



Title	日本育種学会第100回講演会に参加して
Author(s)	長野, 宏則
Description	研修参加レポート
Citation	北海道大学大学院農学研究科技術部研究・技術報告, 9, 28-31
Issue Date	2002-03
Doc URL	https://hdl.handle.net/2115/35433
Type	departmental bulletin paper
File Information	9_p28-31.pdf



日本育種学会第 100 回講演会に参加して

応用生命科学専攻 育種工学講座 長野 宏則

2001 年 10 月 7 日から二日間にわたり九州大学農学部で開催された日本育種学会第 100 回講演会に演者として参加してきました。演題は「イネゲノムの反復性を規定する MITE 配列」でした。以下に講演内容について述べますが、本題に入る前にいくつか本研究の背景を解説したいと思います。

今年の正月、実家の旭川へ帰省したときのこと、母から「DNAって植物にもあるの？石にはないの？」と聞かれて面食らった。でもこの質問は僕にとって初めてだったわけではありません。10 年前、大学時代の友人からも同じような質問をされたことがありました。彼女は文学部でしたが、実家の母にしても友人にしても、今年 1 月 25 日の朝日新聞に掲載された「ホウレンソウの遺伝子、ブタに組み込み肉質改良」の記事はどんな気持ちで読んだことだろう???

ホウレンソウの遺伝子

ブタに組み込み肉質改良

近大教授らが成功

ブタにホウレンソウの遺伝子を組み込み、肉の脂肪の組成を変えることに、近畿大学生物理工学部の入谷明教授、岡崎国立共同研究機構基礎生物学研究所の村田紀夫教授たちのグループが成功した。遺伝子を導入したブタは繁殖も可能で、3代目も生まれている。植物から取り出した遺伝子を大型動物に入れて、目的通り働かせた報告は初めてだ。

導入したのは、健康に良いとされる不飽和脂肪酸、リノール酸の合成にかかわる FAD2 遺伝子。多くの植物が持つが、哺乳類にはない。

グループはマウスでの基礎実験後、この遺伝子をブタの受精卵に注入、胚ブタの子宮に定着した。生まれつきの肉質を調べたところ、うまく遺伝子が組み込まれた個体では、不飽和脂肪酸の割合が普通より約 2 割高かった。普通のブタと交配させ、3代目までこの遺伝子が伝わり、働くことも確かめた。特許申請も済ませ、24日公表した。

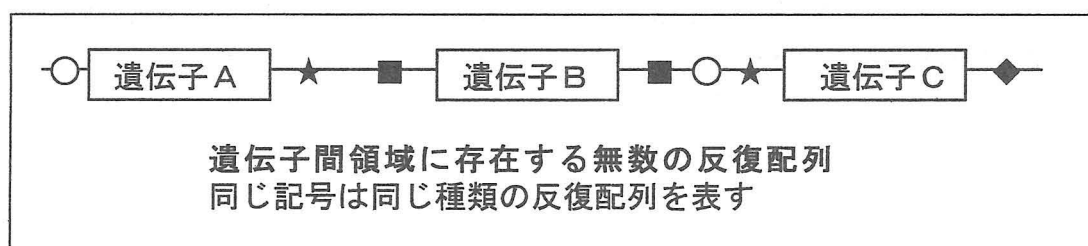
入谷教授は「これまで 20回ほどを育て、遺伝子導入による異常などは表れていない。安全性の確認を重ねながら、将来の実用化も考えていきたい」と話している。

一般に、私たちが「生き物」として認識しているもの全てに DNA はあります。それはヒトをはじめ、トリにもカエルにも植物にも、大腸菌 O157 (オーイチゴーナナ) にだってあります。DNA には遺伝子が含まれており、親から子へ、または種子となって次の世代へ正確に引き継がれます。

そのため、ヒトからヒトが生まれ、トンビがタカを生むことなどなく、カエルの子はカエルです。遺伝子には様々な性質や特徴が記録されており、例えばヒトで言えば血液型とか髪の色とか目の色、お酒に強いとか弱いとかいった体の特徴は全て遺伝子によって決められています。そして、世の中どこを探してみても全く同じ顔の人はいません。個人個人で遺伝子のセットが異なるからです。このセットのことを「ゲノム」といい、人だったら「ヒトゲノム」、カエルだったら「カエルゲノム」、イネだったら「イネゲノム」です。最近様々なメディアで「ヒトゲノム計画」の文字を見かけますが、これは「ヒトという生物の設計図を全て解読する計画」のことです。昨年の二月、ヒトの遺伝

