

長浜バイオ大学 上原 啓史

### ★ 「コンピュータで探す健康や環境浄化に係わる遺伝子」

2013年8月8～10日、埼玉県の国立女性教育会館で、全国から131名の女子中高生が参加して、「2013女子中高生夏の学校」が開催されました。第2日目の8月9日に、サイエンスアドベンチャー「ミニ科学者になろう」と題して各学会が中高生向けに実験・実習を企画し、その中の一つとして「コンピュータで探す健康や環境浄化に係わる遺伝子」の実習を実施しました。

自然環境の保全や浄化に役立つバイオ技術の開発やその教育は、21世紀にますます重要になる課題です。環境浄化や保全に役立つ、広い意味では「持続可能型社会の実現に貢献できる」可能性を持つ遺伝子を、国際塩基配列データベース(DDBJ/EMBL/GenBank)に登録されている塩基配列から発掘し、新規なデータベース「持続可能型社会への貢献遺伝子データベース」として世界へ発信する実習を行いました。着目する対象を医薬学の分野の課題へ変更すれば、「健康に貢献する遺伝子」の発掘も可能になります。

福島県から鳥取県までの中高生8名が参加しました。池村淑道 特別教育幹事による講義の後、コンピュータを使って、みんなで環境の改善に役立つ遺伝子を探索しました。バイオエタノールの生産に役立つセルラーゼをイタリアの森林土壌のメタゲノムから見つけるなど、参加者は熱心に取り組んでくれました。実習終了後も熱心に質問をする生徒がいました。

また、高校生にも新規発見の可能性のある本実習に関心を持っていただいた、長野県ならびに大阪府から来られた3名の高校教諭が、本実習を視察されました。





実習と同じテーマでのポスター発表も行い、多くの生徒さん、保護者、ならびに高校の先生にも立ち寄って頂きました。



## 実験・実習

### I. 「コンピュータで探す健康や環境浄化に係わる遺伝子」

講師名 所属先・役職 所属学会等

・池村 淑道 長浜バイオ大学 客員教授 日本遺伝学会、日本進化学会 他  
国立遺伝学研究所名誉教授、総合研究大学院大学名誉教授

・上原 啓史 長浜バイオ大学・高大連携事業推進室 博士 (バイオサイエンス) 日本遺伝学会 他

2013年8月9日(金)【実験・実習】10:15~12:00 研修室

自然環境の保全や浄化に役立つバイオ技術の開発やその教育は、21世紀にますます重要になる課題です。環境浄化や保全に役立つ、広い意味では「持続可能型社会の実現に貢献できる」可能性を持つ遺伝子を、国際塩基配列データベース(DDBJ/EMBL/GenBank)に登録されている塩基配列から発掘し、新規なデータベース「持続可能型社会への貢献遺伝子データベース」として世界へ発信しましょう。着目する対象を医薬学の分野の課題へ変更すれば、「健康に貢献する遺伝子」の発掘も可能になります。

現在、我々が知り得ている微生物は、環境中に生育する微生物の0.1%より遥かに少ないと言われており、多様な自然環境で生育する微生物類については、培養が困難な例が大半を占めています。これら難培養性微生物については、通常の実験的な研究がなされておらず、膨大なゲノム資源が科学的にも産業的にも未開拓のままに残されています。これら難培養性微生物類のゲノムは新規な遺伝子類を豊富に保有すると考えられ、難培養性微生物類を多数含む環境中の試料から、培養を行わずにゲノムDNAの混合物を抽出し、ゲノム断片の配列決定を行い、産業上有用な遺伝子を探索する試みが世界各地で大規模に行われています。このような試みは、「メタゲノム解析」と呼ばれており、インターネットを使って最新の研究の状況や得られているDNA塩基配列を知ることができます。

しかしながら、このメタゲノム解析で得られた環境由来DNA配列は、遺伝子に関する情報、特に遺伝子機能についての記載が登録者によってまちまちであり、有用な遺伝子を含んでいる可能性が高いにもかかわらず、利用者にとって必要な情報が記載されていない場合が多数あります。そこで、本実習では、「自然環境の浄化や保全に役立つ遺伝子」や「健康に貢献する遺伝子」の発掘を目標に、国際塩基配列データベース(DDBJ/EMBL/GenBank)に収録されている環境由来DNA配列から有用な遺伝子を探索する、家や学校からも行える具体的な方法を紹介します。また、皆さんが見つけた新たな有用な遺伝子候補を、自分の名前や学校名を入れてデータベースに登録して国内外に発信する方法も紹介します。

