

かずさDNA研究所



かずさDNA研究所ニュースレター 第82号
発行日 令和5年1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。]

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

NL82-B

特集： ヒトの人工染色体

研究紹介

膨大な未知化合物に挑む
針葉樹の巨大ゲノムを解読
甘草（カンゾウ）のゲノム解読
栽培計測プラットフォームの構築
ベニクラゲのゲノム解読
トルコギキョウのゲノム解読

P02. 活動報告

開所記念講演会を開催
さくらサイエンスプログラム
プロテオミクストレーニングコース

P14. おもしろライフサイエンス

最小の動く生命体を創る
ニホンヤモリは外来種?!

82

2023 JAN



イベント等の報告

❖DNA出前講座

- 10月11日(火)：東海大学付属浦安高等学校・中等部
サイエンスクラス
10月25日(火)：千葉県立柏高等学校
10月29日(土)：東海大学付属浦安高等学校・中等部
土曜講座
11月3日(祝・木)：千葉市未来の科学者育成プログラム
11月4日(金)：千葉市立松ケ丘中学校
11月7日(月)、8日(火)：千葉県立天羽高等学校
11月17日(木)：千葉県立検見川高等学校
11月24日(木)、12月19日(月)：麗澤高等学校
12月8日(木)：千葉県立君津青葉高等学校
12月17日(土)：千葉県立長生高等学校
ハイレベルサイエンス講座
12月23日(金)：千葉県立木更津高等学校
バイオインフォマティクス実習

❖リモート実験（オンライン）

- 10月21日(金)：神奈川県立新城高等学校(講義)
10月28日(金)：鳥取県立鳥取東高等学校
11月9日(水)、16日(水)：千葉県立鎌ケ谷高等学校
11月11日(金)：神奈川県立希望ヶ丘高等学校
11月16日(水)、22日(火)：千葉県立農業大学校(講義)
12月3日(土)：大分県立大分舞鶴高等学校
12月9日(金)：東海大学付属浦安高等学校・中等部
サイエンスクラス
12月10日(土)：神奈川県立平塚江南高等学校(講義)
12月22日(木)：神戸海星女子学院中学校・高等学校
(教員研修)
12月23日(金)：神戸海星女子学院中学校・高等学校
(講義)

❖所内実習

- 11月21日(月)：東海大学付属市原望洋高等学校
11月30日(水)、12月7日(水)：千葉県立長生高等学校
12月15日(木)：神奈川県立平塚江南高等学校
12月26日(月)：千葉県野生生物研究会

❖実験教材貸出

- 神奈川県立新城高等学校10月/千葉県立船橋古和釜高等学校11月/千葉県立農業大学校11月/大阪府立三国丘高等学校11月/石川県立七尾高等学校11月/神戸海星女子学院中学校・高等学校12月

❖研究所見学（学校関係のみ）

- 10月17日(月)：さくらサイエンスハイスクール
プログラム（カンボジア・フィリピン・ブータン）
10月31日(月)：館山市立西岬・豊房・神余小学校
11月10日(木)：八千代松陰中学校宿泊研修
11月18日(金)：南房総市立富浦小学校
12月13日(火)：沖縄県立八重山農林高等学校
12月16日(金)：千葉大学大学院生 システム生物学講座

❖その他のイベント

- 11月5日(土)：千葉市科学館 大人が楽しむ科学教室
中村 保一氏
11月12日(土)：千葉市科学館 大人が楽しむ科学教室
太田 啓之氏

表紙の写真

ヒト人工染色体の顕微鏡写真。DNAを青で、ヒト人工染色体に特異的なDNA配列を赤で、セントロメアのタンパク質を緑で蛍光染色してある。ヒト細胞が元々もつ染色体とともに赤く染めたヒト人工染色体が観察できる。

訃報



かずさDNA研究所初代所長の高浪満（たかなみ みつる）
京都大学名誉教授は 令和4年9月25日(日)に逝去されました（享年93歳）

高浪博士は 当研究所の設立に大きな役割を果たすとともに 1994年の初代所長就任の後には 藍藻の全ゲノム解読やヒトのcDNA大規模解析など研究所の初期のプロジェクトを先導し 多大な功績を残されました
ここに謹んで哀悼の意を表し 皆様にお知らせいたします

かずさの森のDNA教室 参加者募集

お酒に強い・弱い? 自分の遺伝子を調べてみよう!

