



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81号
発行日 令和4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/newsletter/>
[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： メンデル生誕200年

研究紹介

5分で5,000種類以上のタンパク質を解析
植物のゲノムデータ解析の効率化を目指す
脂質代謝をコントロールしてウイルスと戦う！
アジアの伝統野菜「ヒユナ」の
遺伝的多様性を解明
消化酵素を止める腸内細菌が健康を守る

P02. 活動報告

夢チャレンジ体験スクール
かずさの森のDNAキャンプ

P13. おもしろライフサイエンス

腸に細菌が共生できるわけ

P14. どんなゲノム こんなゲノム

他人の空似のゲノム比較

P15. 遺伝子ってなんだろう？

ミルク飲用の歴史

81

2022 Oct

NL81-A



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

❖DNA出前講座

7月21日(木)：千葉県立東葛飾高等学校
 7月23日(土)：市原市八幡公民館 夏休みこども教室
 8月27日(土)：現代産業科学館
 サイエンスショー・実験工作教室
 9月1日(木)/6日(火)/8日(木)：千葉県立木更津高等学校
 分子生物学実験講座Ⅰ
 9月22日(木)：市原市八幡公民館 暮らしの便利帳
 9月26日(月)：君津市立周南中学校
 10月8日(土)：千葉市科学フェスタ@きぼーる
 10月9日(日)：木更津市鎌足公民館 かまフェス2022
 @アカデミアホール

❖リモート実験（オンライン）

8月4日(木)：成東中央公民館
 8月16日(火)：東京都立上野高等学校(講義のみ)
 8月18日(木)/19日(金)：かずさの森のDNAキャンプ
 8月23日(火)/24日(水)：岡山県立玉島高等学校
 9月5日(月)/7日(水)：神奈川県立鎌倉高等学校
 9月16日(金)：熊本県立宇土中学校・高等学校
 9月17日(土)/18日(日)：山梨県立甲府南高等学校
 9月30日(金)：秋田県立横手高等学校
 10月7日(金)：栃木県宇都宮高等学校
 10月14日(金)：千葉県立千城台高等学校(講義のみ)

❖所内実習

7月26日(火)/27日(水)：夢チャレンジ体験スクール
 (小学生親子) 県教委主催
 7月29日(金)：夢チャレンジ体験スクール
 (中高生) 県教委主催
 8月2日(火)：生物先端技術研修会(県内教員対象)
 県総セ共催
 8月3日(水)：東海大学付属浦安高等学校・中部部
 サイエンスクラス講座
 8月31日(水)：志学館中部部 ステップアップセミナー
 9月9日(金)：千葉県立匝瑳高等学校 校外研修
 10月3日(月)：千葉県立佐原高等学校 校外研修
 10月12日(水)：島根県立益田高等学校 校外研修

❖実験教材貸出

千葉市立大宮中学校7月/東京都立上野高等学校8月/
 昭和鉄道高等学校8月/千葉英和高等学校9月/
 佐倉市立佐倉中学校9月/福岡県立修猷館高等学校9月/
 千葉県立千城台高等学校10月

❖パネル展示

8月6日(土)~21日(日)：現代産業科学館
 これでわかった！未来の技術 2022



夢チャレンジ体験スクール

夏休みに夢チャレンジ体験スクールが開催されました。このイベントは千葉県教育庁が主催し、県内の企業・大学や研究機関と連携を図り、県内の児童生徒を対象に先端的な科学・技術体験や就業体験を通して、将来の職業に対する夢を育もうとするものです。

7月26日(火)と27日(水)の科学・先端技術体験スクールには、抽選で選ばれたのべ52組104名の小学生親子が参加しました。「やさしいDNAのお話し」を聴き、身近な食べ物からDNAを取り出す実験をしました。そして、研究者が実際に実験で使っているマイクロピペットの操作体験やバーチャルでの研究所見学、DNA型キーホルダーの作製とDNA研究所を1日楽しんでいただきました。

7月29日(金)の中高生対象の科学・先端技術体験スクールには、抽選で選ばれた県内の中高生10名が「謎のお肉のDNA鑑定」に挑みました。各自に配られたわずかな肉片からDNAを取り出し、PCR法やアガロースゲル電気泳動などの分子生物学的な手法により食肉のDNA鑑定を行いました。

初めに「DNA研究とバイオテクノロジー」に関する講義を聴いて興味が一段と増したあと、学校で習ってきたDNAに関する知識や実験手技を総動員してDNA実験に臨みました。結果は上々で、みなさんDNA鑑定に成功しました。

