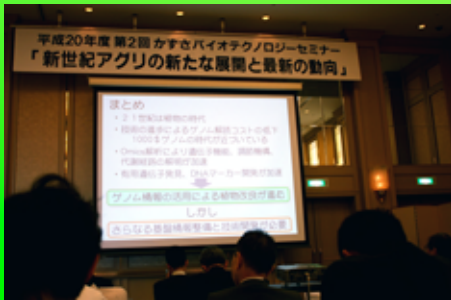


かずさの森から世界へ



2009年1月7日 第13号

＜ニュースレターの発刊一周年にあたって＞

大石道夫 (かずさDNA研究所・所長)

皆様、新年おめでとうございます。

月日の経つのは本当に早いもので、昨年一月に当研究所のニュースレター第一号を刊行して以来すでに一年が過ぎました。この間、ニュースレターについて皆様から有形無形のいろいろなご援助・ご鞭撻をいただきました。研究所を代表いたしまして厚く御礼申し上げます。

第一号に書きましたように、ニュースレターを刊行するに当たりましていろいろな点を検討し、まず第一に当研究所で行われているわれわれの研究内容について少しでも知っていただくこと、そしてそれとともに、現在DNA研究の最前線でどういうことが起こっているかについてもその概要をできるだけ広く知っていただくこと、の二点を主眼として刊行することと致しました。これらの所期の目的がどれだけ達成できたかにつきましてはわかりかねますが、今後も一人でも多くの方に読んでいただけるように、テーマの選び方や記事の内容ならびにその書き方に工夫してニュースレターの刊行を継続して参ります。

つきましては、ニュースレターについて皆様から広くご意見を寄せていただくようにするとともに、寄せられたご意見を少しでも多くの方々に知っていただくようにしたいという考えから、今後「読者の声」欄を設けさせていただくことを検討しております。最新のニュースレターの記事だけでなく、過去のニュースレターの記事に関するご意見でも結構ですので、お気軽にご意見をお寄せ下さい。また、ご意見だけでなく、ニュースレターの記事やDNA研究一般に関する質問でも結構です。

それでは今後とも当研究所のニュースレターをよろしくお願いいたします。

かずさDNA研究所公開講座

昨年11月29日から、本年度のかずさDNA研究所公開講座「DNAが暮らしを変える」を開催しております。第一回と第二回の講座では以下のような講演が行われました。

＜メタボリックシンドロームとDNA＞

ゲノム医学研究室 室長 古閑 比佐志

私たちは東京大学や三菱化学と共同で、メタボリックシンドロームの早期診断と治療後のフォローアップのための診断システムの開発を行なっております。そこで今回の講演では、「メタボリック

シンドロームとDNA」というテーマで話させていただきました。

多くの方のご参加を頂きうれしいうれしい限りでしたが、全ての方にご理解いただける内容でなかったことを、公開講座後のアンケートの結果から反省しております。そこで、これだけは憶えておいて頂きたいという点を以下にまとめます。

1. メタボリックシンドロームは、内臓脂肪の蓄積と、高脂血症・高血圧・糖尿病のいずれかの組み合わせで進行する動脈硬化に起因する多彩な症状のことをいいます。

2. メタボリックシンドロームが更に進行すると、脳梗塞や心筋梗塞になって、命の危険や半身麻痺な

どの重度な障害に見舞われます。

3. 多くの病気が何かしらのDNAの異常に原因があることが現在までの医学研究によって明らかになってきましたが、メタボリックシンドロームも遺伝子の異常と食事などの環境要因が組み合わさることによって生じます。

4. 今までの研究で様々な遺伝子の関与が指摘されていますが、本講演ではアディポネクチンとAIMという遺伝子が重要であることを説明しました。

5. メタボリックシンドロームの予防には食事や運動が重要であることを、アディポネクチン遺伝子との関係や基礎代謝にかかわる遺伝子 (ADRB3遺伝子、UCPI遺伝子など) で説明しました。

<遺伝子の働きをどう調べるか？>

ゲノムバイテク研究室 研究員 櫻井 望

「脳動脈瘤の発生に関係する遺伝子が特定された」「イネの収量の増加に関係する遺伝子がわかった」など、近頃では遺伝子に関わるニュースを多く目にします。研究者はどのようにしてこのように報告される遺伝子を発見し、その働きを調べているのでしょうか？

本講座では、普段は触れられることの少ない、研究現場での具体的な研究方法の一端を少し掘り下げて紹介しました。細胞の中では、遺伝子から作られたタンパク質が実際の働きを担っています。