自分の口腔粘膜細胞を採取し、細胞からDNAを取り出します。そのDNAを材料にアルコール分解に関わる酵素（2型アルデヒド脱水素酵素：ALDH2）をPCRで増幅して遺伝子型を解析します。

- 日時 3月27日(月)、28日(火) 10:00~15:45
場所 かずさDNA研究所 講習実験室
内容 アルコール分解に関わる酵素の
遺伝子型解析体験
対象 県内に在住または在学の中・高生
(新高卒生可)
定員 各日 16名(申込多数抽選)
参加費 無料
持ち物 昼食・飲み物・筆記用具
申込期限 3月16日(木)
申込方法 HPのフォームまたは申込書をFAX

詳しくはこちらから →

<https://www.kazusa.or.jp/news/lc20230327/>



開所記念講演会を開催

問題4

DNAは化学物質なので、機械で合成することができます。2010年、ベンター博士は短いDNA断片をいくつもつなぎ、世界で初めて合成ゲノムをつくりました。この生物は何でしょうか。



- A: 大腸菌 B: ソウリムシ
C: 酵母 D: マイコプラズマ

問題5

ベンター博士は生きるのに必要な最小限の遺伝子セットを決めるため、2010年に合成した人工ゲノムから必要でないと思われる遺伝子を除いていきました。最終的に、生存と複製に必要な遺伝子数はいくつだったのでしょうか？

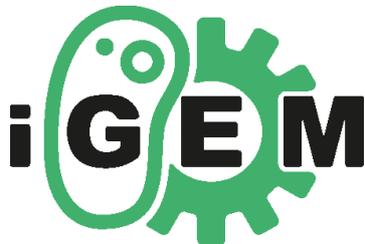


Credit is to: Thomas Deerinck and Mark Ellisman, National Center for Microscopy and Imaging Research.

- A: 153個 B: 473個 C: 1,078個 D: 4,208個

問題6

iGEM (アイジェム) とは毎年行われる「合成生物学」に関する世界規模のコンテストで、遺伝子パーツなどを組み合わせて、課題解決能力をもつ微生物などをデザインします。この生物学的パーツのことを何と呼んでいるのでしょうか？



- A: レゴブロック B: 半導体素子
C: 歯車 D: バイオブリック

令和4年10月22日(土)、かずさアカデミアホール(千葉県木更津市)において「第28回 開所記念講演会」を開催しました。今年も新型コロナウイルス感染防止に配慮しながら実施し、会場には255名の皆様にお越しいただきました。

また、WEB同時配信では116名、初の試みである見逃し配信(10/29~11/4)では95名の皆様にご視聴いただきました。全体で昨年より160名多く466名もの皆様にご参加いただきましたこと、所員一同心よりお礼申し上げます。



講演Ⅰ：オオムギの新しい育種技術とおいしいビール

講師：岡山大学資源植物科学研究所 教授

佐藤 和広 氏

内容：オオムギは中央アジアが原産で、乾燥や低温に強いことが知られており、人類は5000年も前からオオムギをビール醸造に利用してきました。そこから辿るオオムギの歴史と、未来に繋ぐべき遺伝資源の収集や保存についてご紹介いただきました。また、ビールメーカーとの共同研究で育まれた美味しいビールを造るための最新育種技術や、復興支援に役立つ塩害に強いオオムギの作付けなど、オオムギにまつわる興味深いお話をうかがいました。

講演Ⅱ：希少難病の「研究」から「検査」へ：

かずさDNA研究所の取り組み

講師：かずさDNA研究所 副所長

小原 收 氏

内容：かずさDNA研究所は、ヒト遺伝子研究を基幹プロジェクトのひとつとし、その後、希少難病の研究を長らく続けてきました。今では、国内に類を見ない希少難病の遺伝学的検査を専門に行う『かずさ遺伝子検査室』へと結実し、社会に大きく貢献しています。遺伝子の基礎研究がどのようにして社会に活かされるまでに発展したのか、自身の研究を志したきっかけや研究人生、研究への思いなどを交えて、その長い道りをご紹介いただきました。



