

FBI
Science View

タンパク質をコードしないRNAをカタログ化

タンパク質と核酸(DNAとRNA)は、生命活動を支える基本分子である。DN Aは遺伝子の本体であり、RNAはDNAが持つ(コードする)タンパク質の配列情

ヒトlncRNAアトラス n=27,919

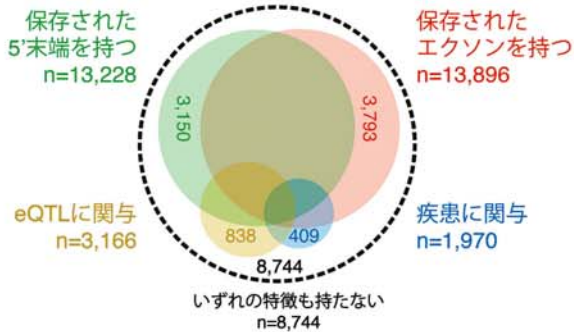


図 ヒトlncRNAの機能推定

ヒトlncRNAアトラスに登録されている2万7919種のlncRNAの内訳。保存された5'末端を持つもの(1万3228種)、保存されたエクソン領域を持つもの(1万3896種)、eQTLに関わるもの(3166種)、疾患に関わるもの(1970種)は、機能的なlncRNAであると考えられる。これらいずれかの特徴を持つlncRNAの総数は、1万9175種となった。

●理化学研究所 ライフサイエンス技術基盤研究センター

機能性ゲノム解析部門 LSA要素技術
研究グループ ゲノム情報解析チーム
チームリーダー ピエロ・カルニンチ

報を写し取って、タンパク質を作る細胞小器官に運ぶ役割を持つ。近年、タンパク質を作る情報を持たないRNA、ノンコーディングRNA(ncRNA)が生命科学の新たな研究対象として注目されている。

当初、ncRNAは生命活動にとって意味のないものと捉えられていたが、2005年、理研の研究者を中心とする国際研究コンソーシアム「FANTOM」の研究グループは、タンパク質を作るRNAよりも多くのncRNAが細胞で発現していることを発見した。この突如見つかった未踏領域は、「RNA大陸の発見」として大きな衝撃を与え、以来、ncRNAの機能を探る研究が精力的に行われている。

今回、国際共同研究グループは、ヒトのncRNAのうち約200塩基以上の長さを持つ長鎖ノンコーディングRNA(lncRNA)の2万7919種について、配列の特徴や発現パターンなどの情報をカタログ化した「ヒトlncRNAアトラス」を作成した。疾患に関わるゲノムDNAの変異情報や、ヒト以外のモデル動物のncRNAの配列情報などと照らし合わせて詳しく解析したところ、1万9175種のlncRNAに何らかの機能があると推定された。ヒトゲノムには遺伝子が約2万あると考えられているが、今回の結果は、それとほぼ同数あるいはそれ以上のlncRNAが機能している可能性を示している。

■プロフィール

Piero Carninci 1965年イタリア・トリエステ生まれ。89年トリエステ大学で生物科学博士号を取得。95年理研ライフサイエンス筑波研究センターSTAフェロー。理研オミックス基盤研究領域プロジェクト副ディレクターなどを経て、2013年から現職。

