

S-face

SFC makes the future through researches

“最強生物”クマムシを通じて 「生命とは何か」を探究

荒川 和晴

VOL.

038

2025 Nov. 発行

和の色：錆青磁



クマムシのゲノム配列を決定 乾眠に関わるタンパク質を解析

“最強生物”として知られるクマムシは、乾眠状態にあるときは超高温・極低温、放射線照射、真空といった極限環境に耐えることができ、水をかけると生き返ったように生命活動を再開します。ここに「物質－生命」の境界を探るヒントがあると考えました。

しかし、実験のためにクマムシを飼育しようにも食性も不明、100～300μmと極めて小さいためゲノム解読も困難でした。そこで私たちは飼育方法を模索するところからスタートし、大量飼育法を確立することで、クマムシのモデル生物化を可能にしました。その上で超微量の分析技術(50pgのゲノムDNAからのゲノム解析法)を開発し、クマムシのゲノム配列を決定。また、遺伝子導入技術(TardiVec)も開発しました。これらの技術は、クマムシ同様に小さな生物種の遺伝子解析に応用可能です。

これまでのクマムシ研究によって明らかになったことの1つが、乾眠に関わるタンパク質の多くが特定の構造をとらない非ドメイン型であり、機能と構造・配列が連関しないことです。ヒトを含めた多くの生物にも同様の非ドメイン型タンパク質が多数存在しており、実は重要な機能を持つ遺伝子群であることがわかってきました。また、水がない乾眠状態でどのように細胞の機能や構造を維持するのかという点に着目して、あらゆる生物の細胞ダメージにとって重要な知見が得られることを期待しています。

ゲノム配列と物性をリンクさせて 洗っても縮まないクモ糸を開発

クマムシと並ぶもう一つのビッグテーマが、クモ糸の研究です。クモの糸は鉄を上回る強度と、ナイロンに匹敵する伸度を持つ地球上で最もタフな素材でありながら、石油に依存せずに作ることができ、さらに生分解可能という、理想的な次世代高機能素材でもあります。

私たちの研究拠点であるIAB(先端生命科学研究所) 発ベンチャーのSpiberが、クモの糸繊維の実用化・大量生産に成功していますが、まだ物性を自在にデザインすることができません。そこでSpiberと共同で、クモ糸のゲノム配列によるデザイン原理を解明しようと試みています。世界中から約1000種のクモを採取し、そのゲノム情報と、糸の物性を網羅的に測定したデータベースを構築し、バイオインフォマティクスにより解析しました。そこから天然のクモ糸が持つ「洗うと縮む」という性質に関わる塩基配列を特定し、その部分を置き換えることで「洗っても縮まない」人工クモ糸の設計に成功しています。

クモ糸は、体内に溶け込んでいて非線形な反応をする酵素などとは異なり、体外で線形な反応を見ることができるタンパク質素材で、遺伝子配列と表現型としての物性を結びつけやすいという利点もあります。クモ糸の解読を通して明らかになったデザイン原理は、髪の毛のケラチン、皮膚のコラーゲンなど他の繊維タンパク質を解読する糸口にもなるでしょう。

クマムシとクモ糸の生物情報から 「生命」を定量的に定義する

生命とは何か—— 未だ誰も答えを見いだせていないこの永遠の問いに対して、
膨大な生物情報をコンピュータで解析するバイオインフォマティクスのアプローチで研究する荒川和晴教授。
乾眠状態になることで不死身(生命活動の可逆的停止)になる“最強生物”クマムシを通じて、
「生命」と「物質」の境界を探究し、「生命」を定量的に定義しようとしています。
豊かな自然と食文化に恵まれた鶴岡タウンキャンパスを研究拠点として、情報・生命の関わりを探究中です。

Outreach activities to raise public awareness of tardigrades

クマムシを知ってもらう アウトリーチ活動

乾眠という「物質」に近い状態では最強のクマムシだが、普通の「生き物」の状態では弱く、飼育がとても難しい。何を食べるのか、繁殖に適した温度や環境など、何もわからないまま飼育方法を模索していった。それと同時に、クマムシのことを知ってもらうためにぬいぐるみを作り、子どもたちが集まる博物館などで無料講義を重ね、実験対象とし

てのクマムシの認知度を高めていった。こうしたアウトリーチ活動が、アカデミックにクマムシ研究を進める上でも必要だった。



Developing a database by measuring spider silk from more than one thousand species of spiders

約1000種類のクモの糸を測定した データベースを構築

クモ糸研究では、1098種類のクモの糸の繊維タンパク質のゲノム配列を包括的にカタログ化するため、機械的、熱的、構造的、水分保持特性を測定。繊維タンパク質のゲノム配列とこれらの特性につながる表現型を組み合わせ、各特性に寄与する多数のアミノ酸配列パターンを明らかにした。このデータベース「Spider Silkome Database」は、次世代のバイオマテリアルに役立てることを目的に、世界中に無料で公開している。



A world-leading bioinformatics research center

世界をリードする バイオインフォマティクス研究拠点



IAB(先端生命科学研究所)は、ゲノム、メタゲノム、トランスクリプトーム、プロテオーム、メタボロームなどの生物データを網羅的に解析し、大量のデータをコンピュータで分析・モデリング・シミュレーションして理解するための研究拠点。メタボロームキャンパスには、50セットもの分析装置が設置されている。充実した研究環境の中、ビッグデータに基づく生命科学の「総合システムバイオロジー」のバイオニアとして世界的に注目を集めている。



生物学の発展に不可欠な バイオインフォマティクス

21世紀に入り、生物を構成するあらゆる要素について、網羅的かつ定量的な測定が可能になりました。生物の設計図であるDNAの情報ゲノム、数千～数万のメッセンジャーRNAを網羅的に定量するトランスクリプトーム、数万種類のタンパク質を網羅的に定量するプロテオーム、さらに私たちIAB(先端生命科学研究所)が開発した細胞内の数千種類の低分子化合物を網羅的に測定するメタボロームによって、生物のあらゆる情報をデータとして取得することができます。

現在の生物学では、この膨大な量のデータをコンピュータを用いて解析するバイオインフォマティクスの視点が不可欠です。複雑すぎる生き物そのままを捉えようとするのではなく、間接的に得られる情報を駆使することで生き物というシステムを理解する環境情報学的なアプローチこそ、ここSFCで取り組む意義があると考えます。

私たちはそのためにさまざまなソフトウェアを開発してきました。ゲノム解析の統合ソフトウェア環境「G-language Genome Analysis Environment」は、世界中の研究者による数百の論文で引用されています。SFC発の全細胞シミュレーションソフトウェアE-Cellを可視化する「E-Cell 3D」などのツールも幅広く使用されています。私たち自身もこれらのツールを活用し、「生命とは何か」を解き明かすことに挑み続けます。

Profile 荒川 和晴

慶應義塾大学先端生命科学研究所所長、慶應義塾大学大学院政策・メディア研究科教授・環境情報学部教授。2006年慶應義塾大学大学院政策・メディア研究科修了。博士(政策・メディア)。慶應義塾大学大学院政策・メディア研究科特別研究助教、同特任講師、同特任准教授、環境情報学部准教授などを経て、2022年より現職。専門はシステム生物学、バイオインフォマティクス。

詳しくはWebサイトへ
詳細インタビューや動画も
ご覧いただけます

S-face

検索



慶應義塾大学 湘南藤沢キャンパス(SFC)
慶應義塾大学 SFC研究所
慶應義塾大学 湘南藤沢事務室 学術研究支援担当
〒252-0882 神奈川県藤沢市遠藤5322
E-mail: info-kri@sfc.keio.ac.jp