さくらサイエンスプログラム

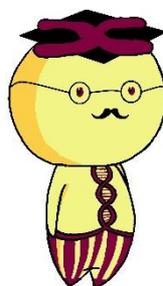
「さくらサイエンスプログラム」は、海外の優秀な学生・生徒を日本へ短期間招き、日本の先端的な科学技術や文化に触れてもらう科学技術振興機構（JST）のプログラムです。10月17日、カンボジア、フィリピン、ブータンから9名の高校生が研究所の見学に来てくれました。母国でもバイオテクノロジーについて学んでいる生徒達は、英語の講義に真剣に耳を傾け、多くの質問をしてくれました。DNAキーホルダーづくりでは、慣れた手つきで、器用に二本の紐を編んでくれました。コロナでキャンセルが続いていた海外からの見学も今後増えてくれることを期待しています。



プロテオミクス トレーニングコース

10月20日と21日に、日本プロテオーム学会主催の講習会「伝授します！高深度プロテオーム解析技術」がかずさDNA研究所で開催されました。

プロテオーム解析とは、細胞内のタンパク質を網羅的に分析する研究技術です。臨床オミックス解析グループの川島研究員をはじめ第一線で活躍する研究者が講師となり、最先端のプロテオーム解析装置による分析からコンピュータによるデータ解析まで体験してもらう内容でした。全国から多数の研究者や技術者が参加されました。



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

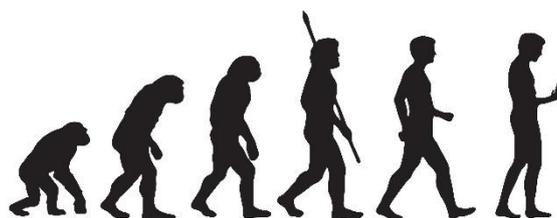
2022年のノーベル生理学・医学賞は「古ゲノム学」の学問分野を切り開いたスバンテ・ペーボ博士が受賞しました。博士は、2010年に何のゲノム配列を発表したのでしょうか？



A: ネアンデルタール人 B: クロマニヨン人
C: 縄文人 D: ホモ・サピエンス

問題 2

ネアンデルタール人の骨から採取したDNAの配列を現代人と比較した結果、その昔、両者の交雑があったと推定されました。現代人の遺伝子は何%がネアンデルタール人由来でしょうか？



A: 0.2% B: 2% C: 5% D: 10%

問題 3

2022年のノーベル生理学・医学賞を受賞したスバンテ・ペーボ博士は、親子2代でのノーベル賞受賞です。ペーボ博士を含めて2代でノーベル賞を受賞した親子は何組でしょうか？



A: 2組 B: 4組 C: 6組 D: 8組



ニホンヤモリは外来種?!

ニホンヤモリはその名の通り、家の守り神（家守）として古来より身近な動物として親しまれてきました。研究所の建物内にもたくさんいて、ときおり思わぬところから顔を出してきて驚かされます。実はこのニホンヤモリが人類の移動に伴い日本列島に広がった「外来種」であることが、東北大学の研究でわかったそうです。

「ヤモリ」という名前が文献に初めて登場するのは、1603年の日葡（ポルトガル）辞書であることが知られていました。そこでさらにさかのぼって文献を調査し、古い時代にはヤモリも「トカゲ」と呼ばれていたこと、その後、草地にいる→トカゲ、建物の壁→ヤモリ、水場→イモリ、と生息場所でざっくりと区別されるようになってきたこと、江戸時代になって3種が明確に区別されるようになり、1697年の本朝食鑑には「ヤモリは西日本には生息するが関東にはいない」という記述を見つけました。

