

## メタボロミクスの技術的問題と可能性

関山恭代

近年、植物に与えた種々の刺激（環境変化、栄養状態変化、遺伝型変化）がリーズナブルなメタボローム（代謝物総体）変動として観測された例が報告されるにつれて、メタボローム解析（メタボロミクス）が有用技術として認知されてきた。しかしながら、我々が期待するように、メタボローム変動から生物に起こった種々の摂動を明確に解き明かすことは現状では不可能である。多くの場合メタボロミクスは、従来の技術では識別不能であった微細な表現型を解析するための精密表現型解析法として用いられており、植物体ライブラリー、形質転換植物体ライブラリーのスクリーニング手段として実際に欧米のベンチャービジネスによって活発に運用されている。これらの目的は主に、有用形質と関連遺伝子の関係を明らかにし、商業植物へと応用することであり、原因と結果の関係はある程度ブラックボックスと容認しながら、プロジェクトが推進されている。

メタボロミクスは、各ステップ（生物育成、サンプル調製、誘導体化、分離分析、データ変換）が実験誤差を発生する要素を含み、標準技術の確立が極めて困難であり、研究対象ごとの各論が展開されている。この現状がメタボロミクスの一般的な理解と普及を妨げる一因となっている。今回、メタボロミクス研究手法における技術的問題点を解説し、メタボロミクスがポストゲノム科学にどのような形で貢献できるか、その可能性を考察したい。

### 紹介論文

Integration of transcriptomics and metabolomics for understanding of global responses to nutritional stress in *Arabidopsis thaliana*. Hirai, M. Y. *et al.*, *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, **2004**, *101*, 10205-10210

### 要旨

植物代謝の複雑な過程の組み合わせにより、多様な農作物、薬用植物、工業用植物が生み出されている。シロイヌナズナ、イネのゲノム塩基配列の決定により、すべての“オーム科学”を総括するポストゲノム研究が、細胞内のシステム全体を正確に描き出せる可能性が現れてきた。ここに我々は、シロイヌナズナにおけるイオウ代謝・窒素代謝の制御、ならびに二次代謝の遺伝子-代謝物のネットワークについて、メタボロミクスとトランスクリプトミクスをまとめた初めての例を報告する。

### 参考論文

- 1) Discovery of sulfated metabolites in mycobacteria with a genetic and mass spectrometric approach. Mougous, J. D. *et al.*, *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, **2002**, *99*, 17037-17042.
- 2) Global metabolite analysis: the influence of extraction methodology on metabolome profiles of *Escherichia coli*. Ram, P. M. *et al.*, *Anal. Biochem.*, **2003**, *313*, 145-154.