



かずさDNA研究所

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 : 0438-52-3930 FAX : 0438-52-3931
<https://www.kazusa.or.jp/>
E-mail : kdri-kouhou@kazusa.or.jp



かずさDNA研究所ニュースレター 第97号
発行日/令和8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・教育支援グループ

ニュースレターは以下のサイトからご覧いただけます。

<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

ニュースレター

vol. **97**
Oct.2026

特集

応用。プロテオミクスグループ
タンパク質から生命と病気を読み解く



ニュースレター

vol. 97

Oct.2026



もくじ

所長のつぶやき	1
活動報告	2
研究所で働くヒトたち	4

- ・木村 天治 主任技術専門員
(先端研究開発部 オミックス医科学研究室)

特集 応用プロテオミクスグループ ～タンパク質から生命と病気を読み解く～

研究成果PICK UP

- ・小さな魚が難病解明の鍵に！ゼブラフィッシュで
若年性認知症の再現に成功 7
- ・日本の林業を支えるヒノキ・スギ・コウヨウザンの
染色体レベルのゲノム解読に成功！ 7
- ・食品の材料をタンパク質から検出する新手法を開発 8

分析機器紹介 8

世界おもしろ研究 9

研究者よもやま話 10

林 哲也 九州大学名誉教授

7月から、150人を超える全職員を対象とした面談を始めました。研究員だけでなく、研究所の開所準備の頃から在籍されている技術職員や事務職員の皆様ともお話しする機会を得て、一人ひとりの顔と名前を覚えることができました。また、研究所が担ってきた研究や事業についても、改めて理解を深めることができました。30年余りにわたる研究所の歴史は、ゲノム解読技術とその応用技術の発展の歩みと重なっています。その発展を支えてこられた職員の皆様に、深く敬意を表します。現在、私たちは複雑な生物を除けば、DNA情報を高い精度で解析できる時代を迎えています。改めて見渡してみると、私たちは自らも含め、驚くほど多様なDNAを持つ生物に囲まれて暮らしています。解析技術は大きく進歩しましたが、今後はそこから得られる情報や機能をいかに活用していくかが重要です。新旧の職員が力を合わせ、新たな発想と問題意識を持って、この挑戦を続けたいと思います。

所長のつぶやき



所長
佐藤 和広

活動報告

千葉県内バイオ研究基盤の構築に向けて ～千葉大学らと連携協定を締結～



かずさDNA研究所は、千葉県のバイオテクノロジー分野の研究開発活性化とバイオ分野の人材育成強化を目的として、千葉大学、株式会社千葉大学コネクと包括連携協定を締結し、6月29日に千葉県庁で記者会見を行いました。本連携では、1) かずさDNA研究所がもつ最先端解析機器の共同利用による分析・解析の連携、2) 若手人材育成を目的とする実践的な技術トレーニングなどに取り組み、研究開発基盤の強化と次世代を担う人材の育成を推進します。

さらに、私たちは今回の千葉大学との取り組みを先駆的なモデルとして、千葉県内の他の公的研究機関や民間企業とも同様な枠組みでの連携の輪を広げていきます。そして、県内全体のバイテク研究開発基盤の底上げや連携体制(cAGORA)の拡充を押し進め、近い将来千葉県をバイオテクノロジー分野の一大拠点へと発展させることを目指します。



左より千葉大学コネク 山本 智久 社長、かずさDNA研究所 田畑 哲之 理事長、千葉大学 横手 幸太郎 学長



最先端解析機器と講習実験室

活動報告

高校生部活動支援プログラム



かずさDNA研究所では、ゲノム科学・生命科学分野の人材育成を目的として、2024年度より「高校生部活動支援プログラム」を実施しています。千葉県内の高校および全国のSSH指定校・経験校を対象に、最長2年間、1テーマあたり最大100万円の研究活動費を支給するほか、科学教育アドバイザー(シニア研究者)による指導や助言を行います。

今年度は、2校の研究テーマを採択しました。まず、千葉県立安房高等学校のテーマは「メタバーコーディングを用いたキョンの食性の解明」です。千葉県で生息数を増やしている特定外来生物キョンの消化器内容物に含まれるDNAを解析し、食べている植物を明らかにすることで、生態系や農業への影響の解明を目指します。次に、東邦大学付属東邦高等学校のテーマは「環境DNAを用いた特殊な環境に生息する貝類の探索」です。河川や洞窟内などで採取した水に含まれるDNAを利用して発見が難しい貝類の分布を調査するとともに、高校の部活動でも実施できる簡便な調査手法の確立を目指します。