「新型コロナ」によりPCR法も言葉としては身近なものとなりましたが、その原理や操作を学び、実際に体験してみなければ「わかった」という気にはなれません。参加したみなさんには貴重な体験となったことでしょう。



かずさの森のDNAキャンプ

高校生を対象としたハイレベルの実験体験合宿「かずさの森のDNAキャンプ」は、新型コロナ第7波に見舞われ、苦渋の判断で今年もリモート開催といたしました。「DNAから環境を知ろう」というテーマで、身の周りの微生物をDNAで検出・同定するという実験を企画しました。

全国から9名（北海道2名、山形県1名、千葉県1名、愛知県2名、京都府1名、兵庫県1名、福岡県1名）の参加者に思い思いの場所をこすった綿棒を郵送してもらいました。綿棒に付着した微生物の塩基配列の解析は当所のスタッフが行いました。塩基配列データ・解析ソフトをインストールしたパソコンと、実験を疑似体験できる機材を事前送付し、8月18,19日(木,金)にZoomによる講習を行いました。Zoomを通じてではありますが、同じ志を持つ高校生どうしが議論しながらテーマに取り組み、交流できたことも参加者の財産になったと思います。

本イベントには多くの応募者があり、参加できるのがたった9名だけというのは忍びないという思いから、スマートフォンでもできるDNA解析に絞って追加のリモート講習を、キャンプに参加できなかった応募者に呼びかけました。11名から参加希望があり、テキストは希望者全員にお送りしました。10月1日(土)のZoom講習は都合のついた5人の参加でしたが、ここでも研究者のようにデータベース解析を駆使して、広大な微生物の世界を感じてもらうことができました。



特集：メンデル生誕200年



メンデルの法則で有名なグレゴール・ヨハン・メンデルは、1822年に生まれたんだなあ～

修道士なんだって～



遺伝の法則の発見



メンデルはエンドウマメの交配実験を1853年から1868年頃に行ったとされているのじゃが、その頃にはまだ、遺伝を司る物質が何かというのはわかっていなかったんじゃ。とはいえ、同時代の日本（江戸時代）でアサガオやキクなどの園芸ブームがあったことからわかるように、この頃には人為的な交配による新品種の作出や改良が行われていたんじゃよ。メンデルも実験で使ったエンドウマメ品種の種子を園芸店から購入しているんじゃ。メンデルが鋭かったのは、種子を試験栽培して、品種の形質が安定している系統、つまり今の言葉でいう「純系」を交配実験に使ったことなんじゃ。



メンデルはなぜエンドウマメを選んだんだろうね？

形質が明瞭なこと、交配実験に適した花の構造、自家受粉する性質から。材料選びは重要よ！



対立形質



メンデルが選んだ、花の色が白か赤か、種子の表面にシワがあるかないか、などの7つの形質（表現型）も結果をわかりやすくしたのかもしれないわね。もし、選んだ形質（をもたらす遺伝子）が同じ染色体上で近くに存在していたら、「独立の法則」が成り立たなくて計算に困ったかもしれないもの。ひょっとすると彼の中ではある程度、結果の予測があって、不要な部分は省いた可能性もあるわ。

エンドウマメのゲノムと

メンデルの遺伝子の発見



かずさDNA研究所ではマメ科作物のゲノム解読をたくさんやっているんだな。最初は、ミヤコグサ。2008年にマメ科植物として最初に発表されたんだ。そのあと、ダイズやラッカセイ、ソラマメなどのゲノムも解読したよ。メンデルの使ったエンドウマメのゲノムも、メンデルのエンドウの研究で有名な英国のジョン・イネス・センターから種子を譲り受けて解読して、2021年に発表したんだ。約45億塩基対とヒト（約30億）よりも大きくて、研究は大変だったみたい。

今回貰った種子は、さやの色が緑色と黄色の系統の2種類だったんだって。あれ、メンデルはさやの色も調べてたよね。だから緑色と黄色の系統のゲノムのDNA配列を比べてみたら、3'エキソリボヌクレアーゼという遺伝子に変異が見つかったんだって。今は、この遺伝子が本当にメンデルの遺伝子かどうか鋭意解析中！とのこと。結果を知るのが楽しみだな。

