



かずさDNA研究所ニュースレター

第43号

2011年7月7日



千葉中央博物館で開催した公開講座



かずさの森DNA教室

2011年7月20日(水)、22日(金)、
26日(火)に開催します。木更津、
君津、富津、袖ヶ浦の各市に在住・
在学の中高生の参加をお待ちしてい
ます。

ページへのリンク → [かずさの森](#)



公開講座を開催しました

さる6月18日(土)と6月25日(土)に、千葉県立中央博物館(千葉市中央区)との共催により、同博物館を会場として本年度の公開講座を開催しました。公開講座のテーマは、「免疫研究の最前線」(6月18日)と「ゲノム解析から見えてくるもの」(6月25日)で、両日とも外部の講師を含むそれぞれ3名の講師の方々に講演をお願いし、また、講演終了後には「講師を囲む懇談会」を行ないました。

千葉市を中心とした県北地域と県外からの参加者を含めて、両日で約250名の方々に参加していただきました。公開講座の開始前から予想はしておりましたが、多くの方にとって身近な問題である「免疫研究の最前線」は参加者が多く、会場は当初の予定を超える約160名の方々に埋まりました。当日のアンケートに、「会場が不便な場所である」とか、「会場が窮屈である」と書かれた方が多くおられました。参加された皆様にご不便をおかけしまして申し訳ございませんでした。

二日目の「ゲノム解析から見えてくるもの」の参加者はやや少なめでした。しかし、ゲノム解析という、参加された多くの方にとってはなじみの少ない分野の講演で

あるにもかかわらず、講演に対して非常に高度な質問をなさる方がおられたのが印象的でした。また、アンケートの中で講師の配布した資料の間違いを指摘した方もおられました。これらのことから参加された方々のレベルの高さを改めて実感しました。

公開講座の両日とも、講演終了後に「講師を囲む懇談会」を開きました。懇談会に出席された方の数はあまり多くはありませんでしたが、出席された方々は、博物館の閉館時刻まで熱心に議論に参加しておられました。



講演終了後に講師を囲んで話し合う参加者



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

シアノバクテリア・データベース (Cyanobase)

植物ゲノム情報研究室：中尾光輝・中村保一ら

地球上に生命が誕生したのはおよそ40億年前とされていますが、誕生から10億年経ってから（つまりおよそ30億年前）、太陽のエネルギーを利用して光合成を行なうことによって酸素を作り出すシアノバクテリアの祖先が出現したとされています。シアノバクテリアはかつては「らん(藍)藻」と呼ばれ、微細な原始的藻類（微細藻類）であると考えられていました。しかしその後の系統分類学的な解析によって、シアノバクテリアは大腸菌などと同じようにはっきりした核の構造を持たない原核生物であり、膜に包まれた核の構造をもつ真核生物の緑藻や紅藻等の藻類ではないことがわかってきました。そのため現在では、らん藻という呼称の代りに、らん色細菌とか英語のカタカナ表記であるシアノバクテリアと呼ばれています。ただし、研究者によっては今でもらん藻という呼称を使っている人もいますので必ずしもすっきりしていません。

シアノバクテリアは地球上での誕生の起源が古いせいもあって、生息する分布域も細胞の形態も多様であり、中にはまさに藻類を思わせるように、沢山の細胞が数珠玉のようにつながったように見える種類もあります。当研究所でゲノム解析を行なったアナベナというシアノバクテリアはそのような例です（[写真](#)をご覧ください）。また、時々池や沼等で大発生して話題になるアオコ（ニュースレターの2008年第2号をご覧ください）もその主体はシアノバクテリアの一種です。

当研究所は平成6年（1994年）10月に開所しましたが、開所後に最初に取り組んだのが*Synechocystis*という学名（属名）をもつシアノバクテリアのゲノム解析でした。その解析結果は、1年半後の1996年2月に、全長約350万塩基のゲノムの塩基配列情報として公表しました。その後も引き続いて他のシアノバクテリアのゲノム解析を行い、これまでに、アオコを含めて全部で5種類のゲノム解析情報を公表しております。

