



公益財団法人

かずさDNA研究所

NEWSLETTER



かずさDNA研究所ニュースレター 第69号
発行日 令和元年10月15日（年4回発行）
企画・編集／公益財団法人かずさDNA研究所 広報・研究推進グループ
ニュースレターは以下のサイトからも閲覧できます。
<https://www.kazusa.or.jp/j/information/newsletter.html>
[配信登録：ニュースレターの発行をメールでお知らせします。]

かずさDNA研究所



特集：開所25周年記念

P09. 研究紹介

藻類のオイル生産を制御する遺伝子
シャインマスカットのゲノム解読

P12. どんなゲノム こんなゲノム

金魚のゲノム解読

P13. 遺伝子ってなんだろう？

雌雄の産み分け
ショートスリーパー遺伝子

P15. 活動報告

DNA出前講座受講者 1万人達成

P17. かずさDNA研究所クイズ

69

2019 OCT



公益財団法人 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
<https://www.kazusa.or.jp/>
E-mail : nl-admin@kazusa.or.jp

かずさDNA研究所クイズ

今回は特集号として、かずさDNA研究所にゆかりのある事柄に関するクイズを出題します。

答えは18ページに掲載



問題 1

下記の数字は当研究所からどこまでの距離でしょうか？

11.2km

A:木更津駅 B:東京ドイツ村
C:マザー牧場 D:東京ディズニーランド

問題 2

下記の数字は何の面積でしょうか？

278ha

A:かずさアカデミアパーク B:木更津市
C:かずさDNA研究所 D:東京ドーム

問題 3

下記の数字は2019年8月時点の当研究所の何の人数でしょうか？

138人

A:技術員 B:パート職員
C:全職員 D:研究員

問題 4

下記の数字は何の人数でしょうか？

135,437人

A:見学者の数 B:千葉県人口
C:木更津市人口 D:DNA出前講座受講者数

問題 5

下記の数字は当研究所が解析した何の生物のゲノムの長さ[塩基対(bp)]の数でしょうか？

3,573,470bp

A:ソメイヨシノ B:ダイズ根粒菌
C:シャインマスカット D:ラン藻

問題 6

下記の数字は何の人数でしょうか？

19,089人

A:出前講座/実験教室参加者数 C:見学者の数
B:日本分子生物学会会員数 D:千葉県職員の数

DNA研究所25年の主なできごと

- 1994 かずさディー・エヌ・エー研究所 開所
高浪満 初代所長 平岩外四 初代理事長
国際科学雑誌「DNA Research」刊行
- 1996 光合成生物（ラン藻）のゲノム解読
- 1997 大石道夫 第2代所長就任
- 1998 遺伝子機能研究開発制度発足
米国立科学財団から感謝状（シロイヌナズナのゲノム解析）
- 2000 モデル植物（シロイヌナズナ）のゲノム解読
窒素固定生物（ミヤコグサ根粒菌）のゲノム解読
- 2001 木更津市民栄誉賞を受賞
- 2002 ユニークな性質をもつ3種類のラン藻ゲノム解読
植物の物質生産の制御に関わる基礎技術開発を開始
ヒトの遺伝子の国際登録件数が2000件を突破
- 2003 窒素固定生物（ダイズ根粒菌）のゲノム解読
天皇皇后両陛下当研究所御視察（第54回全国植樹祭）
- 2004 マウス遺伝子クローン及び抗体のデータベースを公開
- 2005 かずさバイオ共同研究開発センター開所
皇太子殿下当研究所御視察
プロメガ社との共同研究開始
- 2006 先天性免疫不全症の解明に着手
- 2007 バイオ産業技術支援センターの設置
- 2008 アオコ形成藻 ミクロシスティス・エルギノーサのゲノム解読
トマトの成分組成を一挙に解析する方法を開発
マメ科植物（ミヤコグサ）のゲノム解読
全世界に向けてヒト遺伝子クローンの配布を開始
- 2009 免疫・アレルギー疾患の克服に向けた産学官との連携を開始
- 2010 希少疾患の原因遺伝子検査拠点に向けての活動を開始
バイオ燃料植物（ナンヨウアブラギリ）のゲノム解読
- 2011 田畑哲之副所長が文部科学大臣表彰を受賞
ハクサイのゲノム解読
山本正幸 第3代所長就任
- 2012 ユーカリのゲノム解読
公益財団法人に移行
トマトのゲノム解読
- 2013 田畑哲之 第4代所長就任
食用イチゴのゲノム解読
- 2014 ダイコンのゲノム解読
ナスのゲノム解読
長生高等学校とSSH連携事業協定を締結
- 2015 サツマイモ野生種のゲノム解読
東京理科大学生命医科学研究所と連携協定
株式会社かずさゲノムテクノロジーズが設立
研究所見学者13万人達成
- 2016 ラッカセイ祖先種のゲノム解読
千葉大との連携で所内に連携研究室を設置
木更津高等学校とSSH連携事業協定を締結
日本シバのゲノム解読
ソバのゲノム解読
キヌアのゲノム解読
サブクローバーのゲノム解読
- 2017 イチジクのゲノム解読
千葉県がんセンター研究所と連携協定
サクランボのゲノム解読
宮崎大学と連携協定
ノイバラのゲノム解読
衛生検査所の登録を行い難病の遺伝学的検査を開始
- 2018 研究所のサポーターズクラブ「DNA倶楽部」を発足
DNA Research 出版局を設置
- 2019 文部科学省教員免許状更新講習開設者に指定
キクタニギクのゲノム解読
サクラ（ソメイヨシノ）のゲノム解読
現代産業科学館の「伝えたい千葉の産業技術 100選」に選定
野生ダイズのゲノム解読
ラッカセイ栽培種のゲノム解読
中高生のDNA出前講座受講者 1万人達成