今後、それぞれの研究がどのように発展していくのか期待されます。本プログラムは例年4月から募集していますので、生命科学分野の研究に取り組む部活動の皆さん、ぜひご応募ください。



高校生部活動支援プログラムのHP▶



その他の広報活動報告は研究所 HP お知らせ一覧内「アウトリーチ活動」をご覧ください





活動報告

生命科学講座第6シリーズのご報告



かずさDNA研究所は、生命科学の楽しさや社会での重要性を一般の皆様にお伝えするため、オンラインによる「生命科学講座」を開催しています。

今年の4月から8月まで、本講座第6シリーズとして「生物学からがんを知る」をテーマに、第1回(4月)「DNAから学ぶがんの基本」(かずさDNA研究所 平岡桐子グループ長)、第2回(6月)「がんを進化で読み解く」(千葉県がんセンター研究所 末永雄介室長)、第3回(8月)「DNA データとコンピュータによって革新されるがん治療」(国立がん研究センター研究所 加藤護分野長)の3回の講義を毎月10日間配信しました。全国から事前登録された受講希望者が、期間中いつでもアクセスすることができ、9月の見逃し配信も合わせて942回視聴されました。受講者からは、「がんだけでなくDNAについてよく理解できた」、「がんが生命進化と深く結びついていることが興味深かった」、「計算科学の発展はバイオテクノロジーや医療にも大きな貢献があることがわかった」などのご感想やご質問をたくさんいただきました。

10月に始まる第7シリーズは、「宇宙と生命の未来～地球生物はどこまで宇宙に適応できるか～」と題して、地球の1Gに適応してきた生物が無重力や低重力環境でどのような影響を受けるのか、どこまで適応できるかを探ります。受講の申し込みをお待ちしております。

【シリーズ Q&A】

<https://www.kazusa.or.jp/course/qa/>



【第7シリーズ】

<https://www.kazusa.or.jp/course/>



活動報告

「夏休み親子でDNA研究所見学会」を開催

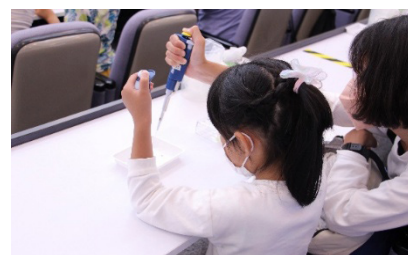


7月25日(土)に小・中学生と保護者の皆さんを対象に、夏休み特別企画として研究所の見学会を開催しました。当日は57名の親子にご参加いただきました。

DNAと聞くと、「難しそう」というイメージを持つ方も多いのではないのでしょうか。そこで今回の見学会では、DNAをぐっと身近に感じていただける体験型プログラムを実施しました。身近な食べ物からのDNA抽出実験では、目に見えないDNAが姿を現す瞬間に、子どもたちから歓声が上がりました。また、実験室や最先端の研究機器も特別に公開し、研究者たちの現場を体感していただきました。顕微鏡観察コーナーでは、植物やヒトの細胞をじっくり観察し、普段は見ることでできない小さな世界を楽しんでいました。

参加された皆さんからは、「DNAのことがよくわかって嬉しかった」「千葉県内にこんな研究所があるとは知らなかった。将来は私もここで働いてみたい!」など、嬉しい声が寄せられました。

今回の見学会を通して、DNAや科学の面白さを身近に感じ、科学への興味を深めていただく機会となりました。今後も、地域の皆様にDNA研究の面白さや重要性をわかりやすくお伝えし、科学に親しんでいただける機会を提供してまいります。



研究所で

働くヒトたち

このコーナーでは、研究所で働いている研究員や技術専門員の皆さんに、どうしていまの仕事に就こうと考えたのか、普段どのようなことをしているのか、インタビューをしていきます。