写真：さやの色が黄色（左）と緑色（右）の例（実験に用いた系統は、花の色に対しても白と赤の対立形質をもつ）



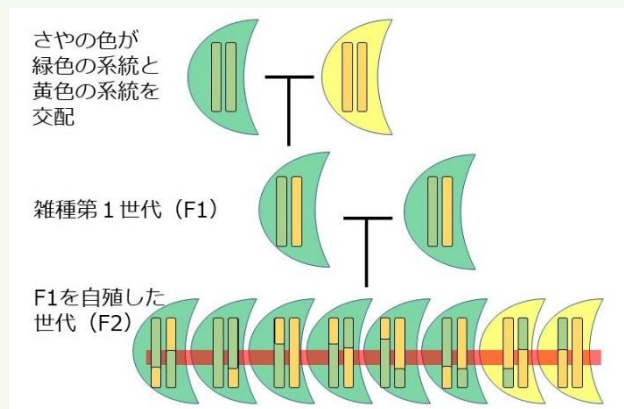
形質に関わる遺伝子は
どうやって探すの？



形質に関わる遺伝子を同定する



遺伝子を同定するには、染色体のどこにその形質が載っているかの情報が重要なんじゃ。さやの色の形質も遺伝解析によって、エンドウマメの7本の染色体のうち、3番染色体上のある領域にあることがわかったんじゃ。遺伝解析はどのようにするのかって？高校生物の教科書には、トーマス・ハント・モーガンがショウジョウバエを用いて作成した染色体地図（連鎖地図）が載っているね。それと同じことをするんじゃ。具体的には、さやが緑色の系統と黄色の系統を掛け合わせて、孫世代（F2）の個体群を調べるんだが、ゲノム時代にはDNA多型という便利な道具があるんじゃよ。



図：さやの色に関わる遺伝子の同定方法

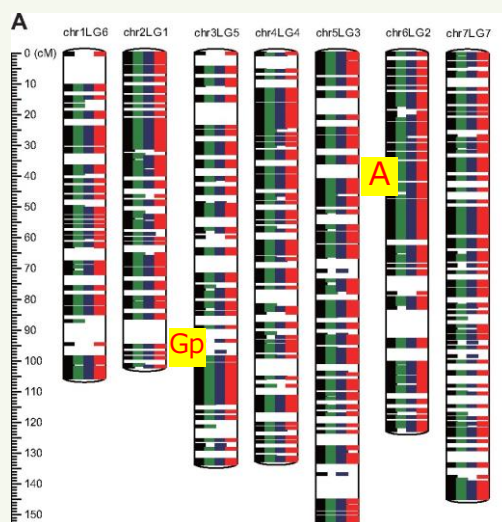
さやの色が緑色の系統と黄色の系統を交配させると、雑種第1世代（F1）は、顕性の法則により、さやの色は全て緑色になる。F1どうしを掛け合わせたF2世代は、緑色：黄色が3：1の割合でできる。この世代の個体を多数解析し、緑色の個体が共通してもち、黄色の個体がもたない領域（赤で囲った部分）に原因遺伝子を特定する。

DNA多型とは



ゲノムのDNA配列（A/T/G/Cの4種類の塩基の並び）は同じ植物種ではほぼ同じだけど、品種間などでは違っている部分があるの。その違いは「多型」と呼ばれていて、いくつかの種類があるのだけれど、よく使われるのが「一塩基多型（SNP：スニップ）」なの。ひとつの塩基が別の塩基に置き換わっていることなんだけど、もし遺伝子領域に一塩基多型があったら、遺伝子の機能が変わったり、失われたりすることもあるのよ。

一塩基多型の遺伝もメンデルの法則に従うから、形質（今回の場合、さやの色）に連鎖して動く一塩基多型の位置がわかれば、遺伝子のおおよその場所がわかるのよね。形質に連鎖している多型は「DNAマーカー」として、品種改良の現場で利用されているのよ。



図：エンドウマメの遺伝連鎖地図（白澤ら、G3, 2021）

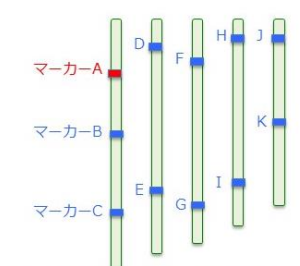
左の目盛りの単位はセンチモルガン（cM）、chr=chromosome=染色体、LG=linkage group=連鎖群の意。花の色の遺伝子座をA、さやの色の遺伝子座をGpとして示す。

ゲノム解析とメンデル

遺伝的要因で決定される表現型には、質的形質と量的形質があります。質的形質は1つまたは2つの遺伝子で決まる形質で、量的形質は複数の遺伝子の効果の総和によって支配される形質です。