同時に、日本各地のヤモリのDNA配列の違いを系統的に調べたところ、全国各地で祖先集団の一部の個体を祖とした新しい地域集団が構成されていることがわかりました。地域集団の系統比較からは、約3000年前に中国から五島列島・九州に入り、徐々に東に広がり、平安時代には近畿地方に定着し、関東地方には江戸後期～明治初期に到達したことが明らかになりました。日本海側では、戦国時代に北陸へ、そして江戸時代には酒田（山形県）へ広がったようです。これらの結果は、ニホンヤモリが人の移動に伴って、日本列島に拡散したことを示しています。面白いですね。

特集：ヒトの人工染色体



かずさDNA研究所はヒトの人工染色体の研究もしてきたんだね。



ヒトの染色体は46本じゃが、人工的に作った47番目の染色体を人工染色体というんじゃ。遺伝子治療への応用も期待されておるんじゃぞ。



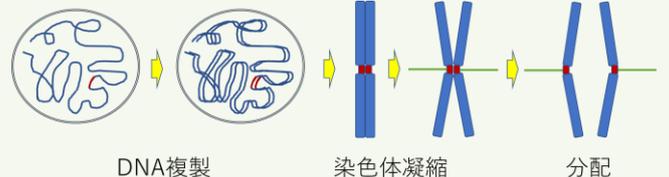
染色体って何なの？

染色体とは



まず染色体が何なのかを説明しないとイケないな。細胞分裂の写真をみたことがあるじゃろ。そこにあるX字型をした構造体が染色体なんじゃ。実はあれは細長いDNAがたぐり寄せられてぐっと短くなったものなんじゃ。DNAはとても細長い分子で、ヒトだと46本あるんじゃが、長いものは8cmもある。それが直径10μm（マイクロメートル、1/100mm）の細胞核に入っておるんじゃ。細胞が分裂するとき、DNAが長いままだと、新しい2つの細胞にうまく分けられないから、10μmにまで凝縮させるんじゃ。

DNAが複製（コピー）されて、どうやって2つの細胞に間違えずに分配されるのかのお、これは生物学の大問題だったんじゃ。ヒト人工染色体の開発はそんな問題へのチャレンジでもあったんじゃ。



DNA複製

染色体凝縮

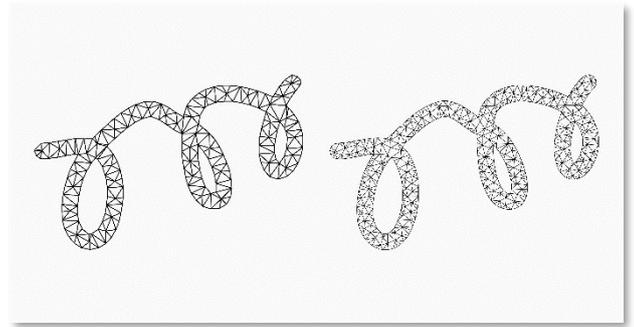
分配

染色体分配のしくみ



DNAは生命の設計図。それが正確に伝えられるのって本当に不思議よね。二重らせんの形をした長いDNAが複製されて、全く同じ配列の二重らせんが2本できるのだけれど、その2本は所々でつながり留められているの。そのDNAが凝縮していくと、割り箸のような形の染色体が現れるのよ。

しばらくすると、セントロメア（P4の図の赤い部分）の周辺以外のつなぎ留められた部分が離れるので、X字型が見えてくるのね。セントロメアには紡錘糸と呼ばれる染色体を引っ張るロープが取り付けられるの。そのロープがちゃんと両側から引っ張られるのを確認したら、染色体どうしの接着がすべて離れるので、複製されたDNAは、新しい2つの細胞に向かって運ばれるのね。そうしてDNAは正確に新しい細胞に受け継がれているの。

