

ひとつの生物のゲノムの転写を制御するすべての転写因子の機能の解明



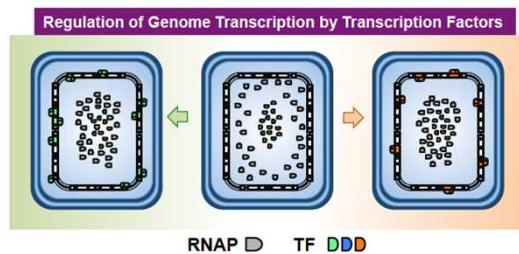
研究者氏名 いしはま あきら 石浜 明	所属機関 法政大学マイクロナノテクノロジー研究センター	関連キーワード(複数可) 分子生物学、ゲノム、転写制御、転写因子、細菌、環境適応
主な研究テーマ ひとつの生物の転写を制御するすべての転写調節因子の機能解明によるゲノム転写制御の全体像の解明		主な採択課題 ・特定領域研究・平成17～21年度(配分総額:96,900千円) 「単一細胞における全遺伝子の発現計測と環境応答制御の解析」 ・基盤研究(A)平成21～23年度(配分総額:44,980千円) 「大腸菌の全ての転写因子の調整機能とネットワーク全体像の解明」 ・基盤研究(C)平成25～27年度(配分総額:5,330千円) 「ひとつの生物のすべての転写因子の制御機能の解明」

① 科研費による研究成果

・生物のゲノムには、現在の地球環境の生存に必要な全ての遺伝子が含まれているが、普段発現し利用している遺伝子は、僅かである。発現利用する遺伝子は、ゲノムDNAをRNAに転写する初段階で制御されている。その機構を解明することが、現代生命科学の次の段階での主要な課題である。我々は、ゲノムから利用する遺伝子の選択が、転写装置によって行われていると提唱して来た。

・大腸菌は、動物体内に限らず、大方の地球環境で生存できる、極めて適応性の高い生物である。そのため遺伝子の実体や、遺伝情報伝達機構は、大腸菌を利用して解明されてきた。我々は、モデル生物大腸菌を利用し、ゲノムから利用する遺伝子が選択される機構の解明を目指し、科学研究費の支援を受け、研究を実施してきた。

・転写装置は、約300種類の転写調節蛋白(シグマ因子と転写因子)によって変換し、遺伝子選択性を変換していた。本研究によって、大腸菌300種の転写制御因子の支配下遺伝子の全容を解明することが出来た。「ひとつの生物のすべての転写因子」の機能解明の先駆けとなった。



② 当初予想していなかった意外な展開

・現代生命科学は、ヒトの生存や病変に関係した動物遺伝子や、農工業生産に直結する植物遺伝子など、個別遺伝子の生理機能の解明や、発現制御の研究が主流であり、盛んである。しかし、こうした遺伝子も、ゲノムのその他多数の遺伝子群と共存した生体内環境で、相互に交信しながら、生理機能を発揮している。「ひとつの生物のすべての転写因子」の制御機能解明を基盤に、ゲノム全体を理解する本研究の重要性が理解され、国立遺伝学研究所では、本研究の成果を取り込んだ、新しいデータベース TEC (Transcription Profile of Escherichia coli) (www.shigen.nig.ac.jp/ecoli/tec/) を構築して公開を開始し、また同研究所ホームページでは、画期的成果として特筆している。

③ 今後期待される波及効果、社会への還元など

・ゲノム全遺伝子を標的にした研究はまだない。本研究は、ゲノム発現の人為的操作による、ゲノム医療・創薬や、ゲノム農業に、生物の本質に依拠した、革新的技術の開発を可能にするであろう。加えて、今後の生命科学、ゲノム科学の、パラダイム変革を先導するに違いない。