量的形質は、収量や品質など、今後予想される環境変化に耐える品種を作出するのにも重要な育種のターゲットとなっています。量的形質に関わる複数の遺伝子のひとつひとつも、メンデルの法則に従って遺伝するため、ゲノム全体にわたる多型のパターンを調べることができれば、形質を予測できるようになります。ヒトでは数百万のDNA多型を一度に調べる方法が確立していますが、同じ方法を栽培作物のそれぞれに導入するにはコストがかかります。そこで、次世代シーケンサーを使って、ゲノム全体に広がる数千のSNPを一度に調べる方法（ddRAD-seq法：下図右側）が開発されています。

従来法（SSRマーカー解析）



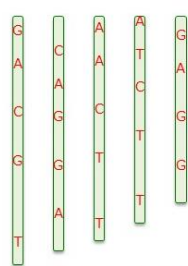
マーカー-A：特定の形質と関連づけられているマーカー
マーカー-B-K：既存の品種のゲノム配列と関連づけられているマーカー

それぞれのマーカーに対して、それぞれ判別実験を行う（上図の場合、11回）

長所：既存のマーカーを使う限りにおいては、高価な装置は必要ない

短所：マーカーそれぞれに対して判別実験を行うため時間と手間がかかり、多数のマーカーを調べるのは困難。

ddRAD-seq解析



赤字：一塩基多型（SNPs）。実際には数千のSNPsを調べる

一度の解析で、ゲノム全体に広がる数千のSNPsのパターンを調べる

長所：安く（1サンプル当たり数千円）、早く（100～200検体を5日）で調べることができる

短所：次世代シーケンサーやDNAチップなど高価な装置が必要（集約化されれば、短所ではなくなる可能性も）

ゲノム全体にわたるDNAマーカーの配列から、統計的手法により個体の表現型や遺伝的能力を予測して選抜する方法は「ゲノム育種」といい、育種選抜の過程を大幅に短縮できるとして期待されています。解析には、その作物の染色体の端から端まで（染色体の末端を「テロメア」といい、テロメアtoテロメア、略して“T2T”と呼ばれています）解析した「染色体レベル」のゲノムデータが必須です。そのため、かずさDNA研究所では、多くの栽培作物で高精度にゲノム情報を解析し、データベースで公開しています。



5分で5,000種類以上のタンパク質を解析

お茶の水女子大学との共同研究

解析技術の飛躍的な進歩により、DNAに加えて、RNA、タンパク質や脂質など様々な生体分子を大規模に解析することができるようになってきました。当所では、特にプロテオーム解析（生体内タンパク質の大規模解析）を臨床に役立てるための技術開発を進めています。

従来の液体クロマトグラフィーと質量分析計を用いたプロテオーム解析法では、高精度な結果を出すために、長い時間をかけて測定する必要がありました（数十分～数時間）。しかし、臨床検査やバイオマーカー探索では数多くの検体を分析する必要があり、従来法に劣らない精度を保ちながら測定時間を短縮することが求められていました。

本研究では、高流速の液体クロマトグラフィーに最適な分析法の条件を検討し、ヒトの培養細胞から5,000種類以上のタンパク質を測定時間たった5分で同定することに成功しました。

また、カラムの平衡化や洗浄などの事前準備を含めて、1日あたり約80サンプルの連続測定が可能となり、この解析法の有効性が実証されました。

本手法はプロテオーム解析の限界と考えられていた処理能力を劇的に改善し、研究分野だけでなく創薬・ゲノム医療の臨床応用に向けた画期的な技術基盤になることが期待されます。

2022年8月1日 *Journal of Proteome Research*



植物のゲノムデータ解析の効率化を目指す

かずさDNA研究所では、シロイヌナズナに始まり、トマトやイチゴなど、さまざまな植物のゲノムを解析してきました。また、品種改良に活かすことができるDNAマーカーの解析もあわせておこない、これらの情報を「Plant GARDEN」で世界に向けて公開しています。Plant GARDENには、国内外で解析された様々な植物種のゲノム情報も登録されており、植物ゲノム研究のポータルサイトの役割を果たしています。

Plant GARDENは、当所で開発した解析ツールも提供しています。現在開発中の「Mi-GARDEN」は登録されているデータと自分のデータを比較解析するためのツールです。Mi-GARDENは個人のPCにダウンロードして利用することができますが、PC環境によってうまく動かないという問題がありました。

