証拠は見いだせませんでした。共生藻の活発な光合成によって取り込まれた炭酸ガスが炭酸カルシウム（石灰）として蓄積して珊瑚礁が形成される訳ですが、それを裏付けるように、このサンゴのゲノム中には石灰化のための多数の遺伝子が見いだされています。解析をさらに進めることにより、共生藻との共生の仕組みや環境変化へのサンゴの応答の仕組みなどの理解が進むことが期待されます。

### \* ネアンデルタール人、デニソヴァ人と現代人 (2011年8月26日号のScience誌)

多くの人にとってネアンデルタール人（N人）とは古代の化石人でしかなく、現代人との関わりについては推測に過ぎないと思われるかも知れません。しかし、数年前によく保存されたN人の骨（化石ではなく）が得られ、そこからDNAが抽出されてN人のゲノムの解析が進められ、いろいろなことがわかってきました。さらに最近、シベリアのノボシビルスクの南のデニソヴァというところにある洞穴の中から、今まで知られていない旧人類の臼歯と指の骨が見つかり、特に指の骨は非常に保存状態がよかったのでDNAを抽出してゲノムを解析することができたのです。その結果、この指の骨はデニソヴァ人（D人）と名付けられた新しい旧人類の女性のものであり、さらにこの洞穴にはN人や現代人の祖先も住んでいたという証拠が見いだされました。D人やN人のゲノム解析の結果、次のような興味あることが見いだされました。現代人のDNAのうちおよそ2-7%はD人やN人に由来するとされていますが、免疫に関わる白血球抗原を作るHLAという遺伝子群に関しては、50%程度が旧人類に由来するのではないかということです。HLA遺伝子の中で、HLA-B\*73と名付けられた西アジア人にも見いだされる型はチンパンジーやゴリラのものと類似しており、起源が古いと考えられますが、現代人が生じたというアフリカの原住民には見いだされません。上述したD人の女性はHLA-B\*73を持ってはいませんでした。その遺伝子構成から、現代人のHLA遺伝子群はN人やD人にかなり近いものであると推測されました。このような解析から、旧人類の遺伝子が現代人との交雑を通じて受け継がれているというのですが、さて・・・。



## DNA物語 (18) - 最終回

これまでの17回にわたるDNA物語を通じて、19世紀の半ば過ぎにスイスのミーシャーが最初に膿のついた包帯から取り出して発見したDNAが、その後百年以上にもわたる長い間、多数の研究者によってどのように研究されてきたのか、そしてDNAの構造や働きがどのような研究から明らかにされてきたのかということを書いて参りました。この間、DNAに関する重要な研究でありながら触れることのできなかった研究があります。そこでこの物語を終了するに当たって、そのうちのもっとも重要な例を紹介したいと思います。

皆様はトランスポゾン (transposon) という語をご存知でしょうか？トランスポゾンは転移因子と訳され、自分自身でゲノムのある場所から別の場所に移ることのできる因子のことであり、顕微鏡による分裂期の染色体の観察から知られるようになった転移 (transposition; 特定の遺伝子を含む染色体の一部が他の染色体に移動すること) という現象に似ていることからこのように名付けられたものです。

1940年代に、アメリカの女性研究者で、トウモロコシの実に生ずる斑入りの現象 (写真をご覧ください) を研究していたマクリントック (Barbara McClintock) は、斑入り現象の詳細な解析から、この現象は二つの因子の相互作用によってもたらされることを見だし、それらの因子をDs (Dissociator) およびAc (Associator) と名付けました。そして、斑入りが生ずるのはAcという因子によって転移を促されたDsが第9染色体からゲノム内の別の部位に転移し、その際それまでDsによって発現が抑制されていた色素 (アントシアニン) を作る遺伝子の抑制が解除され、色素が作られるようになるからであると説明しました。それでどうして斑入りになるのかについては、Dsの転移はランダムに起こり、転移が起こらない細胞では色素が作られないので、結果的にそれぞれの種子の表面に転移を起こした細胞 (アントシアニンの赤紫色がつく) と起こしていない細胞 (無色) がランダムに分布するためであると説明したのです。最近のトウモロコシでは赤紫の色のついたものは見かけませんが、日本でもかつては色のついたトウモロコシが広く栽培されていましたので、記憶しておられる方もおおいのではないのでしょうか。トウモロコシの実の色の背後にはこのようなことが隠されていたのです。

