

【産業技術】 ライフサイエンス

DOE 共同ゲノム研究所の研究成果のハイライト 2002～2005 (米国)

DOE 共同ゲノム研究所 (JGI) のプレスリリース

Report Highlights DOE Joint Genome Institute Achievements」(2006.1.10 付)より

大規模ゲノム塩基配列解読への米エネルギー省 (DOE) の投資が、米国のエネルギーおよび環境浄化のニーズに強く貢献するであろう配当 (利益) をもたらしめている、と最近発表された DOE 共同ゲノム研究所 (JGI) のレポートは報告^(注1)している。

DOE JGI は、微生物と微生物群、植物および水生生物を対象とする米国の主導的なユーザー施設として、この地球上の生物の未探索な貯蔵場所の可能性を明らかにしながら、知識の重要なギャップを埋めることに従事している。

DOE JGI が 2002～2005 年に取り組んだ多数の重要なプロジェクトの成果のハイライトは次の通りである。

- ・ 樹木として初めてポプラの塩基配列が解読された。これは樹木の成長を早くする、バイオマスをより効率的に燃料に変換する、より多くの大気中の炭素を隔離する、そして廃棄物処理場を浄化する、といった樹木の可能性を十分に活用するための資源となる。
- ・ 海洋性単細胞生物である珪藻は、世界中の熱帯雨林の温室効果ガス CO₂ 吸収量と同量の CO₂ 量を吸収していることが分かった。
- ・ DOE ゲノミクス GTL プログラムが、これまで観測されなかった硫酸塩還元菌 *Desulfovibrio desulfuricans* G20 の代謝プロセスの解明に役立った。この微生物は、ウランやクロムなどの有毒金属を大量に吸収する。
- ・ 炭素サイクルで重要な役割を果たす白色腐朽菌は、地球上で最も豊富に存在する天然素材の一つであり、分解しにくい植物性高分子リグニンを効率よく分解する能力を有することが分かり、爆発物、農薬、有毒廃棄物の汚染を修復できる可能性が示唆された。

(注1) 「DOE JGI Progress Report 2002-2005」(全 50 頁)は、
http://www.jgi.doe.gov/whoweare/JGI_Progress.pdf でダウンロードできる。

「既存の国立研究所 5 ヶ所の資源を整理することで、DOE JGI は塩基配列解読のコストをさげる一方、クリーンエネルギー、環境修復、炭素管理のための効果的な戦略を立てることができる世界クラスの科学を作り上げてきた」と、レイモンド・L・オーバック DOE 科学局長は述べた。

「(2002～2005 年は) これまでになく多くの成果がみられた期間であり、DOE JGI の革新を進める強力なエンジンは、300 種以上の生物の 1,000 億の DNA 塩基配列を解読し、公共データベースに登録した。」

「DOE JGI の塩基配列データと計算ツールによって、この卓越したフェーズ中に論文査読のある学術誌に 250 を超える論文を発表することができた。DOE JGI のゲノム学の市場は、科学論文への貢献が証明するように、確実に拡大し、多様化している」と話すのは、DOE の生物・環境研究局アソシエイト・ディレクター Aristides Patrinos 博士である。

「生物学における塩基配列解読の役割は、ヒトゲノム計画が 15 年前に始まった時に考えられていた分野を大幅に超えて拡大している。DNA 塩基配列情報は、現在、気候学から地球化学、さらにそれ以上の範囲にわたる科学研究分野に情報を提供する必需品となっている。DOE JGI は、塩基配列に基づいた研究を行っている世界中の多くの研究者たちが自然科学をより深く理解できるように力を与えているのである」と、DOE JGI 所長のエディ・ルビン博士は話した。

DOE JGI の科学者達は、また、特定環境に生息する微生物群のプロファイルを採取する新しい研究分野であるメタゲノム学 - 環境サンプルから直接抽出した DNA を単離、解読、特徴づけを行う - における先駆者でもある。DOE JGI とその共同研究者達は、廃坑奥深く（酸性鉱山排水）で硫酸の生成に関与している微生物群の特性を明らかにするために、メタゲノム学的方法を使用した。数十年もの間、この有毒な流れが漏出して重要な水系を汚染し、その汚染修復には年間何百万ドルも必要となっていた。DNA 塩基配列が解読されることで、この問題に取り組むためのより安価でより効率的な方法が明らかになる。