約 **6,974,670,000 円**

外部研究資金の取得総額
(H14~H30年度)

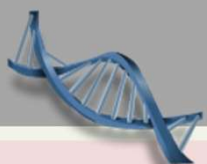
革新的技術開発・緊急展開事業、農林水産業・食品産業科学技術研究推進事業、戦略的創造研究推進事業、難治性疾患実用化研究事業、革新的がん医療実用化研究事業、循環器疾患・糖尿病等生活習慣病対策実用化研究事業、革新的先端研究開発支援事業、創業等ライフサイエンス研究支援基盤事業、地域産学バリュープログラム、統合化推進プログラム、ゲノム情報を活用した農産物の次世代生産技術の開発、難治性疾患克服研究事業、難治性疾患政策研究事業、科学研究費助成事業基盤研究(A)、科学研究費助成事業基盤研究(B)、科学研究費助成事業基盤研究(C) *平成30年度事業計画より一部抜粋

外部研究資金：国に研究提案して獲得する競争的研究資金と企業からの研究資金を含む
*県からの補助金は含まない

2,037 種類

発見したヒト遺伝子数

ヒト遺伝子は約2万種類なので、
全遺伝子の約10%は千葉県から発見



外部資金取得

ゲノム解読 職員

研究論文 特許

共同研究

出前講座

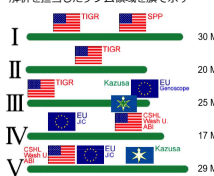
企業 産学連携

1,346 報

発表した研究論文数 (H30.12)



解析を担当したゲノム領域を旗で示す



31 社以上

かずさアカデミアパークの企業 (R1.8)

*かずさいんキュベーションセンターなども含む



28 種類

微生物・藻類 (8種)
植物 (20種)

ゲノム解読した生物 (R1.8)



137,539 人

H30年度までの見学者総数



海外からの中高生の研修も増加

173 件

契約機関の件数
企業 (108) 大学 (33)
研究機関 (36)
海外 (14)
市町村 (4)
医療機関 (1)

共同研究契約の件数

300 人以上

研究所で働いた職員の合計

175 件

特許出願を行った件数 (R1.8)

独立栄養生物のゲノム解読

1996年のラン藻ゲノム解読は、単一生物では世界で3番目、独立栄養生物では世界初の成果です。

世界初

<産学官連携>

❖ 8月28日(水)：「アグリゲノム産業研究会 次世代シーケンサー(NGS)データ解析講習会」を開催

<https://www.kazusa.or.jp/workshop/Agpmeeting190828/index.html>

❖ 8月29日(木)：「千葉県バイオ・ライフサイエンス・ネットワーク会議 かずさDNA研究所視察・知財セミナー@かずさ」を開催

<https://www.kazusa.or.jp/bio-network/pdf/20190805.pdf>

❖ 9月6/7日(金/土)：日本育種学会 (秋季大会) に参加 (近畿大学 奈良キャンパス)

<https://www.nacos.com/jsb/06/06gaiyou.html>

❖ 9月15/16日(日/月・祝)：園芸学会 (秋季大会) に参加 (島根大学 松江キャンパス)

http://www.jsbs.jp/modules/meeting/index.php?content_id=2

<その他> *KDRI:かずさDNA研究所に於いて実施

❖ DNA出前講座

7月17日(水)：成田市立玉造中学校

7月18日(木)：木更津工業高等専門学校

8月19/20日(月/火)：山梨県立甲府南高等学校

9月2/3/4/17/18日(月/火/水/火/水)

：千葉県立木更津高等学校

9月12日(木)：木更津市立岩根中学校PTA研修会

9月25日(水)：匝瑳市立八日市場第一中学校

9月27日(金)：君津市立北子安小学校サイエンスクラブ

10月3日(木)：千葉県立東葛飾高校

❖ 公民館出張講座

7月19日(金)：木更津市立岩根公民館

8月28日(水)：八千代市立八千代台公民館 小学生

8月30日(金)：山武市成東中央公民館 小中高校生

❖ 教員研修講座など (KDRI)