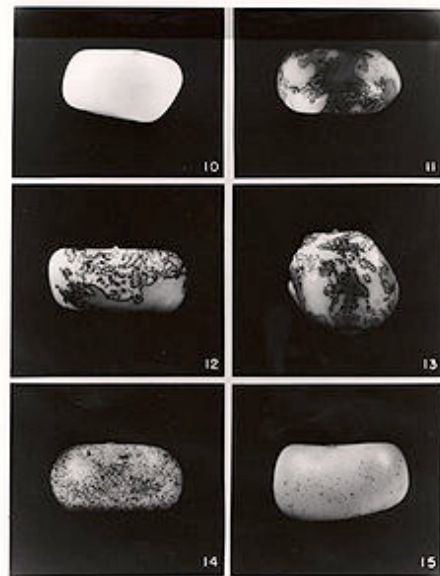
しかし、この「遺伝子が動く」というマクリントックの考えは素直に多くの人に受け容れられた訳ではありません。彼女の研究を理解し支持した人もいる反面、彼女の研究を理解せず、次々とより複雑な現象を説明しようという彼女の試みに懐疑的な人も多く、そのため彼女は、1953年以降は論文発表を一切しないと決意したと

いうことです。

このような困難な事情が改善され、動く遺伝子、すなわちトランスポゾンという概念が広く受け容れられるきっかけになったのは、1970年代半ばになって、大腸菌をはじめとするバクテリアにもトランスポゾンがあることが相次いで見いだされ、それによってトランスポゾンの転移する仕組みが明らかになったためです。そして、トランスポゾンの解析から、トランスポゾンには抗生物質などの薬剤に耐性の遺伝子 (薬剤を細胞外へ排除したり、薬剤を不活化したりする酵素をつくる遺伝子) を持っているものがあることがわかり、さらにトランスポゾンが挿入されることで働いている遺伝子の不活化が起こること等が次々に明らかになってきました。

その後、このようなトランスポゾンの性質を利用することで、いろいろな生物でそれまで困難だった遺伝学的な解析ができるようになりましたし、さらに、トランスポゾンを目印として追跡することにより、生物の進化・系統関係が明らかにされるようになっていきました。一人の女性科学者の主張が20年以上たってようやく認められ、そこから新しい分野が開花したのです。

一年半にわたってDNA物語を書いて参りましたが、今回で最終回にしたいと思います。当初は10回くらいの連載にしようと思っておりましたが、いろいろなことを収録しようとしたため大分長くなってしまいました。物語をまとめるに当たってはできるだけ平易な表現で書くように努めてきたつもりですが、それでもわかりにくい部分が多々あったのではないかと危惧しております。長い間ご愛読下さりましてどうもありがとうございました。(かずさDNA研究所・参与 磯野克己)



写真：トウモロコシの種子に見られる斑入り

写真はアメリカのWikipediaのページに掲載されていたのをコピーしたもので、左上のものではAcがないためにDsが転移することがなく、結果として全く色素をもたない種子ができます。右上と中央の二つではAcによってDsの転移が起こり、色素を持った細胞がランダムに分布する結果、色素をもつ細胞のパターンができます。最下段の左のものでは2個のAcが、右のものでは3個のAcが働く結果、上のものとは異なったパターンになります。





## トピックス

### 始祖鳥は鳥類の「始祖」か？

始祖鳥 (*Archaeopteryx*) の最初の化石は、1860年にドイツ南部バイエルン州にあるゾルンホーヘンという小さな町のジュラ紀の地層から発見されたもので、各種の観点から鳥類の最初の化石だとされました。以来約150年間で、始祖鳥は文字通り鳥類の始祖として扱われ、恐竜から鳥類が進化してきたことを示す化石として教科書等に掲載されて今日に至っています。ところが最近、中国の研究者により、遼寧省で始祖鳥に類似した *Xiaotingia* と名付けられた化石が発見されたのです。