#### ●実習手順

- ① 持続可能型社会の実現や、健康に貢献が期待できる可能性を持つ遺伝子やタンパク質の候補を探します。
- ② 得られた遺伝子やタンパク質の英語名を **Key Word** として、既知のアミノ酸配列を取得します。  
(使用サイト: UniProtKB)
- ③ 取得したアミノ酸配列と環境由来DNA配列に存在するタンパク質候補との配列相同性検索を行う。環境由来DNA配列の中に目的の遺伝子やタンパク質と類似な配列が存在するかどうか

を調べます。(使用サイト：NCBI tblastn )

- ④ 相同性検索でヒット(発見)した環境由来 DNA 配列を取得します。

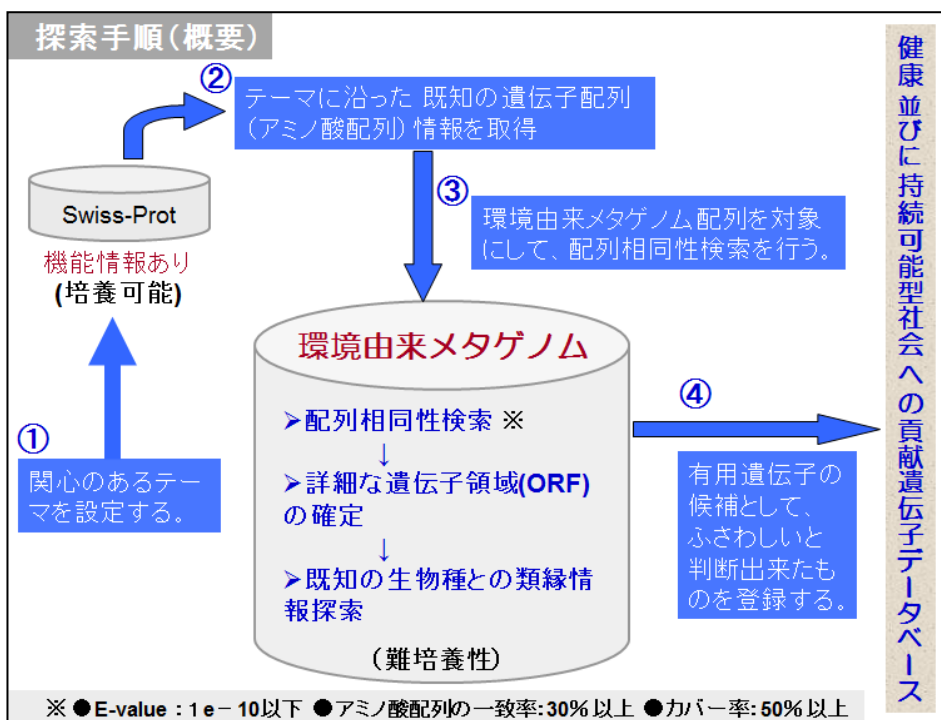
(使用サイト：NCBI)

- ⑤ 取得した DNA 配列について、遺伝子領域を確定しアミノ酸配列を取得します。

(使用サイト：NCBI ORF finder )

- ⑥ 確定した遺伝子領域のアミノ酸配列から、機能の再確認と由来生物種を推定します。どの微生物種と近いかを調べ、既知微生物との類縁関係を見ます。(使用サイト：NCBI protein blast )

- ⑦ 新たに見つけた有用な遺伝子候補を、データベースに自分の名前、学校名を入れて登録し国内外に発信する方法を紹介します。



**持続可能型社会への貢献遺伝子データベース**  
"Database for Genes Contributing to Sustainable World"

■テーマ

持続可能型社会に貢献するテーマを下から選択して下さい。

PCB分解 CO2固定 農業分解 バイオエタノール 環境ホルモン分解 石油分解  
土壌浄化 重金類除去 タイロキシン分解 プラスチック分解 有機リン除去 水質浄化  
硝酸性窒素除去 光化学スモッグ Biohydrogen PAH分解

・全テーマの一覧はこちら  
既知遺伝子  
新規探索遺伝子候補



いけむら としみち IKEMURA, Toshimichi  
ゲノム科学・ゲノム情報学・ゲノム進化学の諸分野を専門としてきましたが、実験と情報解析を総合した研究に意欲を持っています。現在は自己組織化マップ法を用いたゲノム情報解析を行なっています。



うへはら ひろし UEHARA, Hiroshi  
バイオ科学分野の成果を社会で役立てる研究・実践活動に意欲を持っています。