本講座ではまず、タンパク質の働きに着目して、そのタンパク質を作り出す遺伝子を探す方法を紹介し、次いで、ひとたび遺伝子が特定できると、遺伝子組換え技術などを使って、その機能を詳細に調べて行けることを解説しました。

さらに、病気や作物の形質などに関連する遺伝子を探すためのDNAマーカーの原理やそれを利用した遺伝形質の探索法、DNAチップを用いた遺伝子の振る舞い方の類似性を解析する最新の遺伝子発見方法などについて紹介しました。

ある程度研究手法の詳細に立ち入らざるを得ない専門性の高いテーマでしたが、遺伝子研究に対する理解を深められたとのご好評もいただき、演者の私にとっても挑戦的で有意義な機会であったと感じています。

<身の回りの化学薬品と食の安全>

生体機能応用研究室 研究員 中島 大輔

私たちの身の回りにはたくさんの化学物質があります。生物は生体内での化学反応により多種多様な化学物質を作り出していますが、この反応では酵素というタンパク質が重要な働きをしています。たとえば、私たちが食べたご飯はアミラーゼという酵素によってグルコースに分解されます。このアミラーゼは唾液腺の細胞でアミラーゼ遺伝子 (DNA) から作りだされます。また落花生などの植物では光合成に関連する酵素が葉の中にある細胞中の遺伝子から作られて働いています。さらに、外国産の落花生に発生するコウジカビに近縁のカビの細胞中でアフラトキシンという強力な発ガン物質が作られます。このアフラトキシンはヒトの肝臓の中で毒化されるとDNAに結合し、変異を誘発してガンを引き起こします。このように生物は多種多様な化学物質を作り出したり取り込んだりします。

ところで、近年目覚ましい発展を遂げている質量分析装置は栄養素や毒素などの化学物質の重さを精密に測定することができますので、食品の安全検査などでよく使われています。また、生物中の炭素や酸素や窒素の安定同位体比を検出できますので、生物が食べた物や育った地域を知ることができます。これは、最近問題になっている食品の産地偽装を見破るのに応用されています。

生物が作る物質には未だ知られていないものも数多く、その中には私たちの健康維持や産業応用に重要な物質が含まれている可能性があります。高性能な質量分析装置を用いて様々な生物がつくる多種多様な物質を検出する技術を磨くことが、これらの有用物質の発見につながると考えられます。



研究最前線

トマトのゲノム情報を

品種改良に役立てる

植物分子育種研究室

白澤 健太



トマトは、ナス、ピーマン、ジャガイモ、トウガラシなどと同じナス科に属する作物です。トマトは古くから遺伝研究の材料としても利用されていますが、そのトマトのゲノムを解読しようという国際プロジェクトが進行中であり、かずさDNA研究所も参画しています(ニュースレターの創刊号で紹介しました)。

作物の品種改良(育種)は、主に交配と選抜により行われます。味や収量、病虫害抵抗性などの特性が異なる品種を掛け合わせて、得られた子孫の果実の味や収量を調べ、病気や害虫の接種試験を行い、優れた特性を持つ系統を選抜して新しい品種とします。このような育種は、経験豊かな育種の専門家が行なっても、新しい品種を生み出すまでに膨大な時間と手間がかかります。

ゲノム情報は、この育種にかかる手間や時間を軽減するために役に立ちます。例えば、味や収量、病虫害抵抗性などの特性を決める遺伝子のゲノム上での位置がわかれば、そのゲノム領域のDNAを分析することで、確実に優れた特性を持つ系統を選抜できるようになります。DNA分析は幼苗の段階

で実施することが可能なので、たくさんの子孫を果実が出来るまで育ててから調べる時間と手間を省くことができます。このような育種法は、DNAマーカー選抜育種法と呼ばれています。

DNAマーカー選抜育種法では、品種間のDNA配列の違いを表すDNAマーカーが、どんな順番で並んでいるのかを表した連鎖地図が必要です(ニュースレター第7号でも紹介しました)。すでにトマトでは、野生種と栽培品種を利用して詳細な連鎖地図が作成されており、ゲノム解読プロジェクトで利用されています。しかし、育種に使われる栽培品種は互いに近縁でDNAの塩基配列がよく似ているため、DNAマーカー選抜育種法に必要な連鎖地図が作られていません。

現在、私たちの研究室では、解読されつつあるトマトのゲノム情報を元にして、品種間でDNAの示す「一塩基多型」に注目して、栽培品種の連鎖地図の構築に取り組んでいます。この連鎖地図が完成すれば、トマトをはじめ、ナス科作物の育種効率が飛躍的に向上することが期待されます。



育種途中のトマトと連鎖地図

今月のキーワード(「研究最前線」にでてきた言葉の解説)