そこで、アンブラット社が提供する研究者向けのプラットフォーム運営サービス「ANCAT MarketPlace」を利用して、Mi-GARDENのクラウド版「GARDEN Cloud」を立ち上げました。有料の解析サービスとなりますが、これまで個人のパソコンでは難しかった解析がクラウド上で行えるようになります。

今回のコラボレーションにより、ゲノム情報を利用した研究が加速することが期待されます。

Plant GARDEN : <https://plantgarden.jp>

GARDEN Cloud : <https://www.ancatbeta.anplat.co.jp>

ANCAT Market Place : <https://ancatmp.com>

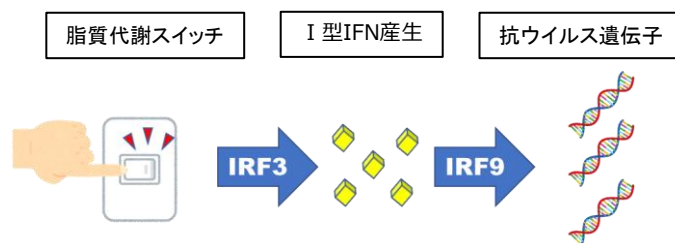


脂質代謝をコントロールしてウイルスと戦う！

千葉大学大学院との共同研究

生体はウイルスに感染すると、様々な免疫細胞を活性化してウイルスを排除しようとします。当研究所では、脂質代謝をコントロールすることで免疫の司令塔であるT細胞からI型インターフェロン（I型IFN）を誘導する「脂質代謝スイッチ」が備わっていることを明らかにしています。

本研究では、そのメカニズムを明らかにするために遺伝子の網羅的な解析を行いました。その結果、「脂質代謝スイッチ」による抗ウイルス応答の誘導には、特定のDNA領域に結合して遺伝子の働きを調節する「IRFファミリー転写因子」による協調的な転写制御が重要であることを発見しました。



「脂質代謝スイッチ」を標的とするウイルス制御法の優れた点の一つとして、コロナウイルスやアデノウイルスなど、幅広い種類のウイルスに対応する免疫細胞を誘導することができます。今後、「脂質代謝スイッチ」の全容を明らかにすることで、新しいウイルス感染症の蔓延時にも即座に対応することができる抗ウイルス薬の開発に繋げることを目指しています。

2022年8月18日 *Frontiers in Immunology*



アジアの伝統野菜「ヒユナ」の遺伝的多様性を解明

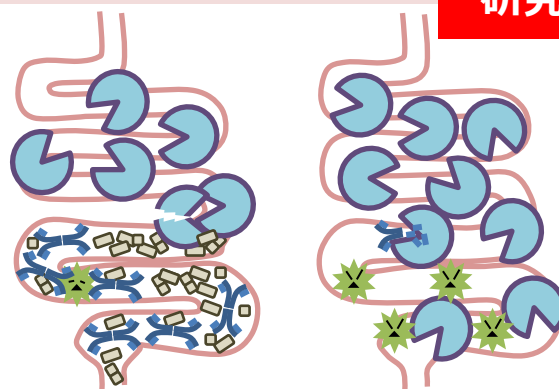
国際農研・筑波大学・世界蔬菜センターとの共同研究

ベトナムやインドネシアなどの開発途上地域で栽培されている葉物野菜「ヒユナ」は、スーパーフードとして世界保健機関（WHO）から認定されているアマランサス（ヒユ科ヒユ属の植物）の一種です。アマランサス種は、病害・高温・干ばつ・塩害などの環境ストレスに強く、タンパク質・ビタミン・ミネラル・食物繊維を大量に含んでいます。葉物野菜の他、食用穀物や飼料作物、観賞用植物として栽培されています。日本では、ハゲイトウと呼ばれ観賞用として親しまれていますが、変種のヒユナは古くから食用としても栽培されています。

「ヒユナ」は、その優れた栄養価にもかかわらず、先進国での需要の低さから育種研究が遅れていました。そこで本研究では、遺伝資源保護と育種利用を目指して465系統の「ヒユナ」のゲノムを解析し、5,638個の一塩基多型マーカーを同定しました。さらにこの結果をもとに、105種類の代表的な品種・系統のセットであるコアコレクションを作成しました。このコアコレクションは世界蔬菜センター（台湾）で保存・配付され、ヒユナの研究開発や育種のために利用されます。