先端研究開発部
オミックス医科学研究室
木村 天治 主任技術専門員

一期生が語る「ゼロからの立ち上げ」

中学生の頃、電子工作やものづくりが好きだったため、高等専門学校の電子系学科への進学を考えていました。一方で、母が遺伝に関わる病気を患っていたこともあり、地元DNA専門の研究所ができるという噂を聞いて「せっかくなら一期生で入りたい!」という思いが強くなり、植物組織培養の実験室を備えた君津農林高校(当時)にて恩師である宗政先生の指導を経て、バイオ系の専門学校へ進学しました。そこで出会った同期の友人を誘って、「研究所について詳しい話を聞かせてほしい」と県のアカデミアパーク推進室に直接電話をかけて訪問しました(笑)。まだ職員募集が始まる前だったにもかかわらず、自ら行動を起こしたことが転機となり、採用試験を経てトントン拍子で初代所長の高浪先生との面談が決まり、研究所の技術員一期生として加わることになりました。しかし、当時研究所は建設中だったため、名古屋大学の研究室や遺伝子実験施設で1年間研修と研究所立ち上げの準備を行っていました。現在の研究所が完成した時には、16台(最多で34台)のDNAシーケンサー(DNAの塩基配列を解析する装置)が活躍する施設の構築と維持管理に携わることができました。

現場の課題を解決! 一解析作業を3日から30分へ

入所して以来、DNAシーケンサーの技術革新の歴史を横で見続けてきました。私が勤め始めた頃はまだ自動化機器が普及しておらず、放射性同位元素を使って手作業で分析している人もいましたが、そこから蛍光標識への移行、ガラス板を用いた電気泳動法からキャピラリー(毛細管)型へ、そして全く異なる原理による次世代型シーケンサーへと移り変わっていきました。現在は、オミックス医科学研究室に所属して、高性能計算機を用いた免疫関連の研究データ解析やサポートを担当しています。最初は、膨大なデータの処理に3日ほどかかっていましたが、研究所が誇る恵まれた計算機資源とこれまでに培ったバイオインフォマティクスのスキルを使って、一

連の複雑な解析ステップを一括で処理するパイプラインを構築、約30分後には解析結果が自動的に出力されるようになりました。研究員がデータ解析やルーチン作業に時間を取られず、本業の研究に専念できる環境を作れたことは、とてもやりがいを感じました。

教育もゼロから一出前講座づくりへの挑戦

研究所に新たに広報・社会連携チーム(当時)が設置された時には、出前講座のカリキュラムづくりにもゼロから携わりました。出前なのでポータブルの実験機材が無ければ、皆でアイデアを出し合いながら自作しました。スライド1枚、説明文1つにしても、「どうすれば中高生にわかりやすく伝わるか」を徹底的に突き詰めました。過去に出前講座を受けた高校生が、後に大学院を出て研究者となり、先端研究の世界で活躍している姿を見ると、自分たちが作ってきたカリキュラムが、次の世代のサイエンティストを生み出すきっかけになっていると知って、本当に胸が熱くなりました。

「モータースポーツ」への情熱

私が一番長く情熱を傾けているのは「ジムカーナ」です。これは舗装路面に三角コーンなどで設定したコースを1台ずつ走行して1/1000秒まで競うモータースポーツです。以前は横浜ノースドックや横田基地内で行われるローカルイベントに通っていましたが、2000年代からはJAFの公式戦に本格参戦しました。最近



雨に助けられて優勝(もてぎ)



タイムを稼ぐ360°ターン(備北)

はパーツ代やガソリン代の高騰、若者の車離れなどもあって半分引退状態ではありますが、今でも年に1回は仲間と筑波サーキットの一角を借り切り、自作のタイム計測装置を持ち込んで練習会の主催を続けています。

応用プロテオミクスグループ ～タンパク質から生命と病気を読み解く～

私たちの体や細胞の中では、数万種類ものタンパク質が働いています。筋肉や骨の材料になるもの、栄養を分解する酵素、外敵から体を守る抗体など、その役割はさまざまです。DNAが生命の「設計図」だとすれば、タンパク質は、その設計図をもとに実際に働く「担い手」といえます。そして、どのタンパク質が、いつ、どこで、どのくらい存在し、どのように変化しているのかを網羅的に調べる研究が「プロテオミクス」です。

