科学研究費助成事業(科学研究費補助金)研究成果報告書

平成 24年 6月 1日現在

機関番号: 1 2 6 0 1 研究種目:基盤研究(B) 研究期間: 2009~2011 課題番号: 2 1 3 8 0 0 7 6

研究課題名(和文)ライフスタイルを包括した統合型ニュートリオミクス研究の基礎と展開

研究課題名(英文)Basic and Applied Research on Integrated Nutriomics Encompassing Various Aspects of Lifestyle

研究代表者

加藤 久典 (KATO HISANORI)

東京大学・総括プロジェクト機構・特任教授

研究者番号: 40211164

研究成果の概要(和文):

食品を摂取した動物がどのような応答を示すかを、多数の分子を網羅的に解析するオミクス解析という手法で解析した。遺伝子発現量、タンパク質量、代謝物量など、様々な網羅的解析を組み合わせた。この方向の研究を推進するためのデータベースや解析ツールを改良し、その有効性を実証した。食品のみならず、運動や日内リズムなど関係する生活習慣の影響も合わせて解析することに成功した。

研究成果の概要 (英文):

Methods for analyzing huge kinds of biological molecules, which are so called "omics" methods, were employed to exhaustively examine the response of animals to consumption of specific foods. Multiple exhaustive analyses including those for the levels of mRNA, proteins, and metabolites were combined. Efforts were made to improve a database and an analytical tool for the promotion of these types of researches, and their effectiveness was proved. The effects of factors relating to dietary habits, which include exercise and circadian rhythm were also examined.

交付決定額

(金額単位:円)

	直接経費	間接経費	合 計
2009 年度	7, 100, 000	2, 130, 000	9, 230, 000
2010 年度	3, 700, 000	1, 110, 000	4, 810, 000
2011 年度	3, 200, 000	960, 000	4, 160, 000
年度			
年度			
総 計	14, 000, 000	4, 190, 000	18, 200, 000

研究分野:農学

科研費の分科・細目:農芸化学・食品科学

キーワード:ニュートリゲノミクス、遺伝子発現、栄養、生活習慣、運動、日内リズム

1. 研究開始当初の背景

網羅的分子解析技術が進化して、食品の機能や安全の研究においても、トランスクリプトーム解析等がさかんに活用されるようになってきた。しかし、このような膨大なデ

ータが得られる実験系に栄養・食品学者が参 入するにあたって、新しい情報処理の概念を 前提としていない場合が多く、十分な解析を 行えない、あるいは誤った結論を導く可能性 も高くなっていることは否めない状況であ った。また、正しい栄養の摂取や食品の機能性の活用という意味において、何を食べるかという点の他に、「いつ」「どのように」食られるかという部分も重要であることもさられるに至っている。健康に関する食品の影響に強く影響を及ぼしうると生活習慣のうち、運動と目内リズムはるとにるな時間栄養学の進歩が著しく、食品と生活であるとは、時間栄養学の進歩が進んできた。の食り、なり、なり、なり、なり、との重要性は明かられて推進することの重要性は明白と考えられた。

代表者らは、既にニュートリゲノミクスデータスでは、既にニュートリゲノミクスデータを構築・公開し、食品の分野ではるオミクスデータを有効に利用する道に利用する方とで表してきた。一種類のオミクス、解析には、メタボロミクスといった、様報には、よりにし、このにないであるとのできるツールの構築は、それらの情報を含めた。また、それらの情報を含めた。また、それらの活用を含めたの機能性解析において効果的に答をを解しておいる業人の心臓を表している。また、それらの活用を含めた。また、それらの活用を含めた。また、それらの活用を含めた。また、それらの活用を含めた。また、それらの活用を含めた。また、それらの活用を含めた。また、それらの活用を含めた。また、それらの活用を含めた。また、それらの活用を含めた。

2. 研究の目的

本研究は、食事の内容に加えて、運動や生活リズムなど他のファクターを視野に入れ、各種の生体分子の網羅的解析を組み合わせて行って、食が生体に及ぼす影響を総合的に理解することを目的とした。まず、運動による肝臓の遺伝子発現プロファイルへの影響を明らかにし、また運動パフォーマンスによる肝臓のとされているタウリンに着目し、よいあるとされているタウリンに着りし、また、生体リズムを明らいとすることを試みた。また、生体リズムに設ける摂食の影響を探るために、摂食後に速に発現が変動する遺伝子を網羅的に探索することにした。

