

YouTube「理研チャンネル」

プレスリリース解説 vol.14

「生薬「甘草」の染色体スケールのゲノム解読に成功」 <https://youtu.be/8RnK12UeVHY>



(ナレーション)

理化学研究所のアミット・ライ研究員、斉藤和季グループディレクターらの共同研究グループは、漢方薬や天然甘味料の原料として使われる「甘草（カンゾウ）」の染色体スケールの高品質ゲノム配列を解読しました。

この成果は、バイオテクノロジーを用いた甘草の品種改良や薬効成分の生産に役立つと期待されます。



(ナレーション)

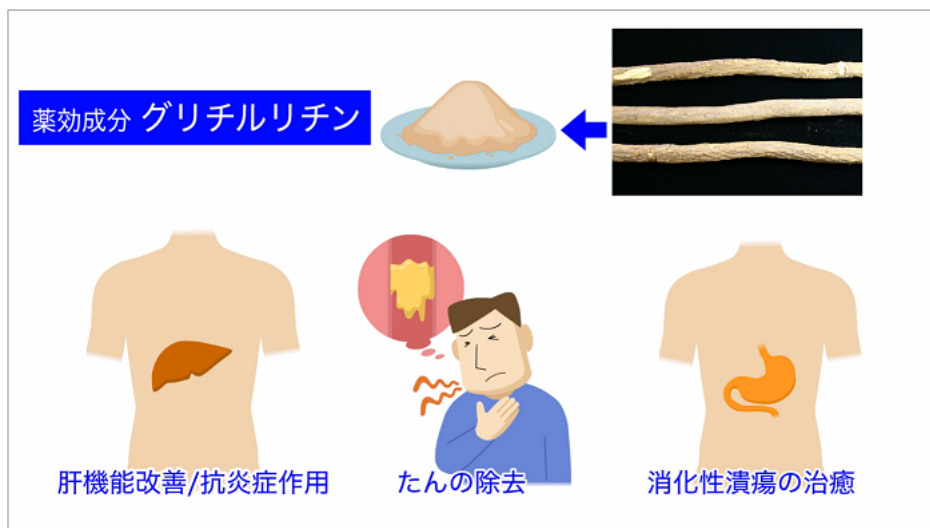
甘草（カンゾウ）は、世界で最も広く利用されている薬用植物の一つです。

写真提供：北海道医療大学 高上馬希重氏

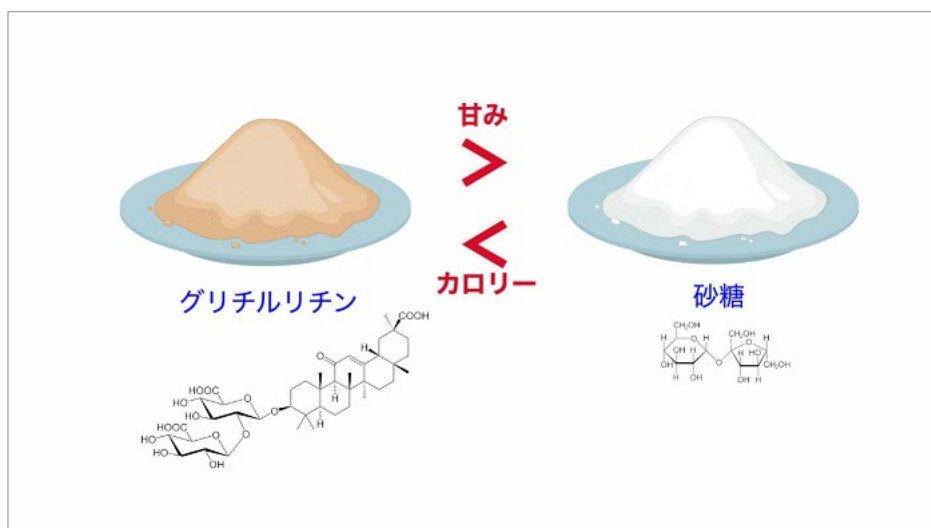


カンゾウ
甘草

日本で広く用いられている漢方処方薬の約 70%に配合されており、漢方の中で最も汎用性の高い生薬です。



甘草の主な薬効成分であるグリチルリチンは、肝機能改善、抗炎症作用、たんの除去、消化性潰瘍の治癒などさまざまな薬効があります。