子が従来考えられていたよりもはるかに少ない二万六千個から四万個で、ハエの二倍程度しかないことが各研究機関より報告されました。「ハエの二倍で人間みたいな知能を持った生物ができるのか」ととるか、「実はハエってヒトに近いすごい生物だったんだ」ととるかは別にして、道具を使い、言葉を操る高度な機能が少ない遺伝子の組み合わせで産み出される可能性があることは興味深いと言えます。ちなみにヒトとチンパンジーのDNAの違いはわずか1.23%という結果が日本の研究グループによって今年の1月に明らかにされました。チンパンジーがこれを知ったら檻から出せと騒ぎ出すかもしれません・・・。

さて、そろそろ本題に入りたいと思います。講演内容の報告でした。ここからが一番退屈な話かもしれませんが、そこはご容赦願います。上で述べたようにヒトのDNAには数万個にもものぼる遺伝子が記録されていますが、この状況は動物、植物の違いはあるもののイネでも同じです。イネでも2〜3万個の遺伝子があると予想されていますが、ウン万個ある遺伝子がDNAの上に隙間なく整然と並べられているわけではありません。遺伝子と遺伝子の間には「隙間」が存在します。この隙間（遺伝子間領域）には以前から「反復配列」と呼ばれる互いによく似た構造をもつ配列が存在することが知られていましたが、詳細はわかっていませんでした。イネのDNAの場合、この隙間に何があるか？を解析し、考察したのが今回九州大学で発表した演題の趣旨です。

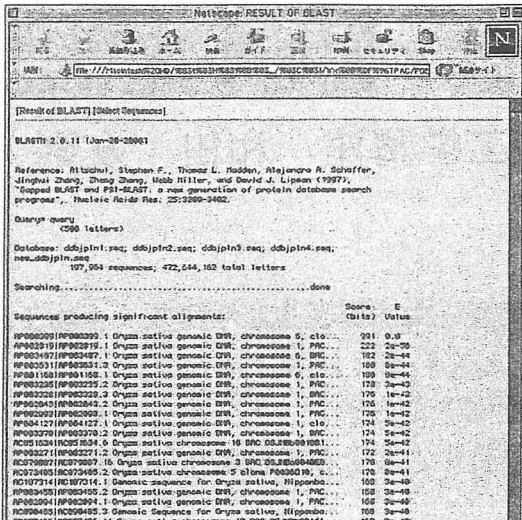


イネは主要穀物（トウモロコシ、コムギなど）の中でもDNAのサイズが最も小さく、ヒトゲノム計画のような「イネという生命の設計図を解読する計画ー‘イネゲノム計画’」が現在進行中です。昨年の7月の時点で全体の27%までが解読され、早ければ02年度中に計画は完了すると言いますからゴールはもうすぐです。解読結果は次々にデータベースに蓄積され、インターネットを通じてその情報を手に入れることができます。僕の所属する研究室ではイネの「モチ遺伝子」が研究対象の一つとなっているので、この遺伝子周辺領域をモデルにして、遺伝子間領域の反復配列構造を調査しました。モチ遺伝子の話は「北海道大学農学部技術部研究・技術報告」の第4号と第6号に以前紹介しましたが、この遺伝子が壊れるとコメはモチになり、正常ならばインディカ米のようなパサパサのお米に、少しだけ壊れると僕たちが食べ慣れたおいしい（！）日本米になります。

モチ遺伝子はイネのDNAの中にただ一つしか存在しません。そのため、モチ遺伝子の配列でイ

ネDNAのデータベースを探しても類似の配列は他に一つも見つからず、「イネのモチ遺伝子に類似性が高い（もしくは同一）」という検索結果が表示されます。この類似性を探す作業を「相同性検索」と呼びます。もしこれが反復配列だった場合、イネのDNAのあちらこちらに散らばっている同じような配列が検索結果として得られるはずです。イネモチ遺伝子周辺で遺伝子間領域の反復領域を調査した結果、75箇所もの反復配列が見つかりました。そしてその多くはMITE（マイト）と呼ばれる90年代に入ってから報告されてきた非常に短い反復配列であることが明らかになりました。この事実は従来なんとなく「反復配列」と認識してきたものに対してはっきりとした構造をもった反復配列がイネDNAの反復配列に規定できたという意味で新しい知見を得ることができました。MITEには様々な種類が報告されており、モチ遺伝子周辺からは既知のMITEが14種見出されました。また、今回新たに17種類のMITE反復配列が見つかりましたので、今度は逆にデータベース上へこの新しく見つかった配列を登録しました。

