



# かずさDNA研究所ニュースレター

第46号

2011年10月11日



## 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](#)



## 所長退任にあたって



私は、9月30日をもって、1997年に着任して以来、14年1ヶ月の長きにわたり勤めさせていただきました当研究所・所長の職を辞す

ることになりました。

かずさDNA研究所は、沼田元千葉県知事の下にその構想が練られ、高浪満初代研究所長が、従来の我が国の研究機関の枠を超える研究所として、DNA研究を中心とするさまざまな研究課題を取り上げて研究活動を進めるとともに、組織、人事体制、広報活動など含めて、斬新な発想のもとにその基礎を築かれたものです。

その結果、本研究所は、ラン藻の一種であるシネコシステイスのゲノム解析を皮切りに、アブラナ科の高等植物であるシロイヌナズナのゲノム解析を国際共同プロジェクトとして行なう一方、ヒトのいろいろな組織で働いている比較的大きな遺伝子に由来するメッセンジャー

RNAから作成したcDNAクローンを解析するなど、数多くの生物種を対象としてゲノムならびにDNAの研究成果を公表し、この分野で世界的な地位を確立することができました。これはひとえに、研究に携わる部長、室長、研究員、技術員の方々、これらの研究活動を支えてきた事務職員の皆様のたゆみない努力と精進の賜物であり、ここに心から感謝の意を表します。

また、この間、厳しい財政事情の下で我々の研究を支えて下さった沼田、堂本、森田歴代千葉県知事、関係する県職員の方々、ならびにさまざまな機会に多くの県民の皆様から寄せられたご厚情に深く感謝する次第です。

なお、私の後任としては、10月1日から、山本正幸現東京大学教授がその任に当ることになりました。新しい所長の下で研究所構成員の皆様が一層の努力をされ、かずさDNA研究所がさらに発展することを心から祈っております。

私は、10月から研究所の運営からは離れますが、引き続き非常勤の理事長として、研究所の運営母体である財団の代表者としての責任を果たしていく所存です。

終わりにあたりまして、研究所関係者の皆様、ならびに当研究所の運営を暖かく支援して下さいました多くの皆様方のご健勝をお祈り申し上げます。長い間、どうもありがとうございました。



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

### 遺伝子の共発現や代謝産物の相互関連を表示・解析するためのデータベースの開発

ゲノムバイテク研究室：櫻井 望・柴田大輔ら

秋になると、マツタケをはじめ香りのよいおいしいキノコが出回って食卓を賑わしますが、それとともに、あちこちでキノコによる中毒のニュースが報じられます。また、秋には柿、みかん、栗などの果物が実り、ビタミン類の豊富な食材として多くの人に消費され、さらに、脂の乗ったサンマやぶり大根などが話題になります。このように私たちは自然界から得たいろいろな食材を好みの調味料で味付けし、煮たり焼いたりして食べて生活しています。ところで、このように私たちが食べて美味しいと思う味をもたらすものや、気をつけないと食中毒を引き起こすもののほとんどは、もともと生物が作り出した「代謝物」と由来します。

生物の細胞内では、遺伝子から作られた多種多様な酵素が、あるいは協調的に、あるいは拮抗的に働いていろいろな代謝物を作り出しています。それらの代謝物の多くは、その生物の生育のために必要なものであり、一次代謝物と呼ばれますが、多くの生物（特に植物やカビなどの菌類）は、一次代謝物の他に、自らの生育には直接かかわらない二次代謝物と呼ばれる代謝物も作り出しています。上にあげた毒きのこの毒などはそのような二次代謝物の例ですが、広く医薬品として使われている抗生物質もカビや放線菌等の作る有用な二次代謝物です。一次代謝物は多くの生物種で共通性が高いのに対して、二次代謝物は生物種固有のものが多く、したがってその種類は膨大です。特に自らは動くことのできない植物は、動物の食害を避けるなどのためにさまざまな二次代謝物を作り出しており、その種類は20万種以上であると推測されています。

当研究所のゲノムバイテク研究室では、これまでトマトなどの植物を対象として、植物体に含まれるいろいろな代謝物を解析してきました（ニュースレター2008年5月8日でその一部を紹介しました）。植物体には膨大な数の代謝物が含