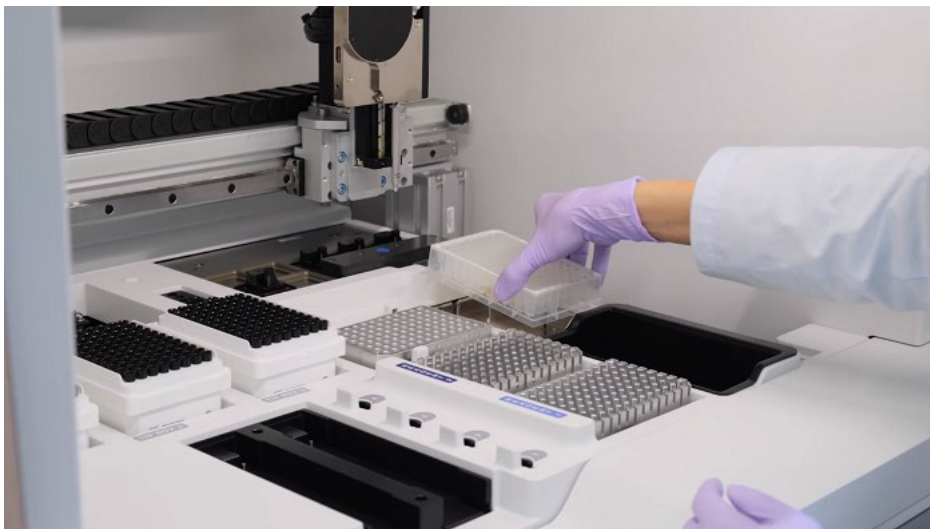


また、砂糖より甘く、カロリーが低いため、天然甘味料としても注目されています。



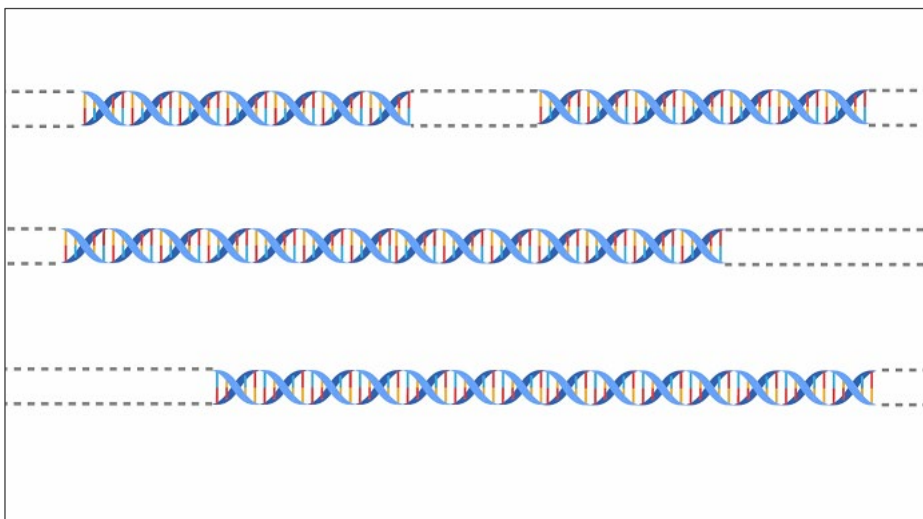
(研究者インタビュー)

「甘草と、その主成分のグリチルリチンは非常に重要な、社会的にも必要性・需要が非常に大きい生薬であり薬用植物である。ところがこの供給は今、中国からの輸入にほとんど頼っている。将来、供給不足の不安がある。そこで我々は、このグリチルリチンをバイオテクノロジーを使って生産する、あるいは今、日本では甘草の商業栽培は（ほとんど）行われていないが、国内栽培が可能ないように育種する。そういう目的で研究を始めた。そのためには、染色体レベルでつながった高品質のゲノム配列が必要であるため、ゲノム解読を始めた。」



(ナレーション)

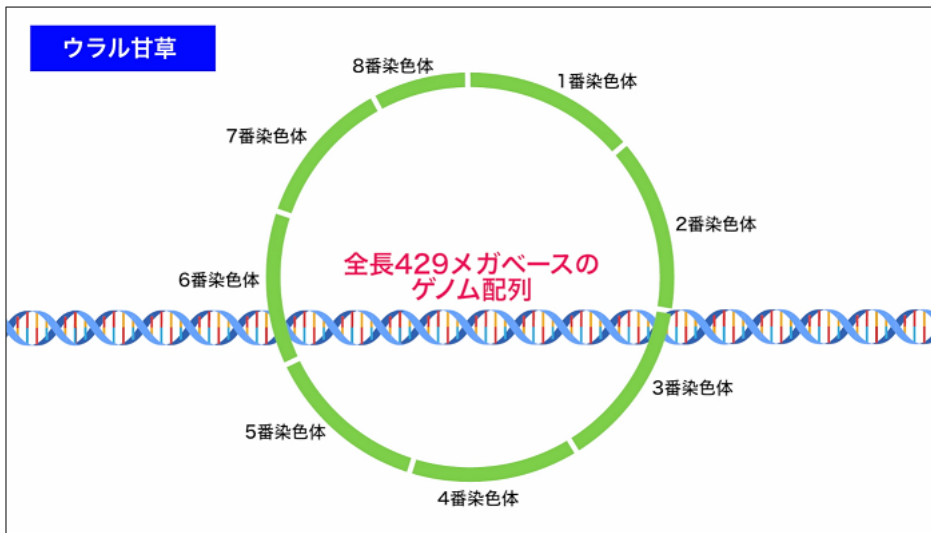
研究グループは、2016年に、グリチルリチン含量の高い「ウラル甘草」の大きなゲノム解読に成功していました。