タンパク質を調べる

「DNA研究所で、なぜタンパク質を調べるの?」と思われるかもしれません。DNAの配列が同じでも、細胞の種類や年齢、病気、薬、生活環境などによって、実際に作られるタンパク質の量や状態は変化します。生命現象を理解するには、設計図であるDNAだけでなく、その情報が最終的にどのような働きとして現れているのかを見ることが重要です。ゲノム解析で得られた情報とプロテオミクスを組み合わせることで、生命の仕組みをより立体的に捉えることができます。

では、実際にタンパク質はどのように調べるのでしょうか。その鍵となる機器が「質量分析計」です。質量分析計は、分子をイオン化、つまり電気を帯びた状態にして、その質量を非常に高い精度で測定する装置です。かつては、タンパク質をはじめとする生体高分子を、分解や断片化を抑えながらイオン化し、質量分析計に導入することは困難でした。この課題を異なる方法で解決したのが、日本の田中耕一氏と米国のジョン・フェン氏です。田中氏はレーザーを利用する「ソフトレーザー脱離イオン化法」を、フェン氏は溶液を細かな霧にして分子をイオン化する「エレクトロスプレーイオン化法」を開発しました。これらの技術によって、生体高分子を大きく壊すことなくイオン化し、質量分析計で測定する道が開かれました。この功績により、両氏は2002年にノーベル化学賞を受賞しました。

応用プロテオミクスグループでは、先人たちによって築かれてきた質量分析技術を用いて、試料中に含まれる多数のタンパク質を一斉に測定しています。現在は、高感度かつ高速な測定が可能な最新鋭の質量分析計を複数台備え、世界トップクラスのプロテオミクス研究環境を整えています(表紙、図1)。私たちが扱う試料は、細胞、組織、血液、糞便など多岐にわたります。希少疾患、小児疾患、免疫・アレルギー、がん、感染症などを対象に、患者さんと健康な方、治療前と治療後などのタンパク質の違いを調べ、病気の仕組みや治療効果を理解するための手がかりを探しています。

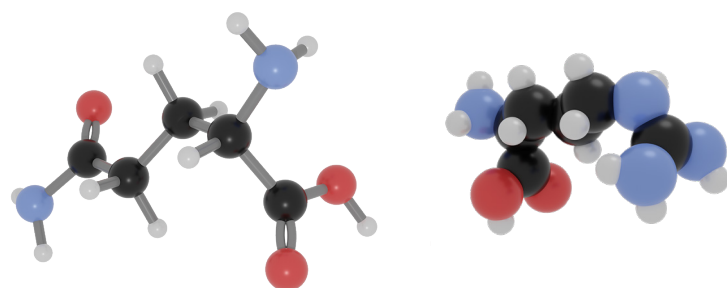
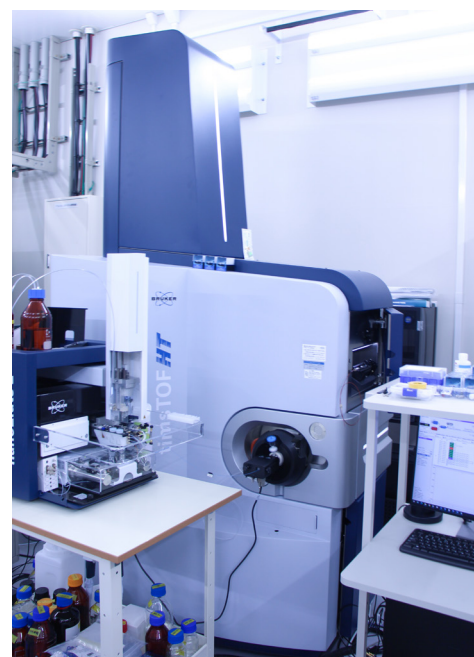