7月30日(火)：生物先端技術研修会

(千葉県総合教育センター共催)

8月1日(木)：文部科学省認定教員免許状更新講習

「分子生物学入門」

8月22日(木)：君津地方教育研究会理科部会研修会

❖ かずさの森のDNA教室 (KDRI)

8月6/7日(火/水)：千葉県下の中高生

❖ 千葉県夢チャレンジ体験スクール事業 (KDRI)

7月23/24日(火/水)：サイエンススクール

7月26(金)：キャリア教育「科学・先端技術体験キャンプ」

❖ イベント

8月3日(土)：千葉県立現代産業科学館展示運営協力会
サイエンスショー、実験・工作教室

8月10/11日(土/日)：アート・クラフト縁日

(株式会社かずさアカデミアパーク主催)

10月12日(土)：千葉市科学フェスタ (千葉市科学館)

DNA倶楽部会員募集



研究所の最新ニュース提供
イベント情報提供
会員限定のイベント案内
メンバーカード進呈

会費無料
簡単登録



DNA出前講座受講者 1 万人達成

当研究所は千葉県内の中学校、高等学校等を対象にDNA出前講座を実施しています。本格的に始めた2013年以降に実施した中学校、高等学校でのDNA出前講座の受講生徒数が1万人に達しました。記念すべき受講者1万人目の出前講座は、袖ヶ浦市立蔵波中学校で行い、これを記念して学校へ「DNAの二重らせんの模型」を贈呈しました。



図1：平成25年度以降の受講生徒数の推移

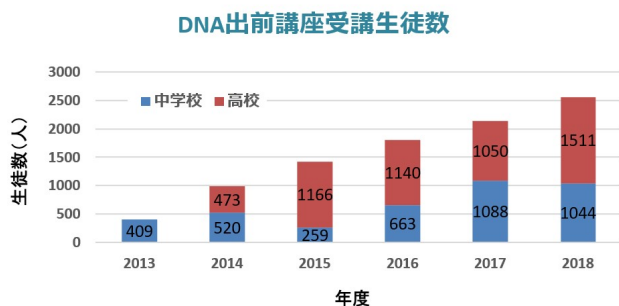


図2：平成25年度以降の出前講座／科学イベントの訪問先



研究成果の評価で見るDNA研究所

世界で影響力のある科学者として5年連続で選出されました！

クラリベイト・アナリティクス社（旧トムソン・ロイター社）は、世界の21の研究分野（自然科学および社会科学）において、10年以上にわたり高い評価を得ている影響力ある研究者を、引用分析により特定しています。田畑哲之所長と2012年まで弊所の研究員であった佐藤修正氏は、5年連続で世界で影響力のある科学者として選出されています。千葉県に支援されてきた弊所の研究が世界をけん引してきた証です。

[引用分析（インパクトファクター）：自分の発表論文が他の人の論文にどのくらい引用されたかを分析]

日本から選ばれた76名の所属（2016年度版）

理研;12名, 東京大学;11名, 大阪大学;9名, 京都大学, 物質・材料研究機構;各5名, 産業技術総合研究所, 東北大学, 名古屋大学;各3名, 岡山大学, 神戸大学, 国際農林水産業研究センター, 崇城大学, 千葉大学, 奈良先端科学技術大学院大学, 広島大学;各2名, 医基盤研究所, 宇都宮大学, 愛媛大学, 大阪市立大学, **かずさDNA研究所**, カブリ数物連携宇宙研究機構, 九州工業大学, 九州大学, 慶応大学, 埼玉大学, 順天堂大学, 武田薬品工業株式会社, 東京農工大学, 東京理科大学, 徳島大学, 鳥取大学, 北海道大学, Meiji Seikaファルマ株式会社, 山形大学, 早稲田大学;各1名 [人数は第1所属先と第2所属先の合計]

国際共同研究に関する指標で国内民間/非営利機関の第5位に

科学英文雑誌のNatureは、Nature INDEXという世界研究機関のランキングを行っています。2015年1月から2018年10月の発表論文について、Nature Indexが独自に厳選した82の自然科学系学術ジャーナルから出版される高品質な科学論文を対象とした国際共同研究に関する指標で、弊所が国内民間/非営利機関の中で第5位になりました。

<https://www.nature.com/collections/ggiejjiiib>

国際共同研究に関する指標における国内民間非営利機関 Top10（2015年1月から2018年10月）

①大学共同利用機関法人 高エネルギー加速器研究機構, ②大学共同利用機関法人 情報・システム研究機構, ③株式会社国際電気通信基礎技術研究所, ④公益財団法人がん研究会, ⑤**公益財団法人かずさDNA研究所**, ⑥ファインセラミックスセンター, ⑦公益財団法人豊田理化学研究所, ⑧日本赤十字社, ⑨一般財団法人総合科学研究機構, ⑩電力中央研究所