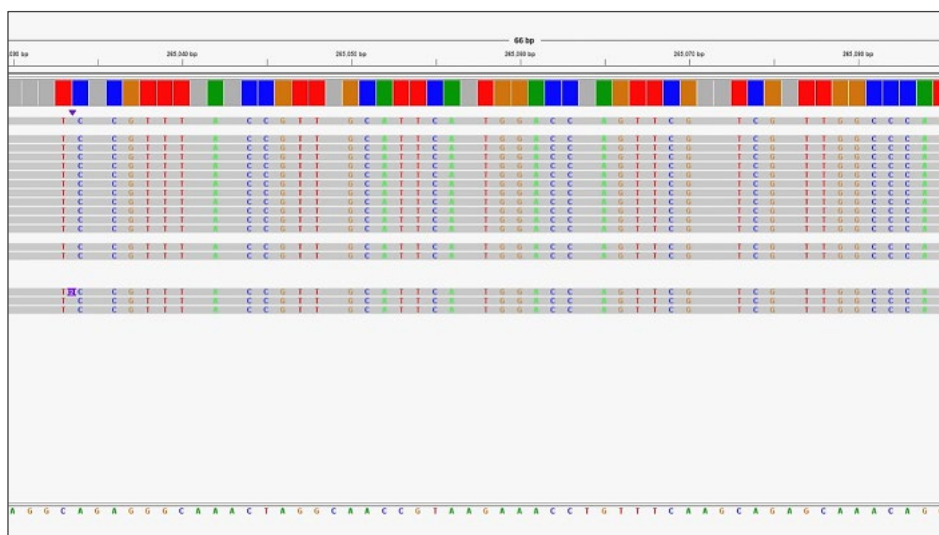
しかし、この時点では、ゲノムの配列情報が断片化されていたため、薬効成分に関わる遺伝子の詳細な情報を得ることができませんでした。



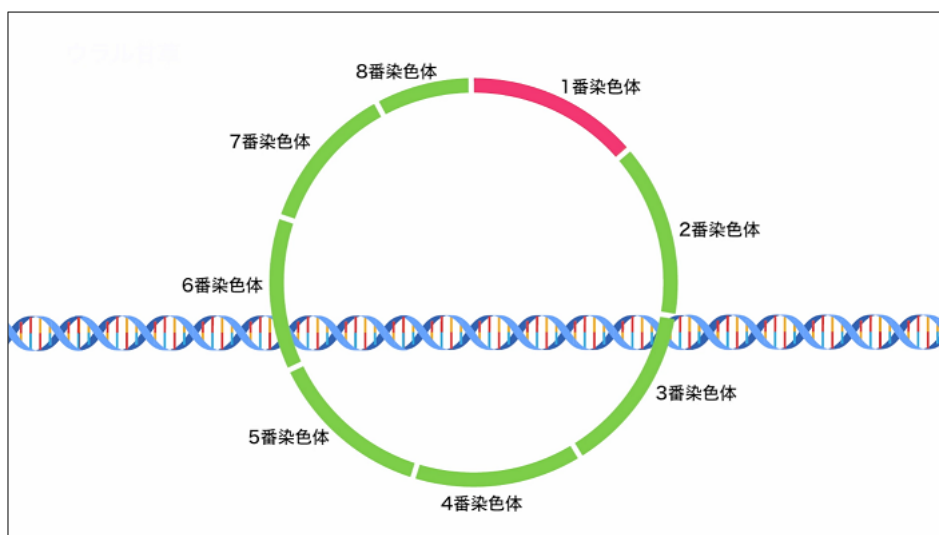
そこで今回は、長い配列を正確に読むことができる最新のシーケンス技術を用いて全ゲノム解析に取り組んだのです。



その結果、8本ある染色体すべてを構成する全長 429 メガベースという長大なゲノム配列を高精度で解析できました。



染色体のどこにどの遺伝子が存在するかが完全な形で分かる、染色体スケールでのゲノム解析に成功したのです。



これにより、グリチルリチンが合成される際に働く遺伝子群の多くが、1番染色体に集中し、遺伝子のクラスターを形成していることなどが明らかになりました。



(研究者インタビュー)

「染色体スケールのゲノム解析は、多くの未知の事実を発見するのに役立つ。
例えば、遺伝子クラスターもその一つである。他の植物のゲノムと比較することで、どのよう
にして甘草にしかない成分を生成するのかを理解することができる。甘草の薬効成分の生
合成の全貌を理解することができる。」



甘草の有効成分、薬効成分の生産に必要な遺伝子が明らかになる。それを制御している因子
も、これから分かってくる。それらを使ってバイオテクノロジーでグリチルリチンや他の主
成分を生産する。例えば微生物を用いて生産する、甘草以外の他の植物で生産する、そうい
ったことができるようになる。もう一つは日本での栽培に適した形質(の甘草)を育種する。
将来的に日本での(大規模な)商業栽培が可能になるような甘草を育種することも、夢では
ない。

終わり