また従来の食品機能のオミクス解析は、トとんどであるが、プロテオームやメタが取りなであるが、プロテオームやメタの取りなが、プロテオームやメタの取りなが、プロテオームやメタの取りであるが、プロテオをかれて、カロリーになりにはからなかである。またのは、ないであるでは、タンパク質栄養悪化への応答をして、ツールがあるに推進するため、データのであるため、それらのととをがいるに推進するため、データのが表しての、食品の機能性解析の応用を消しての、大きクスデータの解析を進した。オミクスデータの解析を進した。オミクスデータの解析を進した。オミクスデータの解析を進

めることも試み、膨大なデータを効率的に解析できるツールであることを実証した。包括的なニュートリオミクスのもう一つの方向として、ライフステージの一時期の栄養とその後の表現型との関係を、胎児期低タンパク質の系を用いて明らかにすることも試みた。

3. 研究の方法

ラット (Wistar 系、SHRSP 系、SD 系) また はマウス (C57BL) を試験期間の飼育の後、 深麻酔下で採血を行い安楽死させた。肝臓、 筋肉、脂肪組織等を採取し、それらから RNA の抽出やタンパク質の調製を行った。RNA は DNA マイクロアレイ解析 (GeneChip, Affymetrix) に供し、いくつかの遺伝子の発 現に関してはリアルタイム PCR によって、 mRNA 量の結果を確認した。プロテオーム解析 については、2次元電気泳動により各群で有 意に量の異なるタンパク質スポットを確認 し、スポット中のタンパク質をトリプシン処 理後に MALDI TOF-MASS により同定した。メ タボローム解析については、Human Metabolome Technologies 社に委託し、 CE-MASS によって行った。

4. 研究成果

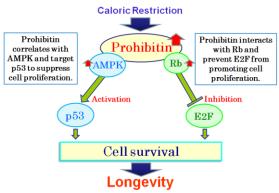
まず、最も適切な運動モデルを設定するた め、運動の方法、時間、強度の検討を行った。 高脂肪食を摂取させたラットをトレッドミ ルで走行させ、遺伝子発現の変化を DNA マイ クロアレイにより網羅的に解析したところ、 グルココルチコイド受容体などの変化が認 められた。さらに、運動負荷と食品成分の相 互作用を明らかにするため、2週間タウリン を与え ICR マウスにおいて、トレッドミルに より 30 分運動をさせ、肝臓において脂質代 謝や糖代謝に関わる遺伝子の発現を解析し た。脂肪酸不飽和化酵素 SCD1 の発現がタウ リン群で有意に減少しており、脂肪合成が減 少していることが示唆された。タウリン投与 の遺伝子発現に対する効果を DNA マイクロア レイ解析により調べた結果では、カルボン酸 代謝、プロテインキナーゼ経路、細胞死抑制 に関わる遺伝子群が顕著に発現変動してい た。筋管細胞を用いての検討では、タウリン により糖の利用が低下することが明らかと なり、エネルギー源として脂質の利用が向上 していることが示唆され、長時間の運動を効 率よく行うことに寄与していると考えられ

さらに、生体リズムが栄養素などの食事因子の効果にどのような影響があるかを調べる基礎データとして、短時間摂食後に末梢での発現が変動してくる時計遺伝子を肝臓のDNAマイクロアレイ解析により調べた。Per2遺伝子が摂食刺激の応答を非常に顕著に受けることなどが明らかとなり、今後食事と時

間因子との組み合わせを解析する上でのツ ールとして有効であると考えられた。

マイルドなカロリー制限によって、肝臓のプロヒビチンの量が上昇することを既にプロテオーム解析から明らかにしているが、本年度プロヒビチンの寿命延伸効果に関わるAMPKやRbに関して、マイルドカロリー制限ラット肝臓における遺伝子発現が増加していることなどを明らかにし、プロヒビチン経路がカロリー制限による健康効果に寄与していることを確認した(図1)。この結果は、マイルドなカロリー制限の影響に関しての大ランスクリプトミクスとプロテオミクスの成果の融合から得られたものである。

