

メタゲノム解析 (metagenomics) : 元来, 細菌は数種から数万種の集団 (細菌叢) を形成してさまざまな環境中に棲息している。しかし, 細菌叢を構成する細菌を個別に培養しようとしても, その大部分は培養困難または不可能となっている。そこで, 細菌叢を分離することなく, そのゲノム情報を一網打尽的に得る方法としてメタゲノム解析が考案された。メタゲノム解析の基本プロセスは, 細菌叢の全 DNA (構成細菌種ゲノムの混合物) の調製, ショットガンライブラリーの作成, ショットガンシーケンス, シークエンスデータの情報学的解析 (遺伝子アノテーション等) からなる。これによって, 培養性に関係なく, そこに存在する遺伝子などのゲノム情報をバイアスなく取得できる。これまでに, 強酸性排水中の細菌マットや肥沃な農場土壌細菌叢等, 70 以上のプロジェクトが世界中で進められている。

(服部正平 東大院・新領域)

piRNA : Piwi サブファミリータンパク質群に結合する 24 から 31 塩基の一本鎖ノンコーディング RNA。これまで哺乳動物や魚類, ショウジョウバエで見出され, 数万種類の piRNA が報告されている。Piwi サブファミリータンパク質は, RNA 干渉において主要な役割を担う Argonaute ファミリーに属し, piRNA をガイド分子として RNA サイレンシング機構に関与すると考えられる。Piwi サブファミリータンパク質は生殖系列細胞で高発現し, その発現消失は生殖細胞の発生異常を起こす。Piwi サブファミリー遺伝子の発現消失がトランスポゾン発現の脱抑制や転移の上昇を引き起こすことから, piRNA/Piwi サブファミリータンパク質複合体は, トランスポゾン転移を抑制しゲノムの品質管理を担うことで生殖細胞の発生を正常に保つと考えられる。

(齋藤都暁 徳島大・ゲノム機能研究セ)



幹細胞ニッチ (stem cell niche) : 幹細胞 (特に成体幹細胞) の維持を可能にする生体内の微小環境。成体では組織幹細胞は多くの場合持続的にきわめてゆっくりと自己複製 (self-renewal) するか, あるいは通常は全く細胞分裂せず休眠状態 (dormant state) にあり, 必要に応じてのみ自己複製する。このような幹細胞の自己複製の制御は, 隣接する細胞 (ニッチ細胞) との接着やそれから供給される液性因子, さらにはニッチ細胞が産生する細胞外マトリクスとの接着といった, 組織幹細胞を取り巻く微小環境から供給される外部シグナルの総体によって行われていると考えられており, この微小環境を示す概念として用いられている。ちなみに, ニッチの原義は「壁龕 (へきがん=像・花瓶などを置くための壁のくぼみ)」。転じて, 生態系における生存地位をも指す。

(丹羽仁史 理研・発生再生科学総合研究セ)

ChIP-on-chip 法 (ChIP-on-chip method) : ゲノム上のタンパク質の結合部位を網羅的に同定するために, 染色体免疫沈降法 (chromatin immuno-precipitation) と DNA チップ解析を組み合わせて用いる方法。細胞内でタンパクと DNA を架橋剤にて固定後, 標的タンパクに対する特異的抗体を用い, タンパク-DNA 複合体を精製し, 得られた DNA 断片を DNA チップにて検出し, 網羅的に標的タンパクの染色体上での結合位置を明らかにするという方法である。本解析に於いては通常, タイリングアレイと呼ばれ, 高密度にプローブが配置され, 全ゲノム領域に渡って余すところ無く, かつ特異的に解析可能な DNA チップを用いる。タンパクに限らず, 抗体があれば, DNA 修飾, 標識 DNA, 等も同様の方法で解析可能である。

(白髭克彦 東工大・バイオ研究基盤支援総合セ)