

ミツバチの 全ゲノム解読完了～1

佐々木 哲彦

昨年の秋、ミツバチの全ゲノム解読（解説参照）が完了したことを報告する論文が、英国科学雑誌ネイチャーに発表された（The Honeybee Genome Sequencing Consortium. 2006. Insights into social insects from the genome of the honeybee *Apis mellifera*. Nature 443: 931-949）。ゲノムとは生物がもつ全遺伝情報のことである。全ゲノム解読はミツバチを研究する多くの者が切望していたことで、2006 年はミツバチ研究の歴史のなかで、記念すべき年であったといえる。そこで、ネイチャー誌に掲載された論文の内容を今月号と次の号の2回に分けて紹介したい。

全ゲノム解読には多大な労力と費用がかかる。米国イリノイ大学の Gene Robinson 博士がリーダー役を務めて遂行したミツバチ・ゲノムプロジェクトには、日米欧を中心に 90 研究グループから総勢 230 名の研究者が参画し、総額で 10 億円ほどの研究費が投じられた（図1）。これだけの労力と費用を投入してまでミツバチのゲノムを解読することに、一体どのような価値があるのか？ 今回はネイチャー誌の



図1 ミツバチの観察巣箱と Robinson 博士

論文の緒言をもとに、ミツバチのゲノム解読の重要性について述べる。

昆虫のゲノムプロジェクト

ミツバチは昆虫の仲間としては3番目に全ゲノムが解読された（コラム参照）。最初に全ゲノムが解読された昆虫はショウジョウバエである（図2）。ショウジョウバエは、一般の方々にはあまり馴染がなく、台所の流しの三角コーナーの回りにわく、少しうっとうしいだけの小さなハエであるが、生物学の重要な研究対象であり、研究データベースに「ショウジョウバエ」と入力して検索すると、5万件を超える科学論文がヒットする。ちなみに「ミツバチ」で検索結果は、その10分の1ほどである。ショウジョウバエは、狭いスペースで簡単に大量に飼育でき、卵から成虫になるまでの期間が2週間ほどと短いため、交配実験による遺伝学の研究材料にはうってつけである。さらに人為的に遺

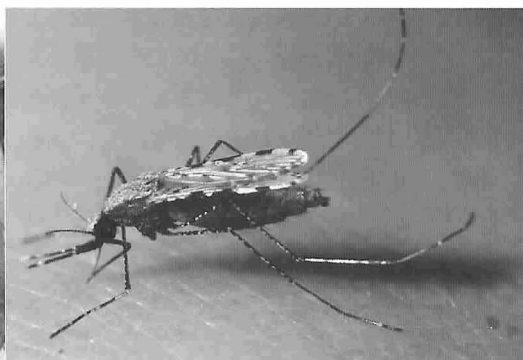
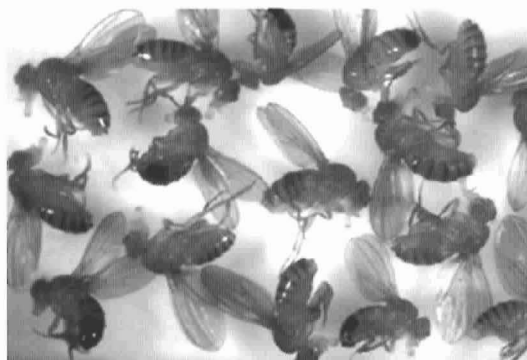


図2 最初に全ゲノム解読が完了したショウジョウバエ（写真提供：安佛尚志博士）と第2番目に解読が完了したハマダラカ（写真提供：狩野繁之博士）

伝子を操作する方法論が確立されていて、最先端の遺伝子研究にも理想的な実験材料になっている。

昆虫で2番目に全ゲノムが解読されたハマダラカは、マラリア原虫を媒介する衛生害虫である(図2)。マラリア感染症はマラリア原虫という単細胞の微生物によって引き起こされ、原虫に感染した患者の血液を吸ったハマダラカが、次に別の人を刺すことで感染が拡大する。狂犬病と同じく、海外旅行者を除けば、日本でマラリアが問題となることはないが、アフリカや東南アジアなどの熱帯、亜熱帯地方では、いまでもマラリアの脅威は極めて深刻である。全世界で1年間に3億～5億人の患者、150万人～270万人の死者があると推計されており、マラリア制圧の新しいアプローチの開拓に向け、全ゲノムが解読された。

では、ミツバチがゲノムプロジェクトの対象者に選ばれたのは何故か? 遺伝子研究の理想的な材料でもなければ、多くの命を奪う害虫で

もない。もちろん、ミツバチはハチミツを生産し、農作物の花粉を媒介する農業上の重要な有用昆虫である。しかし、それだけではゲノム解読の対象とはなりえない。ゲノムが解読されるまでもなく、現にミツバチはハチミツを生産し、花粉媒介の仕事を果してくれているのだから。実はミツバチは基礎生物学の研究対象としての重要な特性をもち、そのために巨額の研究資金を投じてゲノム解読が実施されることになった。もちろん、その成果は将来的に農業上の有用昆虫としてのミツバチの応用研究にも還元されることになる。

カースト分化と性決定

研究対象としてのミツバチの最大の魅力は、社会性をもつことであろう。巣内には一匹の女王蜂と数千から数万匹の働き蜂が同居している(図3)。働き蜂は基本的には産卵能力をもたないが、女王蜂と同じく雌であり、女王蜂と同じ遺伝子を持っている。このことは、ごくまれに

銅メダルは誰の手に?