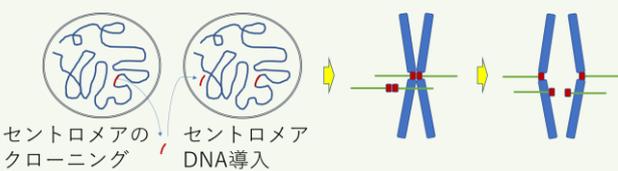


最小の動く生命体を創る

人工染色体研究の歴史

染色体分配の仕組みは、遺伝子が染色体上にあることが20世紀初頭に実証されて以来、重要な研究テーマじゃ。細胞分裂の様子から、それぞれの染色体に1ヶ所ずつ、新しい細胞に引っ張って行かれる把手（とって）の部分、つまりセントロメアが注目されてきたんじゃ。セントロメアのDNA配列は、1980年に最初に酵母で125塩基対の配列が同定されて、セントロメア配列を持つプラスミドは染色体と同じように新しい細胞にちゃんと分配されることが示されたんだな。

そこでヒトでも下の図のようにセントロメアを取り出して、培養細胞に導入して人工染色体を作るチャレンジが始まったんじゃ。



ところがヒトのセントロメアのDNAは171塩基の配列が数千回以上繰り返した巨大なもので、酵母のように簡単にはいかなかったんじゃな。

ヒト人工染色体の開発

かずさDNA研究所染色体工芸研究室の舩本寛室長は、世界で初めてヒト人工染色体作製に成功した人なんダーナ。ちょっとお話し聞いてみよう。

舩本室長：ヒト人工染色体を作るというチャレンジは、作って調べるという合成生物学の先駆けと言えるでしょう。大学院に進むとき、名古屋大学の岡崎恒子先生から「ヒトの人工染色体を作る研究を始めるつもり」だという話を聞いて、すぐにその研究をさせてくださいとお願いしました。

細菌や微生物も栄養や居心地のよい所を求めて移動することができます。この「動ける」ことが進化の過程でいつ、どのように誕生したのかは実はよくわかっていません。

大阪公立大学の研究グループは、長年、マイコプラズマ（風邪や肺炎の原因となる感染性の細菌として知られる）の運動性について研究してきました。マイコプラズマは、細胞壁がなく、他の細菌と比べて細胞やゲノムが小さいという特徴をもちます。また、マイコプラズマ属に近縁なスピロプラズマ属の細菌は、その名の通りらせん状の細長い形態をもち、ねじりの方向を入れ替えることで水中を動き回ります。その形態の変化や運動性に関与する遺伝子については、最近の研究でその候補をいくつか見つけ出しています。

一方、米国のジョン・クレイグ・ベンター研究所はマイコプラズマのゲノムを人工合成し、最小限の遺伝情報（473遺伝子）で生きる合成細菌syn3を2016年に作製しています。

そこで今回、合成細菌syn3にスピロプラズマ属の7個の候補遺伝子を導入したところ、球形の細胞がらせん形になり、動き回ることが観察されました。遺伝子をさらに絞りこみ、*MreB5*と*MreB1*、もしくは、*MreB5*と*MreB4*の2つの遺伝子の導入で動けることがわかりました。

*MreB*タンパク質は、私たちの筋肉を構成するアクチンと似ています。細菌では細胞の形を決めたり複製されたDNAを分配する役目をしていますが、スピロプラズマでは*MreB*遺伝子が重複し、多機能化しています。進化上、どうやって動ける生物が現れたのでしょうか。ロマンが広がりますね。



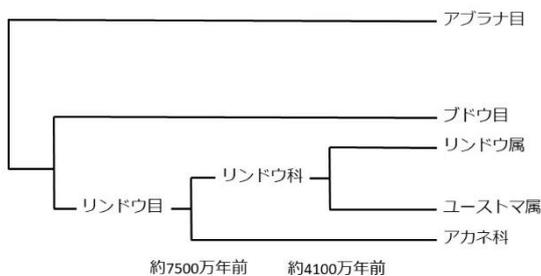
トルコギキョウ（ユーストマ）
品種名：雪てまり
タキイ種苗提供

トルコギキョウのゲノム解読

タキイ種苗株式会社、東京大学、国立遺伝学研究所、長野県野菜花き試験場との共同研究

トルコギキョウ (*Eustoma grandiflorum* : ユーストマ) はリンドウ目リンドウ科ユーストマ属に属する植物で、切り花として人気が高く、日本でも多く生産されています。原産地は北アメリカ中南部で、キキョウ (キク目) の仲間でもないことから、属名から「ユーストマ」と呼ばれることもあります。近年は品種改良によって白やピンク、黄や赤の花弁で、八重咲きや花弁にフリンジがあるものなど、様々な色や形態の花をもつ品種が作り出されています。