実はこれまでも、中国の遼寧省をはじめ世界の各地から、始祖鳥に見られるような「羽毛」をもったいろいろな小型恐竜の化石が出土しており、始祖鳥が本当に鳥類の始祖であったのかということが折にふれて問題にはなりましたが、*Xiaotingia* の出現まではこれまでの説が大きく揺さぶられることはありませんでした。学問の世界でも、一旦広く受け容れられた説を変更することには抵抗があり、よほどの証拠が示されないと難しいというところはこれまでも多くの例があります。ただ、最近の生物の進化を解析する方法は非常に進歩してきており、そのような解析法を適用して、始祖鳥を含めた羽毛を持つ小型恐竜の体のいろいろな部位の形状や大きさを測定して数値化し、それらを比較して進化系統関係を調べてみますと、始祖鳥が鳥類の始祖として例外的に扱えるものではないということがわかってきたということです。このニュースを報ずる7月28日号のNature誌のコラムには、「止まり木から落とされた偶像」というタイトルが付けられています。始祖鳥は本当に落ちた偶像になるのでしょうか？

残念なことに、本号の「どんなゲノムこんなゲノム」で述べたネアンデルタール人やデニソヴァ人の場合と異なり、始祖鳥をはじめとするこれらの化石からはDNAを抽出することができませんので、結果的に化石からだけの議論になってしまいます。そのような限界はあるにしても、始祖鳥が真の鳥類の始祖ではないということは多分正しいようです。

### 微生物を育種することの難しさ

ビールの生産国・消費国として有名なドイツ（2009年の一人当たり消費量は109.1リットルで世界第3位；因に日本は46.9リットルで38位）には、一定期間低温で貯蔵・熟成させて製造するラガービール（Lager Beer）というビールがあります。ビールの醸造にはビール酵母が必要で、これまで世界のさまざまな地域で自然界から分離したビール酵母が大切に保存され使われてきました。もちろん現在では、ビールに限らず各種の醸造に用いられる酵母などの微生物は、単離されたものが冷蔵や冷凍あるいは凍結乾燥などという方法で保存・管理されていますが、昔は大切に植え継がれていたのです。ですから、もし何らかの事故などで種株が失われると、その株を使って作っていた製品の製造は中止を余儀なくされてしまいます。また、新しい製品を開拓するためには、自然界から新しい菌株を分離したり、あるいは従来株の変異株を分離したりして醸造を行い、そこから味のいいものを選んでいく必要がありますので、大変な手間と労力がかかったであろうことは容易に想像できます。さらに大きな問題は、いずれの醸造過程も単一種の微生物で行われている訳ではないという点です。

ところで、前述のラガービールの醸造に必要な酵母ですが、DNAの塩基配列を調べてみますと、今まで知られている酵母の他に、まだ同定されていない低温耐性の酵母が混じって異質4倍体（通常の2倍体の二種類の酵母ゲノムが同一細胞内で合わさって4倍体を形成したもの）として存在しており、それによって低温での熟成が可能になっていることがわかったということです。そこで問題となる未知の酵母を探す目的で、自然界で酒の醸造のために必要な酵母が多く分離されるブナ科植物の樹木から酵母を分離してゲノムを比較した所、アルゼンチン中央部のパタゴニア地方のブナ科植物の樹木から分離したものが該当することがわかったということです。なぜドイツのラガービールの醸造に必要な酵母がアルゼンチンの樹木から分離されたのかは、報告（米科学アカデミー紀要）のどこにも書いてないのでわかりませんが、もしかすると昔何らかの理由で輸入された木材に付着していたものに由来するのかも知れません。

#### <今月の花>

メハジキ (シソ科)

*Leonurus japonicus*

(2010年9月19日撮影)



昨年、南房総のある山に登った帰りに、何気なしに林道を歩いていたら、まったく偶然に、工事現場の近くの埃っぽい道端でこのメハジキに出会った。メハジキの名前は知っていたが、実物を見るのは初めてである。シソ科の花は面白い形をしたものが多いが、ご多分に漏れずこのメハジキの花も独特の風貌をしている。以来気をつけてはいるものの、他の場所では見つけることができないでいる。