図1 最新鋭の質量分析計



新生児スクリーニング検査法の開発

当グループが特に力を入れているのが、乾燥ろ紙血を用いた次世代の新生児スクリーニング検査法の開発です。乾燥ろ紙血は、赤ちゃんのかかとから採取したごく少量の血液をろ紙に染み込ませたもので、現在の新生児スクリーニングにも利用されています。わが国では現在、20疾患を対象とする新生児スクリーニングが行われています。さらに、重症複合免疫不全症や脊髄性筋萎縮症などを対象とする拡大スクリーニングも各地で進められており、対象疾患のさらなる拡大が期待されています。私たちは、この小さな血液スポットからタンパク質を効率よく取り出す独自技術を開発し、6,000種類を超えるタンパク質を一度に検出することに成功しました。このプロテオミクス計測技術を用いることで、乾燥ろ紙血に含まれる数千種類のタンパク質を一斉に測定し、その中から先天性疾患の原因遺伝子がコードするタンパク質を直接調べ、その欠損や量的変化を捉えることができます。これにより、既存の検査だけでは捉えにくい病気の兆候を見つけたり、これまで知られていなかった新たな疾患指標を発見したりできる可能性があります。現在、当グループでは、京都大学および岐阜大学の小児科と共同で、3年間に1万検体を超える新生児の乾燥ろ紙血を解析する大規模研究を進めています。目指しているのは、現在の新生児スクリーニングを置き換えることではなく、プロテオミクス計測技術を用いることによって、その可能性をさらに広げることです。将来は、代謝物検査や遺伝学的検査と組み合わせ、より多くの病気の兆候を出生後の早い段階で捉え、速やかな診断や治療につなげる「プロテオ新生児スクリーニング検査」の実現を目指しています(図2)。

プロテオ新生児スクリーニングの実現に向けて 乾燥ろ紙血プロテオミクスによる先天性疾患の早期発見

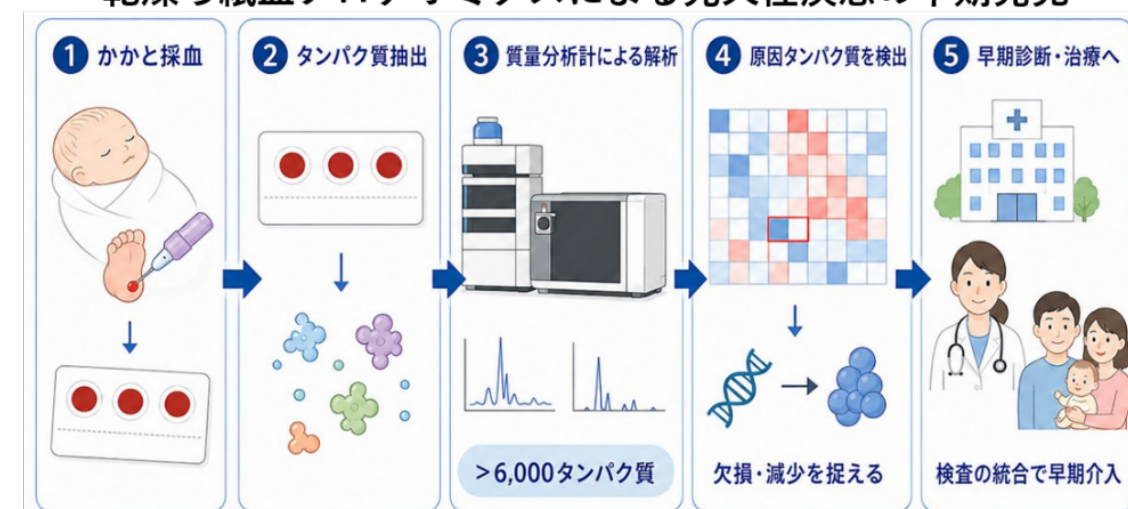


図2 プロテオ新生児スクリーニング検査

また、プロテオミクス技術のもう一つの応用先として、食品の安全性や信頼性を確かめる検査への展開も進めています。当グループでは、質量分析計で得られた情報からタンパク質断片のアミノ酸配列を直接推定する「デノボシーケンシング」を用い、あらかじめ対象とする生物種を決めることなく、食品に含まれる生物由来成分を探索する新しい検査法を開発しています。この技術を、未知の混入物や食品偽装の検出に加え、DNA解析が難しい加工食品の検査にも役立てることを目指しています。

以上のように、私たちはプロテオミクスの計測技術をさらに磨きながら、その成果を社会課題の解決に生かす研究を進めています。タンパク質が持つ膨大な情報を、より良い検査・診断・治療、そして安全な暮らしに役立てていくことが、応用プロテオミクスグループの目標です。