ゲノム解析の結果得られるゲノムDNAの塩基配列データは膨大な量になります

ので、データの有効利用を図るために、しばしば公表されたデータをまとめて有機的に関連づけた「データベース」が作成され、利用されています。当研究所では、これまでにゲノム解析が行なわれ、ゲノムの塩基配列情報が公開された各種のシアノバクテリアのゲノム解析データを、[Cyanobase](#)というデータベースとしてまとめて公表してきました。このデータベースは、シアノバクテリアの研究者だけでなく、他分野の研究者からも利用されています。

データベースの管理運営は非常に地味な努力を必要とする業務です。まず、収録したデータに誤り（データの生産者に起因する誤りのほか、データを収録する過程で生ずる誤りもあります）がないかどうかを不断に検証する必要がありますし、それに加えて、収録したデータが利用しやすい形式になっているかどうかを検証することも必要です。ただし、一般的に一端設定した表示形式は後々まで踏襲して利用者の混乱を回避する必要がありますので、データベースを使いやすくするために収録・表示の形式を変更・改訂する場合には、従来の形式との継続性をどのように保証して調和を図るかが難しい課題になります。さらに、収録したもとのデータは、多くの場

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～



データベース：データベースとは「データの基地」の意味であり、いろいろな生物現象の背後にどのような共通性があるかを、集大成したデータを利用して探索したり、比較検討できるようにするためにまとめたもので、これまでにさまざまな目的をもつデータベースが作られています。DNAの塩基配列が解読されるようになった1970年代からは、アメリカのNCBI、ヨーロッパのEMBLおよび日本のDDBJという3機関がDNAの塩基配列データベースを国際協力により収録・維持・管理し、誰でも利用できるものとして無料で公開してきました。これがもっとも規模の大きなデータベースです。データベースには、特定の生物種を対象とするもの（例えば、本文に記述したCyanobaseなど）や、特定の生物現象や生物機能を対象とするものなど、さまざまな種類のものがあります。

真核生物と原核生物：細胞の中心部に膜で包まれた核の構造をもつ生物を真核生物と呼び、われわれが通常目にする動物・植物のほとんど（多細胞生物）は真核生物です。核の中には、ヒストンと呼ばれるタンパク質とDNAが結合して存在しており、細胞分裂に際しては高度に凝縮し光学顕微鏡で観察できる染色体となります。これに対して、バクテリアは核の構造をもたず、DNAもはっきりとした染色体の構造としては存在していません。原核生物は単細胞生物ですが、ある種のシアノバクテリアなどでは「群体」の中の細胞に役割分化が見られますし、また他の多くのバクテリアでも、バイオフィームのような膜状の構造の中で「群体」を形成し、細胞間にある程度の役割分化が見られます。

合一定の頻度で常に改訂されていますので、関連する学術雑誌に掲載される報告に目を通し、収録したデータが最新のものになっているかどうかについて注意を払い続ける必要もあります。

当研究所で管理・運営しているデータベースとしては、Cyanobaseを含めて全部で9種類のデータベースがあります。なかでもCyanobaseは当研究所の運営するデータベースとしてはもっとも歴史の古いものであり、当研究所で最初にゲノム解析を行なった*Synechocistis*をはじめ、他の研究機関などでゲノム解析の行われたシアノバクテリアについての分類や生態に関する各種の情報、解読されたゲノムDNAの塩基配列、それぞれのシアノバクテリアを対象として行われた研究の紹介、個々の遺伝子に関する情報（遺伝子の作るタンパク質の性質や比較などについての記述、それぞれの遺伝子について報告されている突然変異、など）を収録してあります。収録したデータは、各種のシアノバクテリアのゲノムや遺伝子について生物情報学的（バイオインフォマティクス）な観点から解析する研究者の利用の便に供することはもちろん、一般の実験生物学者が利用しやすいようにするため、データを視覚的に捉えて見やすくする工夫も重ねてきました。具体的には、シアノバクテリアのゲノムプロジェクトを全体として俯瞰したり、個々のゲノムプロジェクトの詳細を見るためのツール、それぞれの種のシアノバクテリアの遺伝情報全般や個々の遺伝子の特徴などについてわかりやすく表示するためのツール、遺伝子やその産物の機能などを探索するためのツールなどの開発と改良を行なっております。

