

(第3種郵便物認可)

サイ・テック 知と技の発信

[533]

埼玉大学・理工学研究の現場

私たちヒトの細胞一つ一つに命活動を支えるタンパク質の設計は、生命の設計図に当たる46本のゲノムDNAがコンパクトにまとめられて入っています。仮に引き伸ばして並べたとすると、全長約1.8mにもなる巨大分子ですが、たった4種類の部品(塩基)の組み合わせ(塩基配列)によって、私たちの身体的な特徴や先天的な性格を決める遺伝子など全ての情報が収められています。今から18年前の平成15年、私がまだ高校生の際に、ヒトゲノム計画と呼ばれた国際プロジェクトによって、約60億個の塩基から成るヒトのゲノムDNAの塩基配列が解読されました。その中からは、私たちの生

命活動を支えるタンパク質の設計図となる約2万個の遺伝子が見いだされ、これを基に遺伝子の地図が作られました。ただ、この遺伝子の地図は今も未完成のままです。令和4年現在も、ゲノムDNAの中に隠されたままの未知の遺伝子とそこに記された未知のタンパク質(タークプロテオーム)を発掘しようと、世界中の生化学者・分子生物学者が研究を続けています。私も、そのひとりです。

私たちの健康を損なう病気の原因遺伝子が判明すると、その異常に対応できる医薬品の開発など治療法の開発が一気に進む可能性があります。ですから、まずはゲノ

タークプロテオームの世界

野村 勇太 助教



ムDNAの中にある遺伝子の場所やそこに記されたタンパク質の性質・役割を正しく理解することが大切です。私は、まずタンパク質の設計図が記された新しい遺伝子を見つけ、次にそのタンパク質を実際に調製して詳しく調べるとい

う流れで研究を進めています。前者の遺伝子探しについては、ノーベル賞受賞技術となったゲノム編集法(クリスパー・キャスナイン法)と並んでここ十数年の技術発展が目覚ましい塩基配列の網羅的な解読法(次世代シーケンシング法)、タンパク質の網羅的な検出法(質量分析・プロテオミクス法)、これら生命情報をコンピュータで高速解析するデータサイエンス

(バイオインフォマティクス)の三つを組み合わせた最新のデータ駆動型プロテオゲノミクスという手法により行っています。後者のタンパク質の調製については、タンパク質の設計図が記された遺伝子を生きた細胞の中に導入し、そのタンパク質を得る従来の遺伝子組み換え技術に加え、生きた細胞を使わない無細胞タンパク質合成法により行っています。

期待されています。最近、ヒトの遺伝子に加え、私たちが日々の食事で口にする農作物や漢方薬の原材料として使われる薬用植物にも興味があります。ヒトの遺伝子の研究はもちろんのこと、こういったさまざまな植物に眠ったままの未知の遺伝子資源を発掘し、それらの進化について研究を続けていきたいと考えています。今までの目を見ることになかった未知の遺伝子とタークプロテオームの発見を足掛かりに、全く新しい生命現象も明らかにできると信じています。私たちの健康を守る上で大切なタンパク質もきつと多く含まれていることでしょう。

のむら・ゆつた 1987年生まれ。2014年3月愛媛大学大学院修士(工学)。大阪大学大学院、理化学研究所環境資源科学研究センターの研究員を経て、22年4月から現職。大阪大学大学院の招聘(しょうへい)研究員、理化学研究所の客員研究員を兼務。専門は生化学と分子生物学。特に、データ駆動型のペプチド・タンパク質探索と機能解析の研究に取り組んでいる。