そこで、より多様なニーズに対応した品種開発を進めるための足掛かりとして、トルコギキョウの全ゲノム解読を行いました。約13億塩基対からなるゲノムDNA配列から、36,619の遺伝子を見出すことができました。また、遺伝子を比較することで、リンドウ属とユーストマ属は約4100万年前に分岐していることが明らかになりました。



トルコギキョウの花の時期は、5-9月だそうです。今年の夏には、いろいろな花色のトルコギキョウを家に飾ってみたいになりました。

2022年12月19日 G3

今から考えると途方もないチャレンジだったのですが、様々な幸運があって、ヒト人工染色体を世界で初めて作ることに成功しました。論文としては海外のグループに先を越されてしまいました

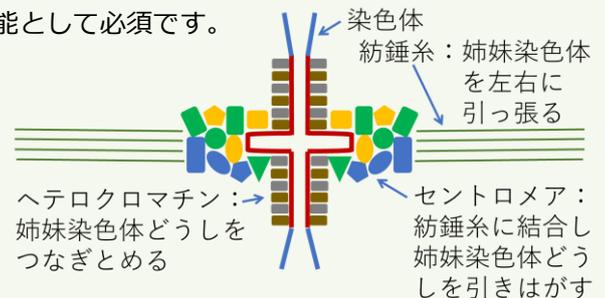


が、ヒト人工染色体を作ることについては世界のトップランナーであり続けたと自負しています。

人工染色体形成は、時間と根気と慎重さが求められる実験なので、他のグループでは再現できないことも多く、海外の研究者からMagicだと言われたりもしました。しかし、きちんと実験すれば必ず出来ることを米国NIHでの共同研究で実証して、さらに完全合成したDNAからも人工染色体が作れることを示しました。

かずさDNA研究所にきてからも、ヒト人工染色体を使ったセントロメア機能の研究と、ヒト人工染色体の改良を進めました。セントロメアでは100種類以上のタンパク質が働いています。さらにセントロメアの隣には、ヘテロクロマチンというDNAとタンパク質からなる特別な構造があります。ヒト人工染色体は、171塩基を単位とする長大な繰り返しDNAをヒト培養細胞に導入して作ります。その長い繰り返し配列の上に、セントロメアのタンパク質が集合するところと、ヘテロクロマチンのタンパク質が集合するところがあるのです。その反応をコーディネートするのがCENP-Bというタンパク質だということを発見し、これを中心に研究を進めてきました。セントロメアの繰り返し配列中に見つかる特定の17塩基にCENP-Bが結合することは、大学院学生の時に見つけていました。

セントロメアは染色体を紡錘糸が引っ張るための把手なのに対し、ヘテロクロマチンは染色体を分配する直前まで複製されたDNAをつなぎ留めておく連結器として働きます。どちらも染色体の機能として必須です。



セントロメアとヘテロクロマチンのバランスはヒト人工染色体が働くのに重要で、そのバランスを乱すと細胞分裂で脱落し消失します。この性質を利用して好きな時に消失させられるヒト人工染色体も開発しました。これは、遺伝子治療などで人体に導入した際の安全弁として重要だろうと考えています。

ヒト人工染色体の利用

ヒト人工染色体を医療に役立てる研究も進められているの。染色体の異常は癌や様々な病気と関係するのね。ヒト人工染色体を使えば、いろいろな薬剤の染色体への影響を検査したり、染色体分配に影響する遺伝子を探し出したりすることができるの。

そして、遺伝子治療への期待は大きいわね。遺伝子治療は外から遺伝子を導入するわけだけど、遺伝子を運ぶ媒体（ベクター）には、ウイルスなどが使われるのね。でもヒト人工染色体は、導入できるDNAのサイズが原理的にはほとんど無制限という特徴があるので、治療に大きな遺伝子が必要な場合などには有用ね。