Cyanobaseは1995年に整備して公表したのですが、それ以来現在までに5回の主な改訂・拡充を行なっており

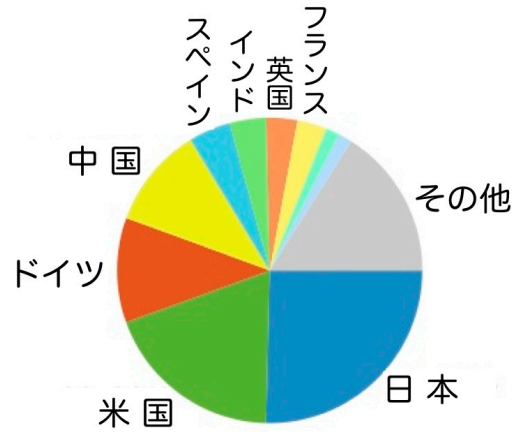


図1：Cyanobaseの国別利用（2010年1月1日-2011年6月30日）

130カ国・地域からの総利用数104,194件のうち、日本国内からの利用者は全体の約25%であり、上位10カ国からの利用者が全体の約84%を占めます。

ます。これらの改訂・拡充につきましては、そのつど論文発表を通じて公表し、同時にデータベースにも記載してきました。現在のCyanobaseには、これまでに解析され発表された合計35種類のシアノバクテリアのゲノム解析データ（総計2億6,700万塩基）が収録され、利用者には供されています。図1には、Cyanobaseがどの国の研究者によってどれくらい利用されているかを示してあります。日本国内からだけでなく、国外の多くの研究者によっても利用されていることがおわかりいただけると思います。

【ここに紹介したのは、2009年10月に学術雑誌Nucleic Acids Research誌に発表した「Cyanobase：シアノバクテリアゲノムデータベース・2010年更新」という論文（原文は英語）の概要です。】

◆ どんなゲノム こんなゲノム ◆

* アコヤガイで発現している遺伝子の解析（2011年のPLoS One誌で発表）

アコヤガイは*Pinctada fucata martensii*という学名をもつウグイスガイ科アコヤガイ属の二枚貝であり、古くから日本の太平洋岸の各地や、アジア諸国やインド等で天然の真珠の採れる貝として知られてきました。19世紀末に、御木本幸吉により人工的に貝片を挿入することで真珠を作らせる技術が開発され、いわゆる養殖真珠が生産されるようになったことはよく知られています。しかし、アコヤガイの体内で実際に真珠ができてくる過程は複雑であり、アコヤガイの多くの遺伝子が関与していることが推測されています。今回東京大学大学院農学生命科学研究科の研究者らが、真珠のもととなる炭酸カルシウムの結晶がどのようにしてプリズム層や真珠層と呼ばれる層構造を経由して真珠の形成に至るのかについて、アコヤガイで実際に発現している遺伝子を調べて解析しようと試みました。そのためにこれらの研究者らは、外套縁膜とか真珠袋と呼ばれる真珠の形成に関与する組織の細胞からメッセンジャーRNAを抽出し、その塩基配列を第二世代シーケンサーで解析しました。その結果得られた26万あまりの塩基配列データから、外套縁膜や真珠袋でより強く発現している3万弱の候補遺伝子が得られました。その中には、真珠層でもっとも強く発現している遺伝子として、ガラクトース結合型レクチンに似たタンパク質を作る遺伝子など、いくつかの特徴あるタンパク質を作る遺伝子が同定されています。今後これらを解析していくことで、アコヤガイの真珠の形成の秘密が解き明かされるのでしょうか？



トピックス

イネの体内リズムに関与する遺伝子

地球は24時間周期で自転しており、また一年周期で太陽の周りを回って（公転）いることはよく知られていることです。この地球の自転や公転が生物のもつさまざまな活動のリズムに影響していることはかなり古くから注目されており、動物だけでなく、カビや植物などでも、日周活動のリズムのもとになる「時計遺伝子」が発見されて研究されてきております。高等植物のモデルとして最初にゲノム解析が行なわれたシロイヌナズナでは、体内時計の遺伝子の突然変異株が分離されており、その生育への影響等が研究されています。