弊所出版の科学雑誌が国内自然科学専門誌の第4位に

弊所は、DNA やゲノムに関連する優れた研究成果を出版する国際専門誌「DNA Research」の発行を1994年に開始しました。国内外の最新のハイレベルな研究成果が多数掲載されており、クラリベイト・アナリティクス社が分析した2017年の引用分析では、国内で発行されている自然科学系専門誌 250 誌の中で第4位にランクされ、国際的にも高い評価を得ています。弊所から投稿された論文も数多く掲載されています。

国内自然科学専門誌 Top10（2017年版引用分析）

①Journal of Photochemistry and Photobiology C-photochemistry Reviews (光科学), ②NPG Asia Materials (材料科学), ③Journal of Gastroenterology (消化器病学), ④**DNA Research** (ゲノム/DNA), ⑤Gastric Cancer (胃がん), ⑥Journal of the Meteorological Society of Japan (気象学), ⑦Science and Technology of Advanced Materials (材料科学), ⑧Cancer Science (癌研究), ⑨Plant and Cell Physiology (植物学), ⑩Allergy International (アレルギー学)

植物ゲノム研究の変遷

1900年：メンデルの遺伝の法則再発見

1973年：組換えDNA技術の開発

光合成や共生窒素固定をする生物のゲノムを調べる

- ラン藻のゲノム解読（1996年、ゲノム解読世界3番目）
- ミヤコグサやミヤコグサ根粒菌のゲノム解読
- 根粒菌によるマメ科植物の共生に関する研究

1995年：青いカーネーション「ムーンダスト」誕生

シロイヌナズナのゲノム解読

（1996-2000年）

- モデル植物：シロイヌナズナ（国際共同/全体の25%解析）
- 高等植物世界初：植物ゲノム解析の発展に貢献

1996年：除草剤耐性、害虫抵抗性の遺伝子組換え作物商品化（米国）

植物による物質生産に関する研究

（2002-2010年）

- 質量分析機器による代謝物同定と遺伝子発現関連研究
- 千葉県農林総合研究センターとの共同研究

2004年：カルタヘナ法の施行（日本）

2004年：国際協力によるイネゲノムの解読完了

トマト遺伝子資源の整備

（2000-2006年）

- トマト果実形質の育種選抜技術の開発
- 千葉県農林総合研究センター、筑波大学、野菜茶業研究所との共同研究

2005年：スギ花粉症治療薬の開発（日本）

実用植物のゲノムを調べる

シロイヌナズナ；2000年、ミヤコグサ；2008年、ジャトロファ；2011年、アブラナ科栽培種の原種；2011年、ユーカリ；2012年、トマト；2012年、イチゴ；2013年、カーネーション；2013年、ナス；2014年、ダイコン；2014年、車軸藻植物クレブソルミディウム；2014年、サツマイモ野生種；2015年、シバ；2016年、ソバ；2016年、キヌア；2016年、サバクローバ；2016年、ラッカセイ野生種2種；2016年、オウトウ；2017年、イチジク；2017年、ノイバラ；2018年、キクタンギク；2019年、サクラ「ソメイヨシノ」；2019年、ラッカセイ栽培種；2019年、野生ダイズ；2019年、ブドウ「シャインマスカット」；2019年

2010年：人工合成ゲノムの細菌への導入成功

ゲノム情報を利用した品種改良

- 病気に抵抗性をもつ遺伝子の同定
イチゴうどんこ病/ラッカセイ黒渋病・さび病など
- 付加価値の高い作物の創出（国内外での共同研究）
高オレイン酸含有落花生/イチゴの輸送適正など

2012年：CRISPRによるゲノム編集技術開発

植物ゲノム情報の社会での利用

- 種苗会社を対象とした種子の純度検定
- 農作物の品種識別、種子の病害検査
- 各種植物に関する統合データベースの構築

2016年：茶色くならないマッシュルーム開発（米国）

2016年：ソラニンを含まないジャガイモ開発（日本）

遺伝子ってなんだろう？



ショートスリーパー遺伝子

現代人の多くが感じている慢性的な睡眠不足は、心血管疾患やがんなどの病気のリスクを高めることが知られています。しかし世の中には、短時間の睡眠でも健康に支障をきたさない、ショートスリーパーと呼ばれる人もいます。彼らは普通の人といった何が違うのでしょうか。