今回得られた遺伝情報から、より栄養価が高く食味の良い新品種が育成され、開発途上国の健康増進や所得向上に貢献することが期待されます。

2022年9月9日 *Scientia Horticulturae*



消化酵素を止める腸内細菌が健康を守る

理化学研究所・慶應義塾大学との共同研究

小腸では、タンパク質、脂肪、糖質などを分解する種々の消化酵素が働いて栄養が吸収されています。一方、大腸では数百種以上の腸内細菌が棲息していますが、それらの役割には分からないことが多くあります。今回、小腸のタンパク質分解酵素の働きを大腸で止める、ヒトの腸内細菌を同定し、その健康維持機能を明らかにしました。

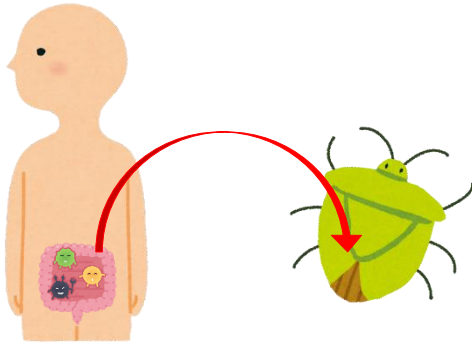
マウス消化管のプロテオーム解析（タンパク質の網羅的解析）で、腸内細菌の有無による違いを調べたところ、通常はタンパク質分解酵素であるトリプシンが盲腸より下流で消失するのですが、無菌マウスでは盲腸、大腸、便まで存在することが分かりました。

トリプシン消失に関する菌は、医療への応用を念頭にヒト腸内細菌を定着させたマウスから探しました。*Paraprevotella clara* (*P. clara*) という菌が特定され、この菌は細胞表面にトリプシンを結合させてトリプシンの自己消化を促すことが分かりました。

このことの健康上の意義を検証するため、細胞表面のトリプシン結合タンパク質の遺伝子を欠損させた*P. clara*を持つマウスと野生型の*P. clara*を持つものを比較しました。前者は大腸内にトリプシンが残ると同時に、腸内の病原体への抵抗力に寄与するIgA抗体がトリプシンで分解されていることが分かりました。またその結果、病原菌やウイルスへの抵抗力が低下していました。

さらにこの菌を持つ人に新型コロナウイルス感染で軽症の傾向が見られ、*P. clara*は健康を守る腸内細菌として今後注目されることでしょう。

2022年9月7日 *Nature*



腸に細菌が共生できるわけ

腸内細菌は健康と深い関係があることが知られるようになりましたが、腸内細菌と宿主の共生関係がどのように成立したのかは謎です。共生には多くの進化的イベントと長い時間が必要だったのではないかと想像されます。

ところが、その共生進化は意外とシンプルで、時間もそれほどかからないかもしれないという論文が産業総合研究所を中心としたグループから発表されました。チャバネアオカメムシの腸内には *Pantoea* 属の細菌が共生しており、この菌がいないとカメムシは生きられません。そこでこの菌の代わりにヒトなどの腸内細菌である大腸菌を共生細菌に進化させる実験が試されました。腸内細菌をすべて取り除いたカメムシを宿主として、DNA修復ができず変異率が100倍になった大腸菌を与えました。最初は大部分が幼虫で死に、羽化できるのは5~10%でしたが、数世代経て正常に成長できるようになったカメムシが現れました。その腸内から取り出した大腸菌には、栄養源の変化に応じて多くの遺伝子の発現を調節する遺伝子に変異が起きていました。また、その変異だけをもった大腸菌を無菌カメムシに与えても正常に育ちました。たったひとつの変異だけで大腸菌はカメムシの必須共生細菌に進化できたのです。

腸内細菌の共生メカニズムの研究がこのようなシンプルな実験系で進められ、いずれ私たちの健康維持に応用されると期待されます。

2022年8月4日 *Nature Microbiology*



他人の空似のゲノム比較

ゲノム情報をもとに、ヒトの顔かたちを予測する「ゲノム・モンタージュ」技術の開発が進められています。もし本当にそのようなことができるのであれば、逆に世の中に3人はいるとされる自分に似た人は、自分と似たゲノム配列を持っているのでしょうか。

スペインの研究グループは、世界中のそっくりさんの写真を収集しているカナダ人アーティストのコレクションから32組を選びました。そのうち、顔の類似性を判定する3種類のアルゴリズムで（他人でありながら）一卵性双生児に近いとされた16組について、一塩基多型（SNP）を比較しました。すると、うち9組は血縁関係はないものの、遺伝的にかなりよく似ていることがわかりました。そして、SNPが共通している遺伝子には、顔形成に関わるとされている遺伝子1,794種類が含まれていました。