研究室のメンバー

小さな魚が難病解明の鍵に!ゼブラフィッシュで若年性認知症の再現に成功 千葉大学、量子科学技術研究開発機構との共同

CADASIL(カダシル)は、脳の細い血管が傷つき若年期から脳梗塞や認知症を引き起こす深刻な病気で、国の指定難病の一つです。その原因はNOTCH3という遺伝子の異常ですが、様々な遺伝子の変化があり、なぜ血管が悪くなって病気が進むのかははっきりとわかっていません。マウスを用いた従来の研究では、ヒトで見られる記憶障害や脳萎縮を十分に再現できないという課題がありました。そこで、かずさDNA研究所の研究チームらは、ヒトに近い血管構造や老化過程を持ち、生体で脳血管を観察できるゼブラフィッシュに着目し、ゼブラフィッシュで病気を再現して、進行する仕組みを解明することを目指しました。



本研究によって作製されたCADASILゼブラフィッシュを解析した結果、加齢に伴って脳の血流が減り、記憶力が低下し、脳が萎縮するといったヒトと共通する病気の経過をたどることが確認されました。また、脳では、血管を支える役割を持つ「IV型コラーゲン」とそれに関係する物質が減少していることがわかりました。さらに、このタイプは日本を含む東アジアに多く脳出血を起こしやすい患者に共通する特徴であることが示されました。

この発見は、これまで根本的な治療法がなかった本疾患の新たな治療ターゲットの特定につながることで期待されます。

日本の林業を支えるヒノキ・スギ・コウヨウザンの染色体レベルのゲノム解読に成功! 森林総合研究所林木育種センター、九州大学との共同

スギやヒノキに代表される「針葉樹」は、建築材や内装材をはじめ、さまざまな木材製品に利用される重要な森林資源です。最近では、成長の早いコウヨウザンも新たな造林樹種や木材資源として注目されています。しかし、これらの樹木の品種改良には、数十年にわたる長い時間がかかります。この時間を大幅に短縮するカギとして期待されているのが、生物の設計図ともいえるゲノム情報です。

本研究では、ヒノキ(87億塩基対)、スギ(96億塩基対)、コウヨウザン(134億塩基対)の3種の巨大なゲノムのすべての染色体について、高精度な塩基配列の決定に成功しました。その結果、3種の樹木が持つ11本の染色体のうち3本の染色体でDNAの並び順が入れ替わっていることが明らかになりました。このことは、3種の樹木が進化の過程で分かれてきた背景を理解する重要な手がかりになると考えられます。

本研究の成果は、優れた特徴を持つ木を苗木の段階でDNA情報を手がかりにして選ぶための技術開発の重要な基盤となり、林業における品種改良の効率化に貢献することが期待されます。



本研究の対象とした針葉樹3種。
左上：ヒノキ、右上：スギ、左下：
コウヨウザン

食品の材料をタンパク質から検出する新手法を開発 (株) エービー・サイエックスとの共同

食品の安全確保や食品偽装防止には、食品の成分として含まれる生物種を正確に特定することが重要です。しかし、従来のDNA検査では、加熱や発酵によってDNAが壊れると分析が難しくなるという課題がありました。

そこで、かずさDNA研究所の研究チームは、DNAではなくタンパク質に着目し、質量分析計で測定したペプチド配列(タンパク質を作るアミノ酸の配列)から、含まれる生物種を特定する新しい検査法を開発しました。この方法では、特定の生物種をあらかじめ想定せず、測定データからペプチド配列を直接決定する「デノボペプチドシーケンシング」技術を利用し、これによって生物種の候補をある程度絞り込んだ後、詳細な種同定と定量を行います。測定条件を最適化することで、1回の測定で1,000種類を超える高信頼度のペプチド配列を取得することができました。牡蠣エキス入りしょうゆで検証した結果、表示原料のダイズ、ホタテ、マガキに加え、製造工程に関係する微生物も検出できました。

本手法は、未知の原料や異物、生物由来成分を幅広く検出でき、特にDNA分析が難しい加工食品の安全性確認や食品偽装防止への活用が期待されます。



分析機器紹介

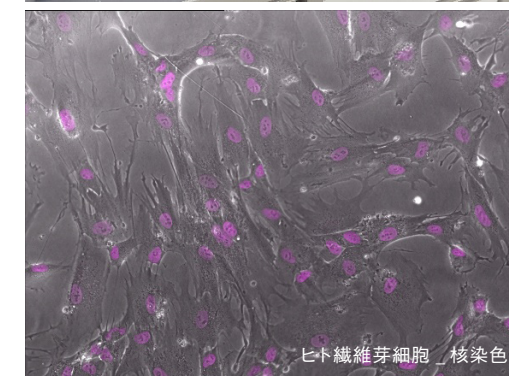
オールインワン蛍光顕微鏡(キーエンス社製)