カリフォルニア大学の研究グループは3世代にわたってショートスリーパーがいる家族のDNA配列を調べて、家族間で比較しました。そして、 β_1 -アドレナリン受容体遺伝子（*ADRB1*）のDNA配列の中で、ショートスリーパー特有のCがTに変化している箇所を見つけました。そこで、同じ変異をもつマウスを作製したところ、ヒトの場合と同様に睡眠時間が減り、活動時間が増えることが分かりました。また、この変異をもつマウスでは、深い睡眠状態であるノンレム睡眠から一気に覚醒することができ、覚醒状態を促進するニューロンの数が普通のマウスよりも格段に多いため、活動時間が長くなるのではないかとということが分かりました。

別の研究では、ショートスリーパーは、楽観的でエネルギーが豊富であり、同時に複数の仕事をこなすことができる傾向があるとされています。今回の結果をきっかけに、効果的に睡眠を取るための研究が進み、自由自在にショートスリーパーのようなスーパーマンになれるといいですね。

2019年9月25日 Neuron

遺伝子ってなんだろう？



雌雄の産み分け

ヒトを含む哺乳動物のほとんどの性別は性染色体で決まります。X染色体が2本（XX）だと雌、XとY染色体が1本ずつ（XY）だと雄になります。卵子はX染色体を1本もつに対し、精子にはX染色体をもつX精子とY染色体をもつY精子があり、X精子が受精すれば雌（XX）、Y精子なら雄になります（XY）。X精子とY精子は同じ数がつくられ、これまで機能差はないと考えられてきました。

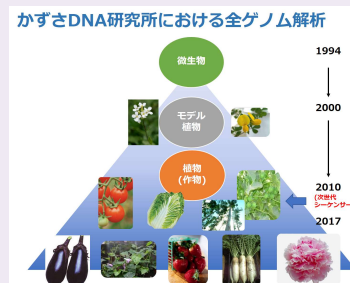
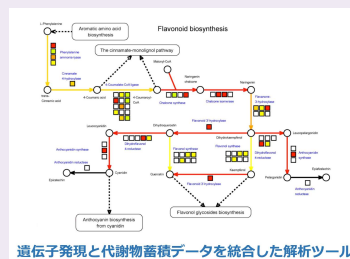
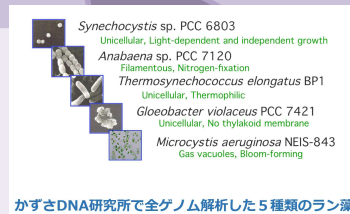
広島大学の研究グループは、マウスでの精子形成過程の後期にX染色体から発現し、精子になった後もRNAが残っている遺伝子を492個見つけました。さらに、薬剤処理でX精子とY精子を分けることを考えて、細胞の表面にある「受容体」と呼ばれるタンパク質をつくる遺伝子18個のうち、*Tlr7*遺伝子と*Tlr8*遺伝子（病原体を感知して自然免疫を作用させるToll様受容体をコードする）に着目して研究を進めました。

これらのタンパク質は、X精子でのみ精子の頭部以外の部分に発現しています。そこで、試験管内でマウスの精子にこれらに結合する薬剤を加えたところ、半数の精子の動きが低下しました。そして、この動かなくなった精子を回収して体外受精をしたところ、約80%の割合で雌が誕生しました。

この技術は、ウシやブタでも応用可能であることが確認されています。もちろんヒトでも可能ですが、倫理的には避けた方がよいでしょうね。

2019年8月13日 PLOS Biology

2019年8月14日 広島大学プレスリリース



「光合成」を行う微生物であるラン藻を対象として、5種類のラン藻のゲノム解析を行いました。さらに、植物の「窒素固定」の研究のために、マメ科植物と共生関係にある2種類の根粒菌のゲノム解析を行いました。将来、研究成果が窒素肥料の使用軽減につながることを期待します。

日欧米の国際共同プロジェクトで、植物の分子遺伝学的研究に用いられていた高等植物である「シロイヌナズナ」のゲノム解析を2000年に完成しました。この成果により実用作物を含む植物のゲノム研究が進み、千葉県国際知名度をあげることもできました。

シロイヌナズナのゲノム解析を受けて、工業原料などを植物に効率的につくらせる技術基盤を構築する研究が可能となりました。代謝物や遺伝子発現の解析を行い、植物代謝物の合成経路のマップづくりを行い、代謝物の合成経路にかかわる遺伝子について多くの情報を提供しました。このプロジェクトでは、国内企業10社とも連携しました。

開所から6年を過ぎた頃から、ゲノム解析により明らかになった遺伝情報を活用して、大規模な遺伝子機能解析をする段階に入りました。具体例としては、千葉県農林総合研究センター、筑波大学や野菜茶業研究所などとの共同研究で、トマトの果実の色素合成や成熟の制御に関連する遺伝子を解析し、育種選抜技術の開発研究を行いました。