「ヒトの遺伝子コードが生物医学を発展させているのと同じように、GTL プログラム、DOE 微生物ゲノムプログラム、そしてコミュニティ塩基配列解読プログラムによってメタゲノム学が加速され、生物圏の複雑性に関する革新的な知見をもたらし、今後も DOE JGI の貢献の必要性が再確認されている」と、ルビン博士は語った。

DOE JGI は、DOE 科学局によって支援され、スタンフォード大学ヒトゲノム・センターとともに、クリーンエネルギー生産と環境特性・浄化に関連した DOE ミッションを支援するゲノム学を推進するために、米国立研究所 5 カ所（ローレンス・バークレイ、ローレンス・リバモア、ロス・アラモス、オーク・リッジ、パシフィック・ノースウェスト）の専門知識を統合している。

2 . DOE JGI プログレス・レポート 2002-2005 の概要

「DOE JGI Progress Report 2002-2005」より抜粋

共同ゲノム研究所（JGI）は、生物系の組織、機能、進化の基礎にある基本原理と関係性を発見し、特徴づける方法として DNA 塩基配列解読と計算技術を採用し、米エネルギー省のミッションを統合することを目標としている。JGI は、5、16 および 19 番染色体の完全な塩基配列を解読し、国際ヒトゲノム計画での重要な役目を果たし、さらにゲノム学の重要な他領域で貢献しようとしている。NIH が資金を支援するゲノム解読活動の大部分は、今でもヒトに関連した生物医学的対象とその応用を重要視しているのだが、JGI は、地球の健康を保護するために重要な役割を果たす生物学以外の対象や環境に焦点を移している。プロダクション・ゲノミクス施設（Production Genomics Facility: PGF）において規模の効率性が確立し、塩基配列解読能力が漸進的に向上したため、JGI は、現在、フグ、ホヤ貝（原始的な脊索動物）などの重要な真核生物モデル・システムに加えて、さらに重要な環境的ニッチ（すき間）に生息する 60 種以上の微生物と微生物群のゲノム解読に取り組んでいる。他の連邦機関や大学とパートナーシップを結び、カエル、緑藻、珪藻、白色腐朽菌、初めて塩基配列が解読された樹木であるポプラ系ブラックコottonウッド、そして農業にとって重要な多数の植物病原菌の塩基配列解読において、JGI は主導的な役割を果たした。

DOE と JGI が特に興味を持っているのは、高酸性、高放射能、高濃度金属汚染といった極限状態で生存できる微生物である。そのような微生物は炭素隔離、バイオレメディエーション（微生物を利用した環境修復）、そして代替エネルギー供給源の探査に関連性があるためである。JGI とパートナーによる研究は、微生物の細胞機構の解明に役立ち、汚染土壌 / 汚染水の浄化、大気中からの炭素隔離、そして水素やメタンのような潜在的に重要なエネルギー供給源の産出を目的として、微生物をどのように利用できるのか明らかにする。

3. JGI の各部門・プログラムの紹介

「DOE JGI Progress Report 2002-2005」より抜粋

塩基配列解読部門 (Sequencing Department)

同部門は、JGI プロダクション・ゲノミクス施設に属する。コスト効率のよい方法で高品質な塩基配列を決定し、ライブラリー作成や解読準備からキャピラリー型シーケンシング・解析までのプロセスを行い、DNA を迅速に処理する。サブグループとして、マッピング、ライブラリー・サポート、シーケンシング準備、品質管理、塩基配列評価・解析、器具類の各グループがある。

インフォマティクス部門 (Informatics Department)