3番目にゲノムが解読された昆虫について、実はミツバチが3番目かカイコが3番目かという議論がある。カイコの研究者は、カイコが3番目に全ゲノムが解読された昆虫であると主張している。たしかに2004年に、日本と中国のグループが、それぞれ独立にカイコのゲノムを解読したという論文を発表している。しかし、これは不完全な概要版であり、明らかにミツバチゲノムの論文より完成度が低いため、ミツバチの研究者はミツバチが3番目であると考えている。カイコゲノムに関する完成度の高い論文は近いうちに発表されることになっている。一方、そもそもミツバチもカイコも3番目の昆虫ではないという意見もある。実は、最初にショウジョウバエの一種であるキイロショウジョウバエのゲノムが解読されたあと、それに続いてウスグロショウジョウバエのゲノムが

解読された。キイロショウジョウバエとウスグロショウジョウバエは別種の昆虫なので、1番と2番目がともにショウジョウバエで、3番目がハマダラカであるという考えである。しかし、ともにショウジョウバエであることに変わりはないことから、ミツバチとカイコの研究者は、一番がショウジョウバエ、2番がハマダラカということで意見が一致している。ミツバチの研究者にとっても、カイコの研究者にとっても、自分たちが研究の対象とする生物のゲノムが解読されたことが重要であって、それが3番目であろうが、4番目であろうが、実質的にはまったく意味のないことである。しかし、オリンピックで3番まではメダルがもらえるが、4番や5番ではただの入賞であることに重ね合わせると、自分たちが3番手であると言いたい気持ちは互いに譲れない。



図3 女王蜂を取りまくミツバチの働き蜂
ゲノム解読によってこのカースト分化の
メカニズムの解明も進むであろう。

働き蜂も産卵することや、働き蜂用の巣房の中にいる、孵化後まもない幼虫を王台に移虫すれば、女王蜂に育て上げることができることから明らかである。ミツバチの巣を見慣れた人には、女王蜂と働き蜂（不妊雌）がいることは、ごく普通のことだと思われるかもしれないが、産卵能力をもつ雌と、産卵能力を持たない雌に分かれていること（カースト分化という）は、他の動物にはないミツバチなどの蜂の仲間に特有の際立った特徴である。

次に雌雄の決まり方に注目してみたい。一部の例外を除けば、動物には同一種内に雌と雄という生殖上の役割を異にする個体が存在する。ヒトを含む哺乳類では、雌と雄は、性染色体がXであるかYであるかで決まる。ヒトは22対の常染色体（雌雄共通）と1対の性染色体（XまたはY）で合計46本の染色体をもつ。鳥類や爬虫類では、XY型の性染色体ではなく、ZW型の性染色体をもつが、1本の性染色体で雌雄が決まることに変わらない。昆虫類でも、ほとんどの場合、XY型かZW型の性染色体で性決定がおこる。ところが、ハチの仲間の性決定は、受精卵が雌に、未受精卵が雄になるという仕組みになっている。このような性決定様式を半数倍数性という。交尾を終えたミツバチの女王蜂は、雄蜂から受けとった精子を貯精嚢に蓄え、働き蜂用の巣房に産卵するときは、この精子を使って受精卵を産み、雄蜂用の少し大きめの巣房には、精子を使わないで未受精卵を産みつけ

ることで、働き蜂と雄蜂を産み分ける。一度の交尾飛行で蓄えた精子を1～2年間も使い続けることができること、卵の段階で雌の半分の遺伝子量しかもたない未受精卵から雄個体が造られることなど、ミツバチは他の多くの動物にはない生命現象を研究者に提供してくれる。