開所から10年を過ぎた頃より、実用植物のゲノム解析をスタートしました。これまでに20種を超える実用植物のゲノム解析を行いました。これにより、個々の植物の有用遺伝子が特定されやすくなり、品種改良における選別が分子レベルで行えることから、育種のスピードが加速します。現在は、ゲノム構造が複雑で解析が難しいサツマイモの解析などを行っています。



ゲノム情報を活用して、耐病性、害虫耐性や乾燥耐性などの遺伝子をもつ実用植物の育種が可能となります。これを効率よく行うためのツールが「DNAマーカー」で、有用遺伝子の有無の判定や品種識別に用いられます。2005年頃から様々な植物のDNAマーカーを特定し、病気に抵抗性をもつ作物や高付加価値化した作物の創出に向けて、国内外で共同研究を進めています。

ヒト遺伝子研究の変遷

1977年：DNA塩基配列解析技術の開発

1990年：遺伝子治療に初めて成功

ヒト遺伝子を探す (1994-2002年)

- 約2,000種類の遺伝子のDNA配列を解析・公開
- 世界の研究機関に遺伝子が無償配布

1996年：クローン羊ドリー誕生

2003年：ヒトゲノム配列解読完了

国際遺伝子コンソーシアムに参加

(2005年-)

- 米国国立衛生研究所 (NIH) が主導 *国内では理研と弊所
- 完全な形のヒト遺伝子は約16,000種類以上 (R1. 8)

2006年：遺伝子診断ビジネス開始

2007年：ヒトiPS細胞の樹立

ヒト遺伝子の機能を探る

- 研究成果の産業利用を目的とした遺伝子機能研究開発制度 (1998-2012年)
- 包括的な遺伝子機能解析に向けた研究ツールの整備 (2001-2006年) *マウス遺伝子とその産物に対する抗体を整備
- 人工染色体を用いた染色体機能解析を開始 (2008年-)

2008年：米国遺伝子情報差別禁止法成立

2008年：1000人ゲノムプロジェクト開始

プロメガ社との共同研究

(2005-2013年)

- 県姉妹都市ウィスコンシン州の研究試薬メーカー
- 研究用タンパク質発現クローンの世界的販売

2012年：CRISPRによるゲノム編集技術開発

かずさ発ベンチャー企業設立

(2015年)

- (株)かずさゲノムテクノロジーズ (KGT)
- 研究成果を活用した事業創出など

疾患と遺伝子の関連を調べる (2006年-)

- 原発性免疫不全症に関する研究を開始 (厚労省・大学)
- 免疫・アレルギー疾患に関する研究を開始 (千葉大・理研)
- 千葉県がんセンターとの連携 (2017年1月)
- 千葉県のゲノム医療実現に向けたネットワーク形成
- 千葉大学との連携研究室を研究所内に設置

2016年：人工知能ワトソンが患者ゲノム配列をもとにがん治療法助言

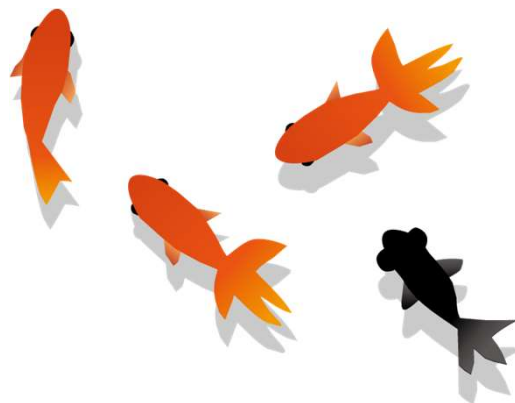
2018年：がん免疫療法開発でノーベル賞

難病の遺伝学的検査を開始 (2017年8月-)

- 衛生検査所として登録 (2017年7月)
- 難病の遺伝学的検査を開始 *検査は80種類を超える(R1.8)
- ライソゾーム病の検査開始
- 家族性がんの遺伝学的検査開始 *48遺伝子対象(R1.8)

2019年：がん遺伝子パネル検査保険適用

どんなゲノム こんなゲノム



金魚のゲノム解読

金魚すくいでおなじみのキンギョは、今から約2000年前の中国で野生のフナの中にいた赤色の個体がもとなっているのだそうです。日本には室町時代に伝わり、江戸から明治の頃には庶民の間にも愛玩動物として広まりました。

キンギョには眼球が飛び出たデメキン、尾びれの長いリュウキンなど、色や形態の異なる多くの品種があります。これらの違いをもたらす原因となる遺伝子を解析することは、ヒトを含む脊椎動物の体づくりのしくみの理解や、様々なキンギョ品種の維持管理、新しい品種の育成にもつながります。

今回、大阪大学の研究グループはキンギョ品種ワキン（和金）を用いてゲノム解読を行い、1400-1600万年前にフナの祖先種で、遺伝子の数が2倍になる全ゲノム重複が起こっていたことを示しました。重複した遺伝子の一部（12%）は進化の過程で失われたものの、残りの一部の遺伝子が別の機能をもつ遺伝子に変化することができたため、キンギョが多様な形態をもてるようになったと考えられています。