最近、独立行政法人・農業生物資源研究所は、東北大学や理化学研究所と共同で、イネの体内リズムが乱れる表現型を示す突然変異株を分離・同定し、その原因がイネの体内時計に関連するOs-GIと名付けられた遺伝子の機能の消失によるものであることを発見しました。自然環境下で栽培したイネの遺伝子の発現を、遺伝子から作られるメッセンジャーRNAの量を測ることで調べますと、正常なイネでは遺伝子の発現のパターンが24時間周期で徐々に変動するのですが、Os-GI遺伝子の機能が失われて体内リズムの乱れた突然変異株では、多くの遺伝子の発現の日周変動に異常が見られ、Os-GI遺伝子がイネの体内のリズムに関与していることを示していることがわかりました。

植物の多くでは日長時間の変化によって開花時期が定まっていますが、イネはもともと日長時間の変化の少ない赤道付近の地方の原産であり、温暖な地方では二期作や三期作が可能です。しかし、田植えの時期を遅くしてOs-GI変異体を栽培しますと収量の低下が認められました。これは、体内リズムを維持する能力が弱くなったため、環境変化というストレスの影響を受けたのであろうと説明されています。これらのことから、異なる時期の作付けや栽培地域に適した品種育成を進める際には、体内リズムを指標として選抜することで、環境適応能力の高い品種を得ることができると期待されます。

DNAシーケンサーの犯す誤り

これまでこのニュースレターでもたびたび紹介してきましたが、生物のゲノムDNAの塩基配列を決定し、その生物のもつ遺伝子にどのような特徴があるかということなどを解析するためには、いかに早くかつ容易に塩基配列決定を行なうかということが重要になります。数年前から「第二世代シーケンサー」（[ニュースレター2009年8月号](#)を参照して下さい）が登場し、いろいろな利用法が開発されています。これらのDNAシーケンサーの特徴は、それまでのサンガー法と呼ばれる塩基配列決定法では不可欠であったDNA断片のクローニング（プラスミド等に埋め込んで、大腸菌で保存し、必要に応じて増やして塩基配列決定に用いる）が不必要であることでしょう。その一方で、一つの塩基配列決定反応における「読み取る塩基の長さ」が短いことが問題点としてあげられますが、反面、解析できる試料の数は膨大であり、一回シーケンサーを運転すると総計数十億塩基という膨大な量の塩基配列情報が得られるのです。

このような特徴をもった第二世代シーケンサーの使い道の一つとして、ヒトのSNPs（一塩基多型；個体間で見られる一塩基の差異）の解析や、いろいろな組織で発現している遺伝子の網羅的な解析（すなわち、メッセンジャーRNAの塩基配列解析）などがあげられます。そこで問題となるのがシーケンサーの精度です。もし間違いが全くランダムに起るものであれば、第二世代シーケンサーの特徴である「解析量の膨大さ」で平均化できますので問題はあまり深刻ではありません。しかし今回、第二世代シーケンサーのうちもっとも広く使われている機種から得られるデータを解析した結果、解析対象のDNA中に特定の塩基配列があると、その近傍でシーケンサーが誤りを犯す癖のあることを奈良先端大学院大学の研究者等が世界に先駆けて見いだしました。

今後、見いだされた塩基配列の近傍で何故誤りを犯すのかという原因が解明され、それによってDNAシーケンサーの塩基配列決定の精度を向上させることができれば、それによって、上述した各種の研究や解析は大いに進展するでしょう。



コ克蘭 (ラン科)
Liparis nervosa
(2010年7月10日撮影)

ランの仲間には変わった形の花を咲かせるものが多い。有名なサギソウとかクマガイソウなどはその代表的なものだが、ここに示したコ克蘭の花もかなり風変わりなものであり、およそ通常の花からは想像できないような形をしている。コ克蘭という名前は花の色が時にかなり暗紫色であるから付けられたのだろう。幸いにあまり盗掘の対象にはなっていないようで、林の隅等にひっそりと咲いている。