遺伝子のオン/オフに関わるDNAのメチル化や腸内細菌の種類についての相関は見られなかったものの、似ていると判定された人どうしの年齢が近いこともわかりました。また、生活習慣に関するアンケート調査からは、顔が似ている人は身長や体重などの身体的特徴だけでなく、喫煙や教育などの行動も似ていることも明らかになりました。

類似度が白黒写真からの判定であること、人種に偏りがあることなど、不確定要素が多い研究結果ではありますが、自分に似た人のことを想像すると、ミステリアスな感じがしますね。

2022年8月23日 *Cell Reports*

遺伝子ってなんだろう？



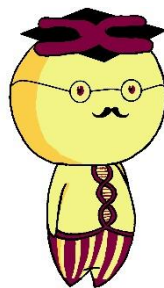
ミルク飲用の歴史

ヒトはなぜ大人になっても乳製品を摂取するのでしょうか。哺乳動物は一般的に、離乳するとミルクをうまく消化できないようになります。これは乳糖不耐症と言って、ミルクに含まれる乳糖を分解する酵素の遺伝子発現が低下していくからです。成長して他の食物から栄養が得られるようになると、酵素が不要になるからとされています。

不思議なことに、ヒトでは大人になってもこの遺伝子が発現する性質（ラクターゼ活性持続症/乳糖耐性）を獲得した人々がいます。そして、この性質を持った人々を中心に酪農の文化が広がった、とこれまで考えられていました。

今回、欧州の研究グループは、550ヶ所以上の遺跡から出土した土器片に残る動物性脂肪を分析し、ヤギや羊、牛のミルクを摂取する地域の分布を過去9000年にわたり詳細に調べました。また、同時代の1,786人のゲノム解析から、乳糖耐性の変異は6700-6600年前には稀で、3000年前頃になって広まり始めたことがわかりました。このことは、ほとんどの人々が乳糖不耐症であった頃からミルクが広く利用されていたこと、すなわち、乳糖耐性の変異とミルクの利用には相関がないことが明らかになったのです。この結果は、英国バイオバンクの50万人を対象とした乳糖耐性の変異と乳製品の好みに関する調査結果からも裏付けられています。ではなぜ乳糖耐性の変異が世界人口の1/3にまで広まったのか。研究グループでは、飢餓や病原体の流行が原因とみていますが…。

2022年7月27日 Nature



挑戦！あなたもゲノム博士

このコーナーではゲノムに関するクイズを出題します。答えはかずさDNA研究所のHPに掲載。(https://www.kazusa.or.jp/newsletter/)

問題 1

2018年に始まった「地球バイオゲノム計画」は、地球上に棲息する全ての真核生物種の代表ゲノム情報を10年間で明らかにしようとするものです。目標とする数はどのくらいでしょうか？

地球 バイオゲノム プロジェクト
すべての真核生物種のゲノム配列の解読を目指す！



A: 15万種 B: 30万種 C: 150万種 D: 300万種

問題 2

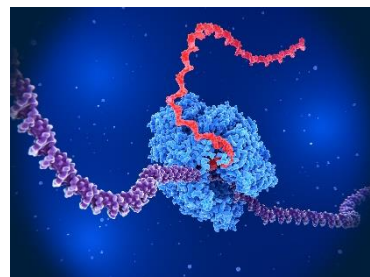
オバマ元大統領は2015年の一般教書演説で、多くのアメリカ人のゲノムを解読し、電子カルテなどの情報とともに「精密医療」を目指すことを発表しました。目標とする人数はどのくらいでしょうか？



A: 1万人 B: 10万人 C: 100万人 D: 1000万人

問題 3

ゲノム上の遺伝子からタンパク質をつくるために、遺伝子部分からメッセンジャーRNAをつくります。この現象を何というのでしょうか？



A: 転写 B: 翻訳 C: 複製 D: 逆転写

みんなでカタバミプロジェクト with かずさがはじまりました

問題4

大腸菌は栄養源のブドウ糖がない環境では乳糖を利用できます。乳糖を代謝するために必要な3つの遺伝子は1つのメッセンジャーRNAとして転写されますが、同じ制御下にある遺伝子セットからなるDNAの単位を何というのでしょうか？

