

メダカバイオリソースの整備と新しいメダカバイオロジーの展開

成瀬 清

(基礎生物学研究所特任研究員・総合研究大学院大学名誉教授・長浜バイオ大学客員教授)

私が「メダカ」と出会ったのは名古屋大学理学部生物学科の卒業研究でした。多数あるメダカの体色突然変異体の表現型解析をおこなうとともに、ゼブラフィッシュで発表された染色体操作をメダカに応用しクローンメダカの樹立を行いました。東京大学大学院理学系研究科では野生メダカに見られるアロザイム多型を用いて遺伝子—動原体地図の作成や連鎖地図の作成を行いました。その後の PCR などの分子生物学的手法に進展を受け、RAPD や AFLP と言われる DNA マーカーによる連鎖地図の作成を行いました。さらに EST 解析によるメダカ遺伝子のカタログ化とその情報を用いた種間で比較可能な連鎖地図の作成を行いました。一連の研究の動機は、魚類でのゲノム進化の様相を明らかにして、他の脊椎動物と比較したいということでした。2000 年にはメダカゲノム全体を覆う概要連鎖地図を発表しました。また 2004 年には種間比較が可能なメダカ遺伝子地図を発表しました。その結果、1) 真骨魚類はヒトなどの四足動物に比べゲノム全体が重複していること 2) 新骨魚類では哺乳類に比べ遺伝子の連鎖関係がより強く保存されていること、つまり魚類は哺乳類に比べて染色体間の遺伝子の再編が極めて少ないことが明らかとなりました。2002 年からはメダカゲノム解析計画に参加し、2007 年にはメダカゲノム概要配列を発表することもできました。これら一連の研究から大学院生のころ抱いた疑問に一応の回答を得ることができたと感じました。

2008 年には東京大学から基礎生物学研究所に移動し、メダカバイオリソースプロジェクト (NBRP Medaka) を担うため新たなラボを立ち上げ、研究室名を「バイオリソース研究室」としました。もちろん「進化遺伝学」や「発生遺伝学」という研究室名も考えましたが、私が自身の研究室名に託した思いは「メダカ」を「medaka」にするためには何をすべきかということでした。モデル動物としての「メダカ」をより発展させ、一般性とともに独自性も持たせるためには何をすべきかと言うことはその後、18 年間の大きな命題となりました。最初に手を付けたのはメダカ遺伝子のカタログをさらに充実させることでした。幸い NBRP にはゲノム情報等整備などリソースを充実させるための事業がありましたので、それに応募し「完全長 cDNA プロジェクト」を立ち上げ 25 万クロンの両端の配列を決定し、26,000 の異なった遺伝子配列を同定しました。またメダカバイオリソースの特徴である近交系や近縁種のゲノム情報を整備するため、BAC/Fosmid ライブラリーの樹立やそのゲノム配列の決定も行っています。近交系のように雌雄ゲノムの保存が必要な系統の系統保存を安定的に進めるため、精巣組織の凍結保存と生殖細胞の移植による系統の再樹立に関する技術開発も行いました。海外のとの共同研究では豊橋市清須産野生メダカから 80 系統の近交系 (MIKK panel) を樹立し、それらを用いて環境—遺伝子—表現型相関を再現性よく解析できる実験系も樹立しました。ここで強調したいことは、すべての研究が多くの方々との「共同研究」の結果であるという点です。

18 年間の共同研究によってある程度「メダカ」を「medaka」することができたのではと今は感じています。今回の動物学会賞という栄えある賞の受賞にあたり、この場をお借りして多くの共同研究者の方々に深く感謝いたします。誠にありがとうございました。