

納豆ねばねばの秘密を 納豆菌ゲノムの解読から探る

展示責任者 榊原康文(慶應義塾大学理工学部生命情報学科)



近年、ゲノムを読むための機械(シーケンサー)が進歩し、DNAの並びを一度にたくさんの量を読むことができるようになりました。しかし、新しいシーケンサーはゲノムを短く切つてから読まなければいけないため、切つたものをつないで元のゲノム配列を知ることが難しくなっています。私たちはコンピュータによってこの問題を乗り越え、納豆菌のゲノム配列を決定することに成功しました。

シーケンサーから出てくる配列の長さは36塩基で、これを使って納豆菌のゲノム約4メガ塩基の配列を決めるというのは、10万個のピースから一つの絵を作るような作業です。これは、気の遠くなるような作業ですが、もしどのような絵ができるのか分かっていれば、パズルを組み立てることが少し簡単になるでしょう。納豆菌の仲間で枯草菌という既にゲノムが読まれている菌があります。そこで、私たちは、この枯草菌をパズルの完成見本として納豆菌のピースを組み立てていきました。

一方、枯草菌は納豆菌のような、ねばねばを作りません。この原因は、ゲノム中のたった2か所で1塩基だけ変化していることだと分かりました。ゲノムが解読されるとこのような秘密も

明らかになります。



図1 枯草菌をかけて発酵させた大豆

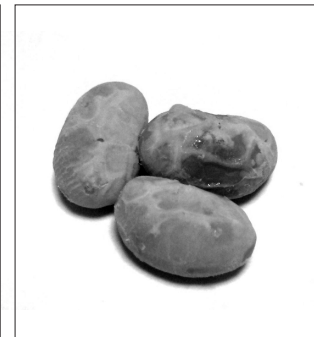


図2 納豆菌をかけて発酵させた大豆