蛍光顕微鏡は、励起光と呼ばれる特定の波長の光をスライドグラス上の試料に当てて、それによって試料が発する蛍光を観察する顕微鏡です。可視光では見ることができない細胞内の微細な構造や、蛍光色素を結合させたタンパク質など生体内分子の細胞内、組織内の分布を高感度に観察することができます。

今回ご紹介するオールインワン蛍光顕微鏡は、従来型顕微鏡本体のすべてのパーツや制御系、カメラなどが一体化されてボックスに収納されています。そのため、明るい部屋でも簡単に細胞や組織を蛍光や可視光で観察し、画像の撮影や画像データの解析を行うことができる高性能なデジタル顕微鏡システムです。一般の皆様にもこの顕微鏡で観察した細胞の画像をご覧いただけるよう実習のメニューを検討中ですので、かずさDNA研究所の所内見学や所内実習にぜひお越しください。



蛍光顕微鏡本体



ヒト繊維芽細胞 核染色

その他の研究成果は研究所お知らせ一覧内「研究開発」をCHECK!



世界おもしろ研究

クローン羊ドリー誕生から30年

1996年7月5日にクローン羊ドリーは誕生しました。成体の細胞からクローン化された最初の哺乳類であるドリーについての論文は、翌年の*Nature*誌2月27日号に掲載され、そのニュースは一般紙をも賑わせました。ドリーの誕生につながる重要な実験を行ったのが、2012年に山中伸弥教授と共にノーベル賞を受賞したイギリスの発生生物学者ジョン・ガードンです。ガードン博士は1950年代に、アフリカツメガエルを用いて、核を取り除いた卵に分化した細胞の核を移す実験を行い、細胞が分化しても、核には個体全体をつくるために必要な遺伝情報が保持されていることを示しました。

ドリーは、この考えを哺乳類で実証した成果です。核を取り除いた羊の未受精卵に、成体の乳腺細胞から取り出した核を移し、できた胚を別の羊(代理母)の子宮に移植しました。成功率は非常に低く、その理由の一つとして、分化した細胞の核の状態を発生初期段階に近い状態へ戻す「初期化」の難しさがあげられます。「初期化」の過程では、DNAに付加された化学修飾や染色体の状態などを適切に変化させる必要があります。こうした細胞の初期化の研究はiPS細胞の開発にもつながり、再生医療などの研究へと発展しています。

現在も、細胞の初期化には多くの謎が残されており、クローン動物における発生異常を減らすことが課題となっています。また、この技術をヒトや動物に利用する際には、生命を人為的に操作することの意味についても考える必要があります。



国立スコットランド博物館に展示されるドリーの剥製
Wikimedia Commons (Public Domain)

2026年7月6日 *Nature*

70万年前の古環境を環境DNAで再現する

カナダの研究グループは、カナダ西部ユーコン準州クロンダイク地域の永久凍土層に保存されていたジリス(木の上ではなく地上で生活するリス)の糞(ふん)のDNAを解析しました。すると、糞をしたジリス自身だけでなく、食べていた植物や、周囲に生息していたと考えられるウサギ、ウマ、ステップバイソン、マンモスなどの動物、さまざまな昆虫、微生物などのDNAを検出することができました。最も古い試料は約70万年前のチバニアン期のもので、後期更新世に北半球に広がっていた「マンモス・ステップ」と呼ばれる草原・ステップツンドラの生態系を知る手がかりにもなっています。

過去の環境を知るには、これまで花粉や化石などが利用されてきましたが、近年では土壌や湖の堆積物に残された古代DNAから、そこに生息していた生物を調べる方法も使われています。今回興味深いのは、動物の糞そのものを「過去の生態系を記録したタイムカプセル」として利用していることです。糞をした動物自身のDNAに加え、食物や腸内微生物、周囲の環境に由来するDNAも含まれているため、当時の生態系をよりリアルに復元することができます。