キンギョのゲノムの特徴

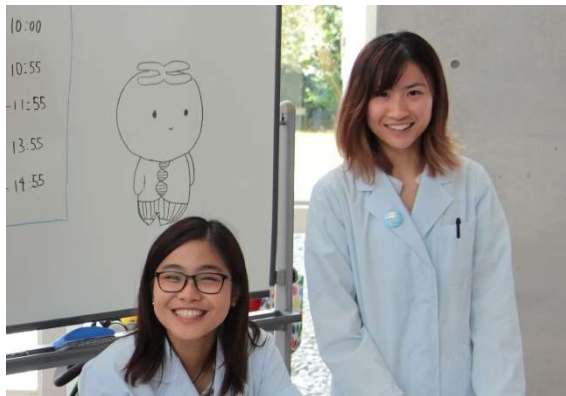
染色体数：2n = 100

ゲノムサイズ：約18億塩基対

遺伝子数：70,324個

2019年6月27日 Science Advances

2019年6月27日 大阪大学プレスリリース



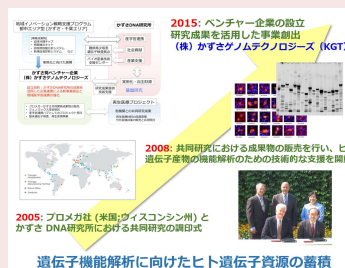
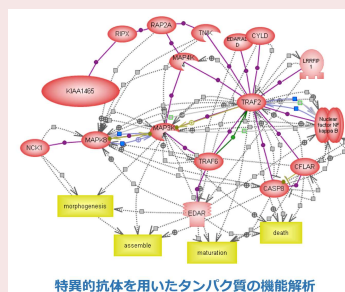
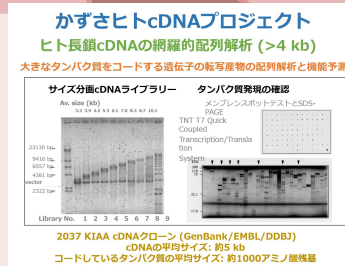
香港中文大学 大学生

Wai Sum CHU、朱蔚森さん (左)
Chee Men LEE、李沚汶さん (右)

昨年に続き、今年の夏も香港中文大学の3年生（ニックネーム：CharmaineとCheemen）が広報・研究推進グループにやってきました。一月半の短い期間でしたが、一般の方に科学をやさしく伝えるサイエンスコミュニケーションを体験しました。二人とも母国語の中国語に加え、英語、日本語が堪能なので、海外からの見学者にも積極的に対応していました。また、出前講座や科学イベントにも参加し、DNAの抽出実験などをサポートしてくれました。難しい内容を分かりやすく伝える方法を学ぶだけでなく、伝えることの喜びと一緒に感じてくれたのではないかと思います。

さらに、実習講座の新しい実験メニューをつくるための実験も進めてくれました。大学では習っていない実験や、DNA配列のコンピュータ解析など、初めて行う手法にも関わらず、すぐにやり方を覚えて無難に作業をこなしていました。

インターンシップで経験した様々な年齢層とのコミュニケーションが、彼らが進むそれぞれの道において、少しでも活かされることを願います。



開所当時、成長ホルモンやインシュリンなど遺伝子からつくられるタンパク質が治療薬として使われていたことから、ヒトの遺伝子ハンティングが国際的な競争となっていました。弊所でも解析の難しかった比較的長い遺伝子に注目して、これまで見つかっていなかった約2,000種類のヒト遺伝子を発見しました。ヒトの遺伝子が約20,000種類あるので、ヒト全遺伝子の10%に相当します。

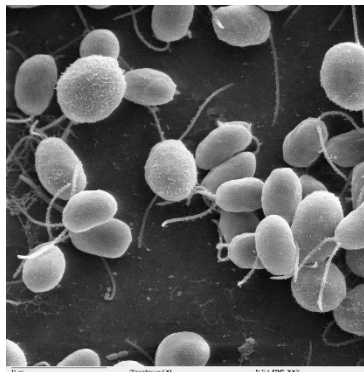
ヒト全遺伝子を単離して病気の解明や薬の開発研究に役立てようとする動きが世界的に起こりました。2005年には米国国立衛生研究所が主導でヒト遺伝子カタログ化の国際プロジェクトが始まり、日本からは理化学研究所と弊所が参加しています。このヒト遺伝子の構造解析の成果は、遺伝子に関する貴重な情報のほか、研究に必要な遺伝子資源を提供することを可能とし、世界の生命科学研究に貢献しています。