以上が昨年秋に九州大学農学部で発表しておおまかな内容です。詳細は現在 *Genes & Genetic Systems* 誌に「Characterization of the repetitive sequences in the 200-kb rice genome around the *waxy* locus: diversity of transposable elements and presence of veiled unusual repetitive sequences.」のタイトルで投稿中です（平成14年1月現在）。九州福岡での講演会はちょうど会の100回目にあたり、50年の歴史を記念したシンポジウムが開かれたこともあって、大変有意義な経験をすることができました。最後に恐縮ですが、本講演会への参加を推薦して下さった農学部技術部の皆様に感謝申し上げます。また本研究は北海道大学大学院農学研究科の佐野芳雄教授、貴島祐治助教授による指導により進めることができました。この場を借りてお礼申し上げます。



▲ 検索結果例

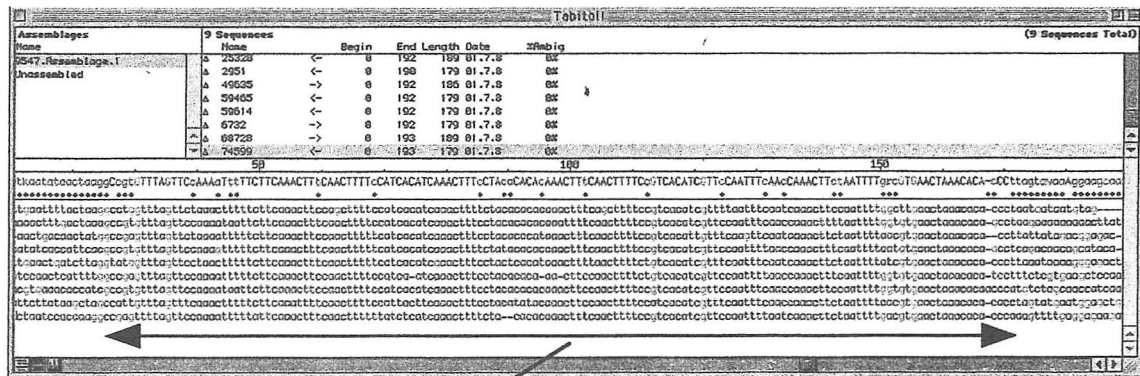
遺伝子間配列のデータベース検索

<http://www.ddbj.nig.ac.jp/E-mail/homology-j.html>

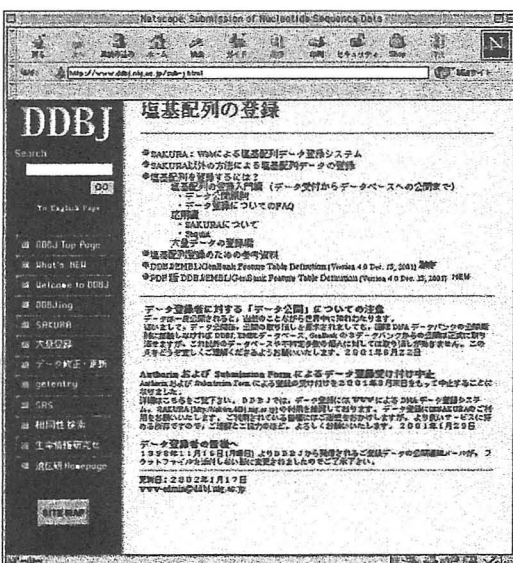
モチ遺伝子周辺領域を500bpずつに区切って検索をかける。500bpの範囲内に反復配列が含まれていれば図のようにイネゲノムのあちこちから相同性配列が検出される。

上で検出した相同性配列を横一列に並べ、反復配列の範囲を特定する。

反復配列 (MITE) の同定▼



反復配列



← 登録画面

新しく見つかった17種類の反復配列をゲノムデータベースへ登録する

<http://www.ddbj.nig.ac.jp/sub-j.html>