同じ目的を果たすための複数の遺伝子の発現を一括して行う発現制御機構の概念を提唱

偶然と必然



フランソワ・ジャコブ



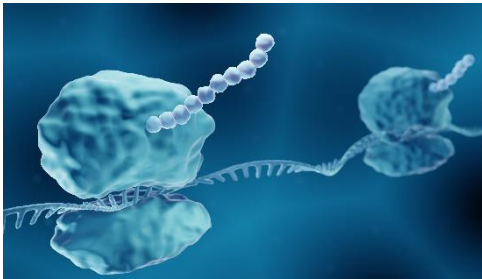
ジャック・モノー

A: オペロン
C: エプロン

B: ナイロン
D: オミクロン

問題5

DNAの遺伝子領域から転写されたメッセンジャーRNAを鋳型にして、リボソームがタンパク質を合成します。この現象を何というのでしょうか？



A: 転写 B: 翻訳 C: 複製 D: 逆転写

問題6

メッセンジャーRNAの情報からタンパク質を合成するときには、遺伝暗号表に従って3つの塩基配列（コドン）に対応するアミノ酸をつなぎます。UAA、UAG、UGAなど対応するアミノ酸がないコドンを何というのでしょうか？

遺伝暗号表

		二文字目												
		U			C			A			G			
遺伝子 コード	U	UUU	F	フェニルアラニン	UCU	S	セリン	UAU	Y	チロシン	UGU	C	システイン	U
		UUC	F	フェニルアラニン	UCC	S	セリン	UAC	Y	チロシン	UGC	C	システイン	C
		UUA	L	ロイシン	UCA	S	セリン	UAA	—	終止コドン	UGA	—	終止コドン	A
		UUG	L	ロイシン	UCG	S	セリン	UAG	—	終止コドン	UGG	W	トリプトファン	G
	C	CUU	L	ロイシン	CCU	P	プロリン	CAU	H	ヒスチジン	CGU	R	アルギニン	U
		CUC	L	ロイシン	CCU	P	プロリン	CAC	H	ヒスチジン	CGC	R	アルギニン	C
		CUA	L	ロイシン	CCA	P	プロリン	CAA	Q	グルタミン	CGA	R	アルギニン	A
		CUG	L	ロイシン	CCG	P	プロリン	CAG	Q	グルタミン	CGG	R	アルギニン	G
	A	AUU	I	イソロイシン	ACU	T	トレオニン	AUU	N	アスパラギン	AGU	S	セリン	U
		AUC	I	イソロイシン	ACC	T	トレオニン	AAC	N	アスパラギン	AGC	S	セリン	C
		AUA	I	イソロイシン	AUA	T	トレオニン	AUA	K	リジン	AGA	R	アルギニン	A
		AUG	M	メチオニン	ACG	T	トレオニン	AAG	K	リジン	AGG	R	アルギニン	G
	G	GUU	V	バリン	GUU	A	アラニン	GAU	D	アスパラギン酸	GGU	G	グリシン	U
		GUC	V	バリン	GUC	A	アラニン	GAC	D	アスパラギン酸	GGC	G	グリシン	C
		GUA	V	バリン	GUA	A	アラニン	GAA	E	グルタミン酸	GGA	G	グリシン	A
		GUG	V	バリン	GUG	A	アラニン	GAG	E	グルタミン酸	GGG	G	グリシン	G

A: 開始コドン
C: アンチコドン

B: 終止コドン
D: 中止コドン



カタバミという植物を知っていますか？ハート型の3枚の葉が特徴で、繁殖力が強いことから、雑草としていたるところで見つかります。道端に生えているカタバミを観察すると、農地では緑、都市部では赤いカタバミが多く見られるようです。赤いカタバミは都市進化が原因のひとつと考えられていますが、詳細はわかっていません。その謎をオープンサイエンスで明らかにしようとする試みがこのプロジェクトです。道端でみつけたカタバミをスマートフォンで撮影してアプリで投稿したり、研究者との議論の場に参加することもできます。

現在、カタバミの採集に協力していただける方を募集しています。詳しくはこちらから → <https://sites.google.com/kazusa.or.jp/oxalis>



表紙の写真

チェコ共和国のブルノには、メンデルがエンドウマメの研究を行った修道院が現存しています。修道院の一角は、メンデル記念館・博物館となっています。メンデルの銅像の写真は、DNA入門@かずさDNA研究所にも掲載されています。表紙の写真はAdobe Stockから。