まれていますので、これまでに解析され、その性質や働きが明らかにされたものはほんの一部に過ぎないと考えられます。代謝物の解析は、生物体の組織を物理的・化学的に破碎した後、いろいろな処理を行なって得られた代謝物を含む溶液を質量分析機（ニュースレター2009年5月12日、2010年1月6日など）にかけ、それぞれの代謝物の質量（重さ）を精密に測定することから始まります。時には、解析の過程で、得られた代謝物をイオンのエネルギーを利用するなどして部分的に分解し、分解物の質量を測定してもとの代謝物の構造の推定に役立てることもあります。

ところで、上述しましたように植物細胞内の代謝物の種類は膨大ですので、まず、このようにして得られる代謝物の質量のデータからそれぞれの代謝物を同定する作業を行う必要があります。さらに研究の目的によっては、同定された代謝物が植物の生育環境の変動によってどのように質的・量的に変化するかということを追跡することもあります。このような研究目的をスムーズに達成するためには、使い易い機能を持つ種々のツールを備えた代謝物のデータベースを作成し、それによって代謝物間の相互の関連や代謝物の時間的な変動を視覚的にわ

## 今月のキーワード

～「最近の研究成果」にでてきた言葉の解説～



**代謝**（たいしゃ；metabolism）：生物の細胞内では、生命活動を支える多種多様な化合物を作り出すためのいろいろな化学反応が行われていますが、それらの反応を総称して代謝と呼び、いろいろな代謝反応が絡みあって複雑な代謝経路を形成しています。動物細胞の中で根幹をなすのは、デンプンや糖などの炭化水素を分解してエネルギーを得るための代謝経路であり、植物（特に葉）の細胞の中では、炭酸ガスと水からデンプンなどの炭化水素を作り出す光合成の代謝経路です。もちろん、植物細胞にも動物細胞と同じように、作り出した炭化水素を分解してエネルギーを得るための代謝経路もあります。これらの主たる代謝経路のほか、動物・植物を問わず、細胞内ではアミノ酸、DNA、RNA、脂肪、ビタミンなどの生命活動に必須な各種の化合物を合成したり分解したりする代謝経路があり、巧妙に調節されて生命活動が維持されています。言うまでもありませんが、代謝を司るのは各種の酵素です。

**オミックス解析**：この語は、現在の生物学で行なわれているゲノム解析（genomics）をはじめ、遺伝子から作られるタンパク質の解析（proteomics）などを意味する語が'-omics'で終わることから、現在の生物学で行なわれているコンピューターを用いた網羅的な解析手法を総称して作られたものであり、これ以外に、遺伝子から転写されるメッセンジャーRNAの解析（transcriptomics）、本文に述べました代謝物の解析（metabolomics）などがあります。いずれの場合も、細胞内で行われている生命活動の諸反応で作られる産物を網羅的に解析することを目指します。したがって得られる解析データは膨大になって直感的にわかりにくくなりますので、それをどのようにわかり易く表示するかが問題になるのです。

かり易く追跡できるようにすることが必要になります。この論文で櫻井・柴田らは、そのような目的で開発したデータベースと、付随するいろいろな解析のための機能を紹介しています。なお、論文の冒頭にあるKaPPA-Viewというデータベース名は、Kazusa Plant Metabolic Pathway Viewer (かずさ植物代謝経路ビューアー) に由来して名付けられたものです。

データベースの内容と働きを限られた紙面で紹介するのは容易ではありませんが、このデータベースは、要するに、シロイヌナズナやイネあるいはミヤコグサなどの、これまでにゲノム解析が行なわれた植物の細胞内にある代謝物と代謝経路をデータベースとして保存し、その上で解析のためのいろいろなツールを用意して、研究者が特定のタンパク質（遺伝子産物）や代謝物が働いている経路、あるいはそれらが細胞内の他のどのタンパク質や代謝物と相互にどのように関連しているか、などをわかり易く表示して利用者の理解を助けること、さらに、細胞内で働いている多種多様な酵素などを関連づけた他のデータベースともスムーズに連携して利用者の便を図ることなどを目指して設計されています（図1を参照して下さい）。

なお、遺伝子の協調発現のデータベースは、ゲノム解析が終了したヒトやマウスなどの動物を対

象としても複数のものが作製され、公開されていますので、KaPPA-Viewでは、それらのデータベースに貯えられたデータを利用して解析できるように設計されています。

【ここに紹介したのは、学術雑誌 Nucleic Acids Research 誌で昨年11月に公表された「KaPPA-View4：遺伝子の共発現、代謝産物の共蓄積ならびにオミックスデータに対する相互関連ネットワークの表示と解析のための代謝経路データベース」という論文（原文は英語）の概要です。】