今後、他の方法による知見と組み合わせることで、過去の生態系をさらに立体的に復元できると考えられます。そして、さまざまな時代や地域について研究が進めば、気候が変化したときに、生物種の分布や食物網がどのように変化したのかを深く知る手がかりにもなることでしょう。

2026年6月9日 *Nature Communications*

分析された糞試料とその年代

年代	地質年代*	コメント
約 70 万年前	MIS 16/18	最古の生態系・古いリス系統の DNA
約 8 万年前	MIS 4	寒冷期の生態系 / 更新世の動植物 DNA
約 3.1-2.9 万年前	MIS 3	マンモス・ステップ
約 1.7 万年前	MIS 2	氷期末期 / 多様な DNA
682 年前	完新世	森林化・現在に近い環境

* MIS (海洋酸素同位体ステージ) : 海底の層などから測った酸素同位体の比率で古気候を分けたもので、奇数は間氷期、偶数は氷期をあらわす。

よもやま話 研究者

論文発表を巡る悲喜こもごも

研究の世界では論文発表を巡る競争がしばしば生じる。論文は新知見を発表する場であり、同じことに興味を持つものがいれば当然競争となる。注目度の高いテーマであれば尚更である。

細菌学やゲノム微生物学の分野で50年近く研究生活を送ってきた私もこういった経験を重ねてきた。先んじて論文発表できたこともあるが、肝心なところでは逆の場合の方が多かったように思う。ここでは、極めて世俗的な話題にはなるが、そういった経験の一つを紹介してみたい。

1997年からJSPS(日本学術振興会)未来開拓事業の中で病原細菌のゲノム解析プロジェクトが始まり、私は1996年に大阪府堺市で大集団感染を引き起こした病原性大腸菌O157堺株の解析を行うことになった。同じ頃、米国のグループもO157のゲノム解析を開始していた。彼らは大腸菌実験室株K-12のゲノム解析で日本の研究グループに先んじて配列を決定した実績を持つグループである。しかも、O157のゲノムは、志賀毒素という強力な毒素をコードするファージ(細菌に感染するウイルス)が感染していること以外はK-12株と同じようなものであろうと考えられていたので、スピード勝負の厳しい競争になることは覚悟していた。ところがO157の染色体上には志賀毒素ファージ以外にも非常によく似たファージが多数存在したために非常に難しい解析となり、ロングPCRなど最新技術を動員して、1999年にやっと完全長配列を得ることができた。そして、この年の秋に行われた国際学会で発表を行ったのであるが、これには米国側のリーダーも参加しており、我々のポスターを見に来て、「我々の配列はまだ完全になっていない、おめでとう。」と言ったのである。これを聞いて歓喜したことは言うまでもないが、この先に厳しい現実が待っていた。年開けの1月半ばに別の国際会議があり、直前に論文を書き上げてから会議に出かけたのだが、米国の研究者から「米国のO157ゲノム論文は*Nature*誌に受理されており、間もなく発表になる」という衝撃情報が入ったのである。そこからは大混乱で、とにかく*Nature*に論文が出る前に論文投稿ということで、かずさDNA研究所が発行している*DNA Research*誌に投稿することになった。結局、我々の論文発表は2ヶ月遅れたのである。

こうして我々のO157ゲノムを巡る競争は悲しく幕を閉じたのであるが、米国側の配列はギャップだけでなく、アッセンブル(連結作業)のミスも何箇所もあるような配列であった。しかし、彼らの論文の引用回数は我々の論文の1.5倍である。先に論文が出ることの強みと*Nature*のような有名雑誌の影響力を示す数字である。「もし我々の論文が*Nature*に載っていれば、…」と思うこともあったが、今では他の苦い経験を含めて得難い経験をしたと思っている。研究の世界では、こういった競争は決して珍しいことではなく、それぞれに様々なドラマがある。

PROFILE

九州大学名誉教授 **はやしてつや 林 哲也**

略歴

専門分野は病原細菌を中心としたゲノム微生物学。1984年に信州大学医学部を卒業し、同大学助教授を経て、2000年から宮崎医科大・宮崎大学教授、2015年から九州大学教授。2024年定年退職。現在は、信州の実家で農作業などをしつつ、ナショナルバイリソースプロジェクトのプログラムオフィサーなどを務めている。

