

報道関係者 各位

2013年7月22日

国立大学法人 東京農工大学

大学共同利用機関法人 情報・システム研究機構
ライフサイエンス統合データベースセンター

パーキンソン病様のカイコを発見 ～パーキンソン病治療薬開発および治療法発展に寄与～

国立大学法人東京農工大学 女性未来育成機構（農学研究院 生物生産部門を兼務）の天竺桂弘子（タブノキ ヒロコ）講師と、大学共同利用機関法人 情報・システム研究機構 ライフサイエンス統合データベースセンター 坊農秀雅特任准教授を中心とする研究グループは、カイコの大規模遺伝子解析手法を開発・応用し、カイコ変異体系統の1つに人間のパーキンソン病と似た特徴があることを発見した。この成果はパーキンソン病の病態進行メカニズムの解明に役立つだけでなく、カイコ変異体がパーキンソン病モデル動物として医薬品開発研究で応用できる可能性がある。

本研究成果は、米国の科学雑誌 **PLOS ONE** オンライン版（7月24日 17:00（アメリカ東部標準時間））に掲載されます。 <http://dx.plos.org/10.1371/journal.pone.0069130>

※ 報道解禁は7月25日午前6時となります。

現状：パーキンソン病(Parkinson's disease; PD) では、症状の進行に伴って血液中の尿酸量が減少することが報告されているが、その理由はこれまで不明だった。PD 研究で用いられている生物種には、尿酸代謝系に異常を持つ変異体は発見されていない。

研究体制：本研究では東京農工大学、ライフサイエンス統合データベースセンターが中心となり、遺伝子の機能アノテーションが未解明な生物種であるカイコの DNA マイクロアレイのデータの解析手法を構築できたことが突破口となった。またカイコ変異体系統の供給、DNA マイクロアレイ解析、それに続く遺伝子機能解析を九州大学、東京大学、農業生物資源研究所、明治薬科大学の各機関と連携して遂行し、パーキンソン病の原因遺伝子が尿酸代謝に関与している可能性を見出すことができた。

研究成果：東京農工大学およびライフサイエンス統合データベースセンターのグループはカイコ遺伝子発現大規模解析手法“カイコ遺伝子機能アノテーションパイプライン”を開発し、パーキンソン病の症状に似た特徴があり、なおかつ尿酸代謝系に異常を持つユニークなカイコ変異体系統の DNA マイクロアレイデータを解析した（図1）。その結果、このカイコ変異体系統ではパーキンソン病原因遺伝子の1つが尿酸代謝を制御している可能性（図2）が示唆され、これまで知られていなかった尿酸代謝調節機構を発見した。

今後の展開：研究チームが発見したカイコ変異体系統は、パーキンソン病モデル動物として応用できる可能性が高く、今後の医薬品および治療法の開発が促進される。

掲載論文：Hiroko Tabunoki, Hiromasa Ono, Hiroaki Ode, Kazuhiro Ishikawa, Natsuki Kawana, Yutaka Banno, Toru Shimada, Yuki Nakamura, Kimiko Yamamoto, Jun-ichi Satoh and Hidemasa Bono. “Identification of key uric acid synthesis pathway in a unique mutant silkworm *Bombyx mori* model of Parkinson's disease” *PLOS ONE* 8(7): e69130. (2013) doi:10.1371/journal.pone.0069130



①大規模な配列類似性検索(TBLASTX)により、カイコとヒトの遺伝子対応表を作成した。

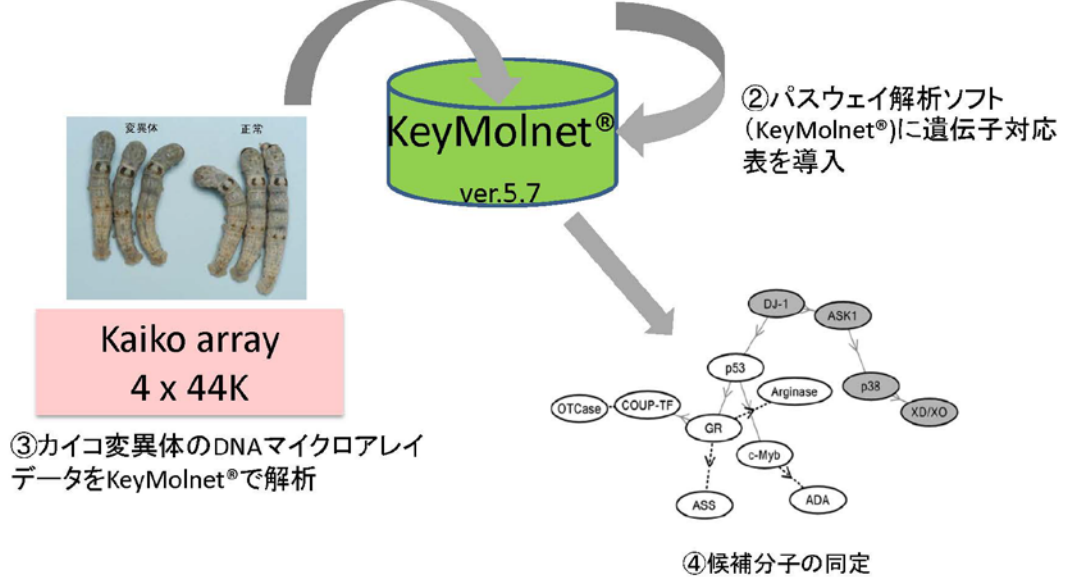


図1 本研究の戦略

遺伝子機能アノテーションのついていない生物種において大規模遺伝子発現解析をするために“カイコ遺伝子機能アノテーションパイプライン”を構築し、カイコ変異体のDNAマイクロアレイ解析を行った。

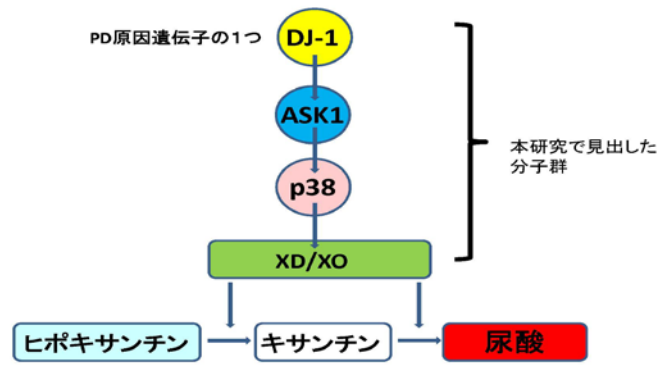


図2 本研究における成果のまとめ

尿酸合成に関与するキサンチンオキシダーゼ/キサンチンデヒドロゲナーゼ (XD/XO) の機能調節にパーキンソン病の原因遺伝子の1つ DJ-1 が関与している可能性が示唆された。

◆ 研究に関する問い合わせ ◆

東京農工大学・女性未来育成機構
 講師 天竺桂 弘子 (タブノキ ヒロコ)
 TEL/FAX : 042-367-5613