免疫系の遺伝子群をヒトのものとそっくり入れ替えた動物を作って、ヒトの抗体を動物に作らせる（抗体医薬）ことにも使えるわ。さらには、植物細胞へ導入して有用な物質を生産する研究も進められているのよ。



ヒト人工染色体の研究って面白そう。医学の分野でも期待されているんだーナ。

かずさDNA研究所では、ヒト人工染色体を使った新しい安定発現細胞『TrueSTABLE Cell』の作製を行っています（研究所発のベンチャー企業である(株)かずさゲノムテクノロジーズ（KGT）を通じて受託）。また、最近、ヒト人工染色体のiPS細胞への導入にも成功したので、応用範囲はこれから一気に広がるのではないかと期待しています。



ベニクラゲのゲノム解読

ベニクラゲ再生生物学体験研究所、東京電機大学との共同研究

ベニクラゲ (*Turritopsis* spp.) は、世界中の暖かい海に生息する、体長が数ミリの小さなクラゲ類です。ベニクラゲの成体は針でつつくと団子状の細胞塊になり、そこからポリプと呼ばれる若い成長段階の途中の状態になることができます（いわゆる「若返り」）。トカゲやイモリのように、体の一部を再生できる生物は多く知られていますが、体がまるごと若返る生物は現在、ベニクラゲを含む数種のクラゲ類でしか確認されていません。

そこで、ベニクラゲの若返り機構を解明するために、和歌山県の田辺湾で採取された個体のゲノムDNA配列を解読しました。研究グループではベニクラゲの人工飼育法の開発を行ったことにより、同一のゲノム情報をもつクローンクラゲからDNAを集めることに成功し、先行グループよりも高精度にゲノムを解読することができました。

また、人工的に脱分化・再分化を起こさせ、その際の遺伝子発現の変化を調べて、この過程で特徴的に発現している遺伝子、すなわち、若返り過程に必要と考えられる遺伝子候補を絞り込みました。今後は、これらの遺伝子の機能を調べて、若返りのしくみを解明していきます。

ベニクラゲの若返り機構の解明は、細胞の再生研究にもつながるのだそうです。私たちヒトも若返りできる、そんな時代は来るのでしょうか。

2022年12月15日 DNA Research



栽培計測プラットフォームの構築

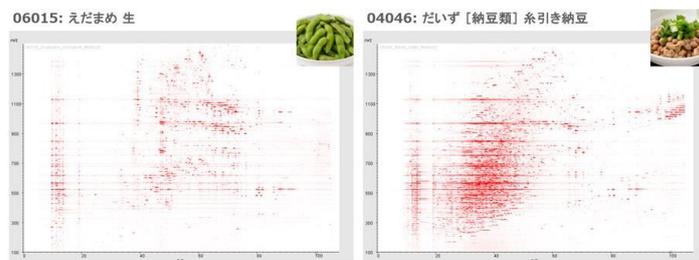
農研機構、(株)テックス、(株)ビュープラス、(株)日本医化器械製作所との共同研究

近年、地球規模の環境変化により、干ばつや土壌の荒廃が世界中の農地で起こっています。国内でも、大雨や猛暑日の増加などの影響により、農作物への被害が頻発しています。このような状況の中、環境変化に強い品種の開発が求められています。

そこで、将来予想される干ばつなどの極端な栽培環境を屋内の人工気象室で再現することが重要と考え、IoTとセンサ技術などを活用した新たな栽培計測プラットフォーム「iPUPIL(あいぴゅーびる : IoT-based Platform of Unmanned Phenotyping with Imitated Land condition)」を構築しました。

iPUPILは、天井に設置した複数のカメラや様々な計測器によって、ストレス応答など、わずかな植物の変化を可視化し、数値データとして記録することができます。

極端な環境条件を設定し、どのような品種・系統が環境ストレスに強いかを比較して評価することができるため、地球環境の変化に対応した作物の開発への応用が期待されます。また、並行してゲノム編集技術などの新しい育種技術を活用した品種開発にも貢献することが期待されています。



上図は、左が枝豆（ダイズ）、右がダイズを原料とする納豆に含まれる化合物を質量分析で検出したもの。横軸に液体クロマトグラフィーの溶出時間、縦軸に質量をとって提示している。共通と思われるスポット（化合物）もあるが、全体に大きく違っているのが分かる。

