

A5 遺伝子から情報が取り出されるしくみ

生きものはゲノムを持つ

展示責任者 古久保哲朗

展示責任者所属

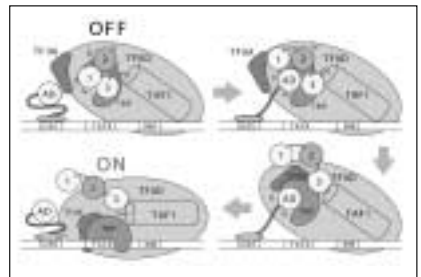
横浜市立大学総合理学研究所

すべての生物は遺伝子の中に必要な情報を蓄えているといわれています。この場合、情報とはいったいどのようなもので、またそれはいったいどのようにして取り出され、使われているのでしょうか。遺伝子はDNAという物質からできていますが、情報が取り出される時には、まずDNAと非常によく似た(でも少しだけ違う)RNAという物質がつくられることが分かっています。つまり生物は必要な情報をまずDNAからRNAという別の物質へと移しかえるようなのです。では数万種類にも及ぶ莫大な情報量の中から、生物はいったいどのようにしてその時に必要な情報のみを取り出すことができるのでしょうか。実はこの問題の答えはまだよくわかって

いません。私たちは酵母を利用して、この問題に挑戦したいと考えています。酵母はビールやパンの製造にも使われている私たちにとってはとても馴染み深い生き物ですが、研究の最先端でも大活躍しています。このゲノムひろばでは、私たちがどのような方法で情報が取り出されるしくみを調べようとしているのかについて、分かりやすくお話ししたいと思います。



(図1) 酵母は生育条件によって異なる遺伝子が働き、色も形も変化します



(図2) 遺伝子から情報が取り出されるしくみに関する私たちのモデルです

A6 ヒト疾患モデルとしてのメダカ: 比較ゲノムの視点から

生きものはゲノムを持つ

展示責任者 堀 寛

展示責任者所属

名古屋大学大学院理学研究科生命理学専攻

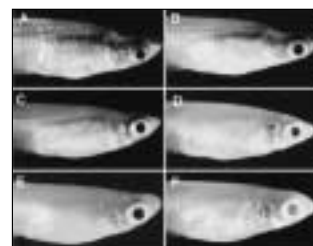
ヒト全ゲノム配列の決定はほぼ終了したが、どのような遺伝子がいつどこでどのような役割をはたすのか、不明な部分が多すぎる。そのゲノム内の遺伝子領域や調節領域の同定がまだ終了していないためである。それを解明するにはマウスや小型魚類ゲノムとのゲノム比較がもっとも堅実で実り多い戦略である。とりわけ蛋白質がコードされていない領域を比較して、そこで相同性のある配列を見出すことにより、新たな機能領域の候補を見出すことが期待されている。このためフグ、ゼブラフィッシュ、メダカなどの小型魚類のゲノム学が進展し、我が国ではメダカのゲノムプロジェクトが進行している。メダカの遺伝子のほとんどがヒトの遺伝

子と相同な遺伝子であると予測されているから、メダカから遺伝的な変異体をとれば、ヒトの遺伝病にたどりつくことも可能である。メダカを使う利点は多数の変異体を大規模に分離できることである。この変異体の網羅的解析がヒトゲノムの知識を豊かにすることは間違いない。メダカでも多数の変異体が分離されている。また変異の原因遺伝子も同定されている。たとえばヒメダカ(図参)の原因遺伝子 b のポジショナルクローニングで新規の12回膜貫通タンパクが発見され、これはヒトのアルビノ4型疾患の責任遺伝子と相同である。メダカのウロコ欠損変異株の原因遺伝子が哺乳類では毛を作る遺伝子 ectodysplasin-A receptor であった

という発見も続いている。これらはメダカの変異体がヒト疾患モデルとなることを意味している。



(図1) 江戸時代のヒメダカ(梅園図譜)



(図2) さまざまなヒメダカ変異体(島田敦子原図)