

大会
シンポジウム

大規模ゲノム情報の生物学へのインパクト

町田 雅之¹・稲垣 賢二²

ゲノム解析は1980年代に開始され、2001年にはヒトの全ゲノム塩基配列が解析された。この間に、キャピラリー型DNAシーケンサーやDNAマイクロアレイなど、多数の解析を一度に行うためのさまざまな技術が開発され、生物化学の情報化が進んできた。さらに2005年には次世代型のDNAシーケンサーが開発され、ゲノム情報の生産速度が飛躍的に高まり、生物学は新たな転機を迎えている。生物情報の爆発は単なる塩基配列に留まらず、発現、タンパク質、化合物など、あらゆる生物情報に及び、研究開発効率の大幅な向上をもたらす。しかし同時に、これらの情報を有効に利用できないことは、競争力の失墜を意味する。生物情報の効果的な利用には、ドライ（情報処理）とウェット（生物解析）の有機的な連携が必須であるが、有効に機能しているところは現在でも限られている。本シンポジウムでは、最も効果的な利用が期待できる発酵産業、化学産業などのバイオテクノロジー産業に焦点を当て、これまでの成功例のポイントと今後の展開を議論することを目的とした。

町田雅之は、大規模な生物情報の生物学分野と産業への利用に関して、現在の動向や今後の方向性の講演を行った。次世代型DNAシーケンサーは、1回で10種以上の微生物のゲノムを解析できる。ゲノム情報を産業などに利用するためには、着目する機能を発現する遺伝子の推定と検証が必須であるが、生物情報は誤りや揺らぎが大きく、データから機械的に結果を導くことは難しい。講演では、次世代型DNAシーケンサーなどによって得られる大量の生物情報に関して、情報処理を駆使することにより、効果的に産業などへ利用するためのひとつの方策が示された。

池田治生は、ゲノム情報からの細菌テルペン合成酵素の包括的解析に関する講演を行った。放線菌のゲノム解析によって、多数の生理活性物質を生産する遺伝子が発見されたが、そのほとんどは休眠状態であり、これまでのスクリーニングでは、一部しか利用されていないことが明らかとなった。演者らは、統計学的な情報解析法によって、さまざまな放線菌がテルペン化合物合成酵素を有することを明かにした。また、汎用宿主と発現系の構築により、これらの遺伝子がテルペン化合物を生産することを確認した。

佐々木泰子は、ヨーグルト発酵と乳酸菌に関して、ゲノム情報を用いた解析を行い、発酵における微生物の共生を明らかにした。ヨーグルト発酵は、2種の乳酸菌の協同作用で進むが、いずれの菌もゲノムサイズの縮小と遺伝子の水平移行が明かとなった。ヨーグルト発酵には溶存酸素濃度の低下が必須であるが、演者らは、DNA

マイクロアレイを用いてそのメカニズムの一端を明らかにした。良い風味のヨーグルトの生産には共生が必須であることから、どのような菌株の組合せがよいかについて、今後、ゲノムレベルで選抜が可能になることへの期待などの展望が述べられた。

浅井潔は、大規模ゲノム情報の解析に関して、現在の問題点とその解決法などに関して講演を行った。次世代型DNAシーケンサーは、リード長は短いが一度に数千万本以上の配列を生産する。演者らは、SLIDESORTと呼ばれる技術の開発によって、配列数に対して計算量をリニアに抑えることに成功した。また、変異解析などに必要なマッピングでは、LASTと呼ばれるソフトウェアによって精度を犠牲にすることなく高速化が図れることを示した。また、モジュールを組み合わせることで新しいパイプラインが作れるプラットフォームが紹介された。

穴澤秀治は、発酵菌育種におけるミニマムゲノムファクトリーコンセプトに関する講演を行った。ミニマムゲノムファクトリーとは、不要・有害な遺伝子をゲノム上から欠失させ、目的物質の生産に必要な遺伝子セットに最適化されたゲノムを有する微生物を育種する方法である。これまでに、20%~30%までゲノムを削減した宿主株の作製に成功し、目的物質の生産性の大幅な向上に成功を収めた。ゲノムサイズを最小化された微生物では、シンプルな遺伝子の構成を利用して、約40%と見積もられる機能が不明な遺伝子の機能評価にも有用であると考えられる。

久原哲は、大規模遺伝子発現データからの遺伝子ネットワーク解析とその応用に関する講演を行った。遺伝子ネットワークとは、細胞内の遺伝子の関係性のことであり、この解析によって、さまざまな生育条件に対する応答の予測も可能になる。講演では、mRNAとその周辺を中心として、DNAマイクロアレイを使用した解析が紹介された。遺伝子ネットワーク解析は、ドラッグディスカバリーの側面が強くなっているが、ウエルシュ菌ゲノムの決定と毒素遺伝子の発現制御、システムの遺伝子破壊と多数のDNAマイクロアレイによる解析による結果などが示された。

ゲノム解析の開始から20年以上が経過し、次世代型DNAシーケンサーの登場によって、ゲノム情報の利用による研究開発の効率化が加速されつつある。ゲノム解析やトランスクリプトーム解析などのゲノム科学的な解析は研究基盤構築のイメージが強いが、現在はまだちに産業利用につながる結果を迅速に導くことが可能になりつつある。本シンポジウムでは、近い将来の研究の方向性に関する有意義なディスカッションが行われたと考える。

連絡先 ¹産業技術総合研究所、²岡山大学