## KaPPA-View4の設計理念

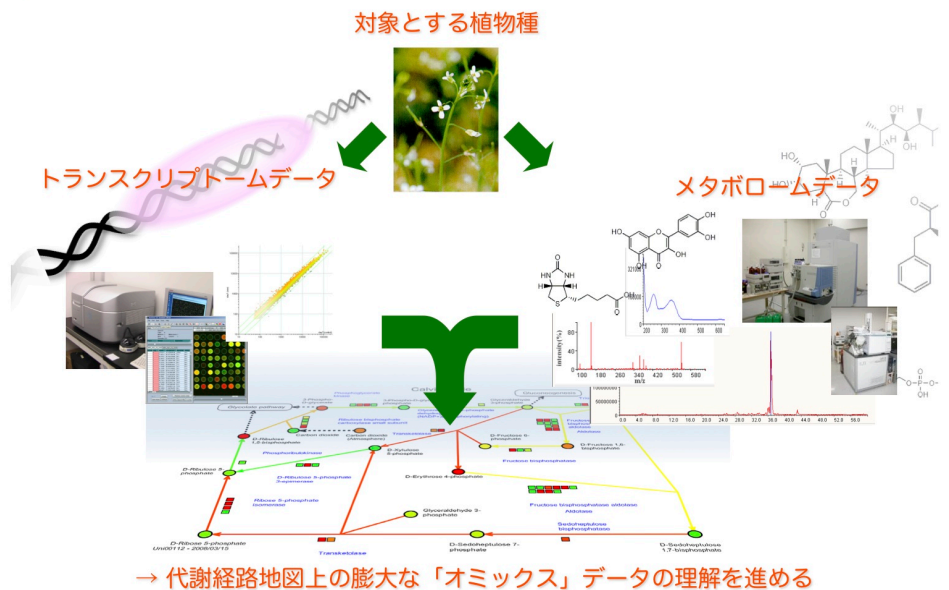


図1：KaPPA-View4の設計理念

対象とする生物種から得たオミックスデータを蓄え、ユーザーの利用目的に応じて代謝経路地図上に遺伝子・タンパク質・代謝物間の相互関係をわかり易く表示する。

### 🌿 どんなゲノム こんなゲノム 🌿

#### \* グリーンアノール (green anole) トカゲのゲノム解析 (2011年9月29日号のNature誌)

このトカゲは学名を *Anolis carolinensis* といい、もともとはアメリカ中西部からカリブ海の諸島に棲息する体長15-20センチほどの緑色のトカゲで、状況によって腹部や眼の周囲の体色を変化させることができることから、アメリカカメレオンとも呼ばれます。日本では、1960年代に小笠原に持ち込まれたものが野生化して生息域を広げ、今では総数400万匹にもなっていると推定されており、小笠原固有のオガサワラシジミなどの蝶類をはじめとする昆虫類に壊滅的な被害を与えています。ところで、すでにヒトなどのほ乳類とニワトリなどの鳥類のゲノム解析は行なわれていますが、は虫類のゲノム解析はまだ行なわれていませんでした。よく知られていますように、は虫類、鳥類、ほ乳類はそれぞれ性決定の仕組みに差がありますし、また、鳥類はは虫類から進化したとされていますので、は虫類のゲノムを解析して鳥類やほ乳類のゲノムと詳細に比較解析を行なうことにより、これらの点について理解の進むことが期待されます。解析の結果、このトカゲのゲノム（大きさは約18億塩基で、6本の大染色体と12本の小染色体をもっています）では、ほ乳類や鳥類で見られるように部分的な塩基組成の偏り（通常、G+Cのパーセントの変化で表します）は見られず、全ゲノムにわたってほぼ均一であることがわかりました。また雌雄の染色体を精査した結果、これまでの解析では不明だったX-染色体は小染色体のひとつであることがわかりました。ただしY-染色体は未同定です。さらに、ゲノムの約30%は多種類のトランスポゾンを含むくり返し配列で占められており、1万7000強のタンパク質を作る遺伝子が同定されました。