一塩基多型：一般に生物個体のゲノムDNAの塩基配列の間にはいろいろな違いがあることが知られています。同じ植物種でも祖先の遠い野生種と栽培品種間では、塩基配列の違いの種類が多いのですが、祖先の近い栽培品種間ではあまり大きな違いがありません。しかし、その植物種の全ゲノムDNAの塩基配列がわかると、品種間や個体間でもっとも高頻度で見られる一塩基の配列の違いも検出できるようになり、利用することができるようになります。一塩基の配列の違いのことを「一塩基多型」(SNP；スニップ)と言います。

DNAマーカー：マーカーとは目印のことです。上に述べましたように、DNAの塩基配列を解析することで品種間や個体間の違いを検出することができますので、それらをマーカー(目印)として育種などに利用するのです。マーカーとなる塩基配列の違いの中には、高頻度で見られるものや低頻度でしか見られないものがあり、また検出の容易なものや検出に時間のかかるものなどがありますので、目的によって使い分けています。

連鎖地図：DNAマーカーが染色体上にどのような順番や間隔で並んでいるのかを表した地図のことであり、この地図の上に、かけ合わせによって種々の品種の遺伝的な形質を位置づけ、DNAマーカーと遺伝的形質との関連がわかるようにします。そのような連鎖地図が作成してあれば、かけ合わせをした後、解析に時間のかかる遺伝的な形質を直接調べなくても、その遺伝子の近傍のマーカーを解析することで容易に判別することができるのです。

時事トピックス

＊第三世代のDNA塩基配列解析装置

これまでゲノム解析で使用されてきたDNAシーケンサーに新しい技術が導入され、一昨年あたりから第二世代と呼ばれる機器が登場して使用されるようになっていますが、最近、ゲノム解析をさらに安価にかつ高速で行うことのできるまったく新しいタイプのDNAシーケンサーが開発され、二三年のうちに発売できるであろうと報告されています。

DNAシーケンサーはDNAのGATCという4種の塩基の配列を自動的に解読する装置であり、そのためのいろいろな工夫がなされてきました。問題の新しいDNAシーケンサーは、Pacific Biosciencesというベンチャー企業が開発しているものであり、DNAをコピーするために必要なDNAポリメラーゼという酵素のたった一つの分子を、直径数十ナノメートル（ナノは十億分の一）という小さな穴に入れ、その中で行われる酵素反応（単分子の反応）を時間を追って追跡し、塩基の取り込まれる順序（すなわちGATCの塩基配列）をリアルタイムで読み取るというものです。

実際の装置が発売されるまでにはまだ解決すべき点があるようですが、このDNAシーケンサーが実用化されると、ヒト一人のゲノムの解読を数分間・100ドル以下で行うことができるのではないかと予想されています。そうなればテラーメイド医療（個人の特質に合わせた医療）が実現できることになるでしょうが、同時に倫理的問題やプライバシーの問題も生ずることが懸念されます。

＊菌根菌や根粒菌が植物と共生するには

多くの植物は、根の組織に入り込んだ真菌類（菌根菌）と恒常的な共生関係を築いています。すなわち、植物は光合成産物の糖類を菌根菌に供給し、菌根菌は土壌から吸収した無機栄養分（窒素やリン、カリウム、鉄など）を植物に供給しています。根のような形をしている菌根菌もありますが、マツタケ（担子菌）、トリュフ（子囊菌）なども菌根菌の一種で、窒素やリンなどの吸収を増加させる働きを持っています。また、マメ科植物は根のこぶのような組織内で生育する根粒菌（細菌の一種）と共生することで、大気中の窒素を利用しています。

農業生物資源研究所のグループは、植物がこれらの菌類と共生するために必要な遺伝子をマメ科植物のミヤコグサで発見しました。この遺伝子の変異すると、根粒菌だけではなく、菌根菌も根の組織内に侵入することができなくなります。この遺伝子は代謝や、根粒菌・菌根菌の維持など共生に必要な多くの遺伝子の発現を調節する因子であり、この遺伝子に制御される遺伝子を解析することで、根粒菌や菌根菌との共生のしくみが明らかになると考えられます。また、この遺伝子はイネにも存在することから、将来イネを根粒菌と共生させる方法の開発にも役立つかもしれません。

このように、共生を支配している遺伝子を調べることで、植物と菌類との共生を効率よく利用することができるようになり、少ない肥料で作物を生育させることが可能になると期待されています。

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

<http://www.kazusa.or.jp/>
e-mail : shakai@kazusa.or.jp

<今月の花>

スイセン *Narcissus tazetta* var. *chinensis*

ヒガンバナ科 2006年1月28日撮影

花言葉：自己愛