DNA 塩基配列解析量が大幅に伸びたため、大量のデータ管理および有益な情報の抽出が大変な作業となっている。同部門ではコンピュータ基盤・支援を提供し、JGI の生産と研究開発努力を手助けする。サブグループには、プロダクション・インフォマティクス、アセンブリ、比較ゲノム学、ソフトウェア・サポート、デスクトップ・サポート・サービス、ゲノムデータ・システム、ゲノム注釈がある。

ゲノム技術プログラム (Genomic Technologies Program)

同プログラムは、シーケンシング/アセンブリ・プロセスの効率化や、解読したゲノムの質向上に取り組み、新しいプロトコルの開発と解析工程で使用する新しい手法や器具類の評価を行っている。解析長の向上、試薬コストの削減、あるいは塩基配列データのギャップを迅速に埋める方法の開発などのイニシアチブがある。

計算ゲノム学プログラム (Computational Genomics Program)

同プログラムは、生データを生物学的に価値のある情報や知見に変換する新しい解析ツールとデータ管理システムを開発している。これらは、拡大するゲノム規模のデータ管理や可視化、さらに機能情報や表現型情報とリンクさせるために重要である。

脊椎動物プログラム (Vertebrate Program)

ヒト、カエル、フグなどの大型脊椎動物のゲノム読み取りに焦点を当てた研究を行い、塩基配列データを作成・活用する。ヒトゲノムを他の脊椎動物のゲノムと比較すると、進化の過程で保持されてきた生体内遺伝子エンハンサー活性を伴う要素を効率的に明らかにすることができる。また、塩基配列解読部門と協力して、さまざまな疾病に關与するヒト遺伝子変異を測定する高性能塩基配列解読パイプラインを構築した。

進化ゲノム学プログラム (Evolutionary Genomics Program)

比較的新しい研究分野である進化ゲノム学は、進化生物学とゲノム科学のインター

フェースとなる。どのように生命は進化し、また進化の過程でどのようにゲノムが変化してきたのか、といった大きな疑問の解明に取り組む。

微生物生態学プログラム (Microbial Ecology Program)

同プログラムは、塩基配列解読に基づく技術を駆使し、コンピュータの使用あるいは実験によって微生物群を理解することを目指している。分子微生物生態学では、培養物の影響を排除した微生物群の特性を決定するために、リボソーム RNA (rRNA) の塩基配列を利用している。同プログラムでは、rRNA の特徴を示す塩基配列や、顕微鏡で系統グループを観察するための蛍光 in situ ハイブリダイゼーション (FISH) の解析用高性能パイプラインを構築した。この研究成果を基礎として、同プログラムは新しいメタゲノム学分野を開拓している。メタゲノム学では、環境サンプルから直接抽出された DNA のクローン作製、塩基配列解読、特徴付けを行う。環境ゲノムショットガン法はまだ初期段階であるため、JGI の微生物ゲノム解析プログラムと協力して、メタゲノム・データを解析・視覚化する方法を探求しているところである。

微生物ゲノム解析プログラム (Microbial Genome Analysis Program)

ある生物の完全な機能を明らかにすることは、他の生物の生態を理解する基礎となる。すなわち、ゲノム計画の対象となる生物ゲノムの生物学的解釈を行うための基本的なフレームワークとなる。しかし、過去数年間で塩基配列データの質・量はともに劇的に高まったが、データ解釈が大きな障害となっている。さらに多くの微生物の塩基配列が解読されると、遺伝子に機能を注釈づけていく科学コミュニティの取り組みは一層遅れてしまう。また、現代の多くのゲノム・データベースは、包括的なゲノム解析や機能性細胞のサブシステム (例えば、代謝経路、情報処理) を再現するために行う比較分析と長大な塩基配列への統合の重要性を看過していた。同プログラムの多くの目標の一つは、微生物の遺伝子機能を決定するソフトウェアツールを開発して注釈付けのスピードを速めることである。

以上

翻訳・編集：NEDO 情報・システム部

出典：

http://www.jgi.doe.gov/News/news_1_10_06.html (プレスリリース)

http://www.jgi.doe.gov/whoweare/JGI_Progress.pdf (報告書)