弊所で見いだされた遺伝子の多くはその機能が不明であったため、2001年から、ヒト遺伝子に類似するマウス遺伝子の単離を行い、モデル動物を用いた実験が可能になりました。同時にそのタンパク質に対する特異的抗体を作製し、個々のタンパク質が生体内のどこで働いているか、またどのようなタンパク質と共に働いているかなど、機能予測に重要な情報を蓄積することができました。

2005年、千葉県からの依頼で県の姉妹都市に当たる米国ウィスコンシン州に本社がある研究試薬メーカーとの共同研究が始まりました。弊所が発見したヒト遺伝子をもとに遺伝子機能解析ツールを整備し、2008年から世界販売を開始しました。2015年には、この事業を引き継ぐ研究所発ベンチャーの「KGT」が設立し、研究成果を活用した事業創出へ向けた活動が行われています。

弊所は2006年から、理化学研究所や厚生労働省研究班の臨床専門医の方々との共同研究で、原発性(先天性)免疫不全症候群の遺伝子解析に関する臨床研究を行いました。2009年からは、理化学研究所や千葉大学との共同研究で、免疫・アレルギー疾患克服に向けた研究を進め、関連医療産業への橋渡しを図りながら、産学官連携による実用化研究を行いました。

2017年7月には衛生検査所の登録を行い、これまで進めてきた難病の遺伝学的検査の臨床研究を実践することになりました。ちば県民保健予防財団、千葉大学病院、千葉県こども病院をはじめとした医療関係機関との連携により、県内における遺伝子診療を推進するためのネットワークを形成し、難病克服のための取り組みを進めています。



Chlamydomonas reinhardtii is a unicellular flagellate used as a model system in molecular genetics work and flagellar motility studies.

藻類のオイル生産を制御する遺伝子

東京工業大学/京都大学/東北大学/遺伝学研究所との共同研究

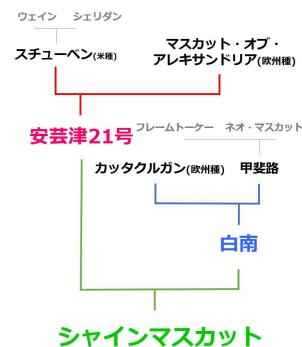
地球温暖化や石油などの化石燃料の枯渇が心配される中、バイオマス（再生可能な、生物由来の有機性資源で化石資源を除いたもの）燃料の導入が進んでいます。中でも、単位面積当たりの脂質生産が高く、トウモロコシなどの食用作物と競合しない藻類に注目が集まっています。

一般的に藻類は、植物の肥料となるリンや窒素が欠乏すると細胞増殖や光合成を止めて、細胞内に燃料の成分となる脂質を蓄積する性質をもっています。研究グループは、藻類のモデル生物であるクラミドモナスを用いて、脂質生成のしくみを研究しています。今回、脂質の蓄積を制御する因子を探したところ、関連する遺伝子の発現を制御する *LRL1* 遺伝子を見いだしました。

そこで、*LRL1* 遺伝子の発現を抑える変異体を作製し、変異のないものと比較したところ、変異体では、リンが欠乏したときにみられる脂質の蓄積がみられないことが分かりました。さらなる解析から、*LRL1* 遺伝子はリンや窒素がしばらく欠乏した時にみられる脂質の蓄積や細胞増殖を抑制するための重要な因子であることを明らかにしました。

今後、このしくみを上手く制御して、光合成を続けながらも脂質をつくらせることができれば、脂質の大量生産につながると期待されています。

2019年7月27日 *The Plant Journal*



シャインマスカットのゲノム解読

農研機構との共同研究

シャインマスカットは、農研機構が約30年かけて交配育種し、2006年に品種登録した生食用のブドウです。種無しで果皮ごと食べられること、また日持ち性に優れていること、栽培が容易であることなどから消費者や生産者のニーズと一致しており、生産量も毎年増加しています。

古来より世界で主に栽培されているのは、欧州系ブドウです。一方のアメリカブドウは、アメリカ原生種からの選抜や欧州系ブドウとの交雑により、ここ200年ぐらいで作出されました。シャインマスカットは、アメリカブドウ系の「安芸津21号」に大粒の欧州系ブドウ「白南」を交配してできたもので、安芸津21号の耐病性や肉質の良さと、白南の良食味を合わせもっています。

今回、シャインマスカットのゲノムを解析して、欧州系ワインブドウ「ピノ・ノアール」に由来する系統のゲノムデータ（2007年解読）との比較を行いました。また、シャインマスカットの兄弟株のゲノムを解析し、両親のゲノムがどのように混じって子世代に伝わっているのかを解析しました。

これらの情報は、シャインマスカットに匹敵する優良品種の育成に活かされています。

シャインマスカットのゲノムの特徴

染色体数： $2n = 38$

ゲノムサイズ：約4.9億塩基対（解読部分）

遺伝子数：解析中

2019年8月19日 *BioRxiv*