ミツバチの学習能力とダンス言語

21世紀は脳の時代であると言われている。ミツバチは抜群に頭の良い昆虫であることも、ゲノム解読を実施する大きな動機となった。特定の場所に巣をもたず、一匹だけで生活している昆虫と違い、社会性昆虫であるミツバチには立派な巣があり、そこに大量の食物を蓄えている。花蜜や花粉を集める採餌蜂は、巣から数km離れたところまで飛んでいくこともある。ミツバチの体長を1cmとして、5km先まで飛んだとすると、巣から体長の500,000倍のところまで出かけたことになる。この飛行距離を身長170cmの人に例えれば、850kmに相当する。巣を起点とする長距離飛行は、飛行中に外界からの多くの情報を収集し、それを脳に蓄えることで初めて可能になる。さらに餌を集めて巣にもどった蜂は、採餌に適した花畑の場所を、尻振りダンスによって他の巣仲間伝える（図4）。このミツバチの言葉では、お尻を振る時間が巣から餌場までの距離を、重力方向に対するダンスの向きが、巣から見た太陽と餌場の角度を表している。実際の距離と方向が、ダンスの時間と角度に抽象化されて表現されて



図4 ミツバチの尻振りダンス
情報伝達手段として高度に発達している

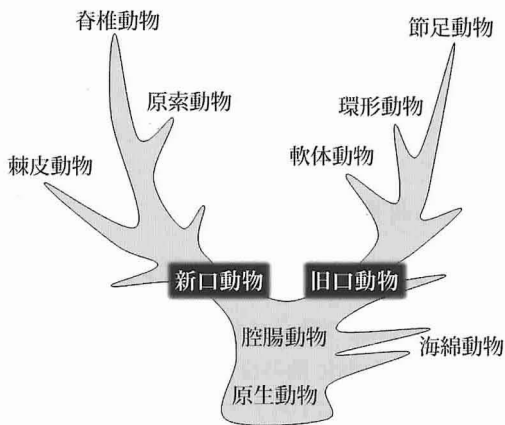


図5 動物の系統進化 ヒトは脊椎動物として新口動物の頂点に、ミツバチは節足動物として旧口動物の頂点に位置する。

ることから、このような言語を抽象言語または記号言語という。動物の中でもっとも洗練された抽象言語を用いるのは、いうまでもなく私たち人間であるが、昆虫の中にも抽象言語を使用するものいることは、驚くべき発見であり、ミツバチの言葉の発見者である Karl von Frisch は、1973 年にノーベル生理学・医学賞を受賞した。当然、Frisch は類まれな卓越した研究者であったであろうが、そもそもミツバチが優れ

た学習能力をもち、抽象言語まで使うような、類まれな昆虫だったのである。

動物は系統進化学的に、新口動物と旧口動物に大きく二分される(図5)。脊椎動物(ヒトを含む)に代表される新口動物と、節足動物(昆虫類など)などの旧口動物は、先カンブリア紀の初期に分岐したと推定されている。それから数億年の進化を経た現在、脳の発達という視点から見れば、高度な社会生活を獲得したヒトとミツバチは、それぞれ新口動物と旧口動物の頂点に位置している。

社会性、半数倍數性の性決定、優れた学習能力と抽象言語、さらに進化学的視点から見たヒトとの関係など、基礎生物学の研究対象としての重要性と、農業上の有用昆虫としての重要性を鑑みれば、ミツバチの全ゲノム解読が実施されたことは、むしろ当然のことであったといえる。今回は、ゲノム解読で得られた成果と、その成果が今後ミツバチの基礎研究や応用研究にどのように波及していくかについて紹介する。

《次号に続く》

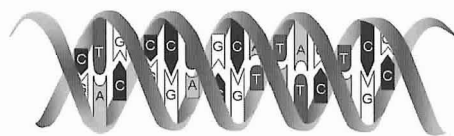
(〒 194-8610 町田市玉川学園 6-1-1

玉川大学ミツバチ科学研究施設)

解説:全ゲノム解析

1つの遺伝子からは1つのタンパク質が作られる。例えばヒトの体には3万種類を超えるタンパク質がある。すなわちヒトは3万個以上の遺伝子をもっていることになる。そして、これらの3万個以上の遺伝子からなる遺伝情報のすべてをゲノムという。したがってゲノムという言葉自体に、すでに「すべて」という意味があり、全ゲノムという表現には重複があるが、「すべて」を強調する際に、全ゲノムという言い方をすることがある。遺伝情報をもつ物質はDNA（デオキシリボ核酸）で、4種類のヌクレオチドとよばれる化合物が、2重らせん構造をとりながら並んだひも状の物質である。4種類のヌクレオチドは、リン酸と糖からなる共通の基本構造と、

アデニン (A), チミン (T), グアニン (G)
 またはシトシン (C) とよばれる 4 つの塩基
 のいずれか 1 つをもつ。別の言い方をすれば、
 生物の遺伝子は 4 つのアルファベットで書か
 れていることになる。全ゲノムが解読された
 ということは、ミツバの DNA 上で A, T, G, C
 がどのように並んでいるかを、すべて明らか
 にしたことを意味し、そこからどのようなタン
 パク質がつくられるかを予想することがで
 きる。



DNAの2重らせん構造. AとT, CとGが対を作る
(イラスト: 加々美貴弘)