## トピックス

### オウムとスズメの進化的な関係

いろいろな生物のゲノム解析が進められ、ゲノムの中に多種類の「くり返し配列」が見いだされています。それらのくり返し配列の中には、LINEとかSINEと呼ばれ、レトロポゾンと総称される配列があります。レトロポゾンは逆転写酵素（DNAからメッセンジャーRNAを作る転写とは逆に、RNAからDNAを作る反応を行なう酵素）によって、RNAがDNAにコピーされ、ゲノム中のいろいろな場所にトランスポゾン（前号のDNA物語を参照して下さい）のように挿入されることによって生じてくるくり返し配列です。このうち、LINEは逆転写酵素の遺伝子をもっていますので自分自身をコピーして広がっていきますが、SINEは短い配列（40-80塩基の長さ）で、LINEの逆転写酵素の働きでコピーされて広がっていきます。レトロポゾンという名前はもともと「レトロウイルス」というがんウイルスに因んで名付けられたものです。レトロウイルスはRNAを遺伝物質としたウイルスで、逆転写酵素をもっており、自分自身のRNAからDNAのコピーを作ってゲノムの中に入り込むことで身を隠し、長い間ゲノムに保持されるウイルスです。

近年、これらのレトロポゾンの染色体上の正確な位置やその種類を詳細に調べ、それを生物種間で比較していくことによって生物の進化や系統関係を推測する手法が定着し、ほ乳類や鳥類間の進化や系統関係の解析などに応用されています。このような解析をオウムについて行なって多数のレトロポゾンを比較解析した結果、オウムは10,000種以上とされる鳥類のうちの半数以上の種を含むスズメ目（比較的小型で、さえずったり、止まり木に止まることのできる鳥類の目；目は科の上の分類群）の鳥類にもっとも近縁であることがわかったということです（2011年8月23日のNature Communications誌）。

このような解析を進めていくことで多種多様な鳥類の系統関係がより正確になり、鳥類の進化の道筋がより詳細に明らかになれば、鳥類の起源についての知見が増し、前号で取り上げた始祖鳥の問題もはっきりしてくるのではないかと期待されます。

### ジャガイモの開花と塊茎の形成

植物の中には年中花を咲かせるものもありますが、多くの植物は、日が長くなると花芽を形成する長日植物と、逆に日が短くなると花芽を形成する短日植物に分かれることが知られています。これを「光周性」といいます。光周性は暗期と明期の長さで決まり、より正確には暗期がある長さより短くなると花芽を形成するものが長日植物で、その逆が短日植物です。

光周性は、1920年にGarnerとAllardという二人の科学者が、ダイズの種子を時期をずらせて蒔いて育てたところ、生育状態が違うにもかかわらずどれもほぼ同じ時期に花を咲かせたことから見いだされました。彼らは、植物の開花は温度や栄養条件ではなく、日長で決まるのだと説明したのです。その後、1936年にChailakhyanは、葉で感知された日長のシグナルが「フロリゲン（花成ホルモン）」と名付けられた仮想的なホルモンによって茎の先端に伝えられ、花芽が誘導されるという考えを提唱しました。実際、実験的にアサガオ（短日植物）の茎にサツマイモの茎を連結しますと、短日条件でサツマイモの花が咲きます。その後、シロイヌナズナのゲノム解析の結果を利用した分子レベルでの解析から、フロリゲンの実態はFTと名付けられた遺伝子から作られるFTタンパク質であろうということが示唆されました。そしてさらにその後の研究で、FTタンパク質がどのように働くのかについても推測されています。

ところで、ジャガイモの「いも（塊茎）」の形成には、花芽の形成と同じように光周性があることが知られています。最近、イネ（長日植物）におけるFTと相同な遺伝子（塩基配列が類似しており、同じ働きをする遺伝子）を取り出し、短日植物であるジャガイモに導入すると、ジャガイモの塊茎の誘導が長日条件で起ることが見いだされました。そして、上記のイネの遺伝子にオワンクラゲのGFPという緑色の蛍光を発するタンパク質の遺伝子を結合しますと、塊茎の形成部に移動することも観察されています。ジャガイモには二つのFTに相同な遺伝子があつて、花芽の形成と塊茎の形成に独立に働いているということです。

<今月の花>

ミゾソバ (タデ科)  
*Polygonum thunbergii*  
(2010年10月5日撮影)

ミゾソバは「溝に生えるソバ」を意味するのだろうか、この時期いろいろな所でよく見かけ、花弁のように見える萼の縁取りがピンク色のきれいな花を咲かせる。果実はソバの実を小さくしたような黒く固い殻に入っている。花はきれいだが、花茎には、同じ時期に花を咲かせる近縁のママコノシリヌグイ程ではないにしても、かなり鋭い逆向きの棘が生えており、ひっかくと痛い。