■コメント—このアトラスはゲノム研究者にとって、ncRNAを読み解く「ロゼッタ・ストーン」だ。



●理化学研究所 量子工学研究領域

中性子ビーム技術開発チーム

副チームリーダー 竹谷 篤

鋼材の塗膜下腐食における水の動きを可視化

建築物や橋梁といった社会インフラなどに使われる鋼材は、水で腐食しやすい。塗装をしても時間がたつにつれて、水が塗膜下に浸入して腐食が進む。そこで、腐

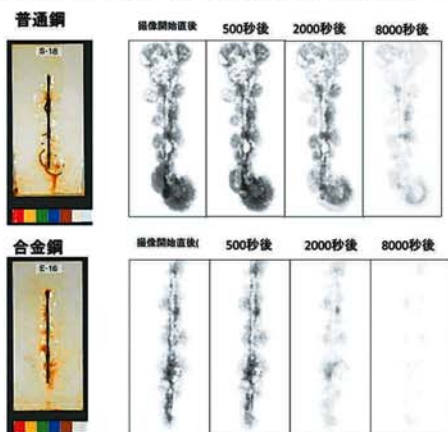


図 普通鋼と合金鋼の試料の水の分布の時間変化

普通鋼と合金鋼の塗膜に人工的に欠陥を作り、そこを起点にできた膨れを成長させた後に水を含ませ、その後自然乾燥する間、中性子透過像を撮影した。普通鋼よりも合金鋼のほうが水の浸入が少なく、乾燥も速いことがよく分かる。なお、この中性子透過像は日本金属学会第67回金属組織写真賞の優秀賞を受賞した。

食の進行を遅らせる塗料や耐食合金鋼などの開発が行われている。そのためには鋼材の腐食メカニズムの解明が必要であり、水に対する感度が高い中性子を用いた非破壊検査が注目を集めている。

理研と神戸製鋼所を中心とする共同研究チームは、「理研小型中性子源システムRANS」を用いて開発した鋼材塗膜下の水の動きを定量的に評価する解析手法を、「大強度陽子加速器施設J-PARC」での実験に適用した。これは、小回りの利く小型中性子源で開発・テストした解析手法を大強度中性子源での長時間・高空間分解能イメージングに適用するという、中性子源の相補利用のモデルケースとして注目されている。まず、簡易塗装された普通鋼と合金鋼に対して、それぞれ塗膜に人工的な欠陥をつくり、JISが定める促進腐食試験により塗膜下に腐食を成長させた。これらの腐食膨れに水を含ませ、自然乾燥するまでの数時間、塗膜下の水の動きをJ-PARCでの中性子イメージングにより詳細に観察した。その結果、普通鋼よりも合金鋼の方が欠陥からの水の浸入が少なく、乾燥も速いことが分かった。

今後、鋼材腐食に関する多くの定量的データを得ることで鋼材の腐食メカニズムが解明され、維持管理コストの低減につながると期待できる。

■プロフィール

たけたに・あつし 1990年広島大学大学院理学研究科後期博士課程修了。理学博士。フェルミ国立加速器研究所博士研究員、理化学研究所研究員(SPring-8、理研ブルックヘブン研究センター、仁科加速器研究センター)などを経て、2013年から現職。

■コメント—検出原理から出発して、中性子でモノがどこまで見えるのかを究めたい。



理研、6月に免疫治療の最前線を紹介する国際シンポジウムを開催

6月22日(木)~23日(金)に東京・青海の東京国際交流館で国際シンポジウム「Decoding Immune Complexity from Cell to System」が開催される。理化学研究所統合生命医科学研究センターと日本免疫学会の合同開催。定員は400人で参加費は無料。使用言語は英語。

免疫現象の解明のため、分子や細胞などさまざまなレベルで、高解像度の分析法による研究が進んでいる。蓄積されるデータをどのように「現象の理解」へつなげるのか、国内外から19人のスピーカーが登場し、免疫治療の最前線を含む幅広い内容の講演を行う。

- ◇日時 6月22日(木)~23日(金) 両日とも9:30~16:30
22日(木)17:30~19:30に懇親会を開催
- ◇場所 東京国際交流館 プラザ平成 会議施設(江東区青海2-2-1)
(ゆりかもめ「船の科学館」東口より徒歩約3分)
- ◇参加費 無料 ※要事前申し込み(6月2日締め切り)
ただし、懇親会については参加費2000円
- ◇詳細 <http://www.ims.riken.jp/events/rcaisymp/2017/>
- ◇問合せ IMS-JSI International Symposium on Immunology 2017事務局
E-mail: ims-jsi2017@riken.jp