膨大な未知化合物に挑む

国立遺伝学研究所、東北大学、(株)さくら科学、京都大学との共同研究

身の回りの化合物は、実はその多くが構造が不明で名前もつけられていません。例えば、調理された食品には、ビタミンなどのよく知られた栄養素だけでなく、加熱などによる化学反応で生成されるさまざまな未知化合物が含まれています。植物や微生物が生産する化合物も、薬効や毒性が注目されれば構造が調べられますが、多くは生理機能不明で、その数も把握されていません。

そこで、名もない化合物をそのままデータベースに登録でき、相互に同一性・類似性を検索できるツールとともにインターネットで公開する仕組みをつくりました。これは、機能未知の遺伝子を含めたDNA配列データベースが現在の生命科学の発展を牽引したことに倣ったものです。

その手始めとして今回3つのデータベースを公開しています。

食品（食レポ） <http://metabolites.in/foods>

植物（植レポ） <http://metabolites.in/plant>

万物（ものレポ） <http://metabolites.in/things>

このアプローチによって、数も把握できない未知化合物の世界が、やがて指数的に増大したデータベースで相互に関連付けられ、一挙に分かる時が来るでしょう。そこからさまざまな新しい解析も可能になり、利用価値の高い化合物を安価な原材料から調達できたり、健康によりよい食事をAIが教えてくれるようになるかもしれませんね。

2022年11月24日 *Nucleic Acids Research*

針葉樹4種のゲノム解読に成功

～時間のかかる林木育種の効率化・加速化へ～



カラマツ・スギ・ヒノキ・コウヨウザン

針葉樹の巨大ゲノムを解読

森林総合研究所 林木育種センターとの共同研究

日本の森林面積は国土の約67%で、世界でも有数の森林国です。スギなどの針葉樹は木材生産などのため、林業用として広く利用されています。また、気候変動への対策のひとつである二酸化炭素の吸収源としても期待されています。

栽培作物とは異なり、針葉樹は世代時間が長く育種が容易ではありません。そこで、育種に要する期間の短縮を目指して、カラマツ・スギ・ヒノキと、早生樹として注目されているコウヨウザンの4樹種のゲノムを調べました。

それぞれの針葉樹はヒト（約30億塩基）の3～4倍の大きさの巨大ゲノムをもっていました。

これら4樹種のゲノム情報は、育種の効率化・加速化のための遺伝学的な情報の基盤となります。また、ゲノム情報を活用した森林管理やゲノム編集研究への活用、さらには針葉樹を含む裸子植物から被子植物がどのような進化の途を辿ったのかを知るための手がかりになることが期待されています。



2022年11月17日 BioRxiv

ウラルカンゾウ
と生薬の甘草
(左下)

甘草（カンゾウ）のゲノム解読

理化学研究所、千葉大学、大阪大学、国立遺伝学研究所との共同研究

甘草の地下部（甘草根）には、炎症や痛みを鎮めたり、咳を抑えたりするなどさまざまな薬効があります。そのため、日本で広く用いられている200種を超える一般用漢方処方薬の約70%には、甘草根が配合されています。漢方用の高品質な甘草根は、ほぼ全量を中国からの輸入に頼っており、世界的な需要の拡大に伴って、価格も上昇傾向にあります。そこで、国内での生産が試みられていますが、品質の高い甘草根を安定して得るには至っていません。

薬効成分の合成に関わる遺伝子を明らかにして、品質の高い甘草根を安定生産するための基盤情報を得ることを目的として、8本の染色体からなるウラルカンゾウの全ゲノム配列を高精度に決定しました。

その結果、主要な薬効成分のひとつである、グリチルリチンの生合成に関わる一連の酵素遺伝子が、狭いゲノム領域にまとまって存在することを確認しました。そして将来的には、これらの一連の遺伝子をゲノム領域ごと成長の早い植物種に導入することで、グリチルリチンを安定供給することも期待できるようになりました。

2022年12月20日 DNA Research