また、トランスクリプトミクスとメタボロミクスの統合を目指し、既に得ているタンパク質栄養悪化(無タンパク質食摂食)ラットの肝臓を用いて、メタボロミクス解析に供した。TCA サイクルの中間体や、グルタチオン関連の変化が多く認められ、トランスクリプトミクス解析結果との多くの対応を見出すことができた。



一方、ニュートリゲノミクスデータベース (http://www.nutrigenomics.jp) に関して は、インターフェースのさらなる改良や動作 の高速化を図り、より便利なツールとして完 成に近づけた。トランスクリプトミクス、プ ロテオミクス、メタボロミクスのデータを統 合して俯瞰できる機能を付与させた。これま でに取得したデータの解析に応用し、統合オ ミクス解析のツールとしての有効性を検証 した。例えば、ラットへのアミノ酸(ロイシ ン) 過剰投与の影響について、トランスクリ プトームとメタボロームを組み合わせて解 析を行い、両者で顕著な変化を示した因子に ついてクラスター解析に供したところ、両手 法の結果は良く相関することが確認された。 マウスおよびラットを高脂肪食で飼育し、同 時にコーヒーポリフェノールや香辛料成分 を摂取させ、肝臓、筋肉について、DNA マイ クロアレイ解析を行って、その効果を網羅的 に検討した。コーヒー成分では、PPAR gamma とその標的遺伝子の変動が顕著であること が見出された。また、プロテオミクス解析お

よびメタボロミクス解析を行ったところ、 TCA サイクルや尿素サイクルの上昇が見られ、 エネルギー産生の増加が示唆される一貫し た結果が得られた。香辛料特にシナモンの摂 取による遺伝子発現プロファイルの変化を 既存のマイクロアレイデータと比較するこ とで、香辛料の新たな機能性を解明すること が可能となった。さらにロイシン摂取ラット において、肝臓および血液のトランスクリプ トームとメタボロームの解析を行い、それら 両者からロイシン過剰摂取に応答するバイ オマーカーを抽出する手法も確立した。一方、 遺伝的高血圧易発症ラットモデルにおいて、 妊娠時に低タンパク質食を与え、仔ラットの 成長後の血圧を解析するとともに、腎臓等に おける遺伝子発現プロファイルの解析を進 めた。胎児期栄養悪化により、カリクレイ ン・キニン系やアラキドン酸経路の遺伝子が 多く変動していた。これにより、前年度まで に進めてきた運動や生体リズムという要因 に加えてライフステージの視野も取り込ん での統合オミクスとして発展させることが できた。以上、食品関連分野における統合オ ミクスの試みは、世界で初めてであり、その 有効性を内外にアピールすることに成功し

5. 主な発表論文等

(研究代表者、研究分担者及び連携研究者には下線)

〔雑誌論文〕(計11件)

- ①Otani, L., Sugimoto, N., Kaji, M., Murai, M., Chang, S.-J., <u>Kato, H.</u> and Murakami, T. Role of the renin- angiotensinaldosterone system in the enhancement of salt sensitivity caused by prenatal protein restriction in stroke-prone spontaneously hypertensive rats. J. Nutr. Biochem. 查読有、印刷中、2012 DOI:10.1016/j.jnutbio.2011.04.014
- ②Kato, H., Takahashi, S. and Saito, K. Omics and integrated omics for the promotion of food and nutrition science. J. Trad. Comp. Med. 查読無、2011, 1, 25-30, DOI: 10.6219/jtcm.2011.009-R
- ③Takahashi, S., Masuda, J., Shimagami, H., Ohta, Y., Kanda, T., Saito, K. and Kato, H. Mild caloric restriction up-regulates the expression of prohibitin: A proteome study. Biochem. Biophys. Res. Commun. 查読有、2011、405,462-467 DOI: 10.1016/j.bbrc.2011.01.054
- (4) Wu, T., Ni, Y., Kato, H. and Fu, Z. Feeding-induced rapid resetting of the hepatic circadian clock is associated with acute induction of Per2 and Dec1

transcription in rats. Chronobiol. Int.査読 有、2010、27, 1-18

DOI: 10.3109/07420520903398625

- ⑤Kamei, A., Watanabe, Y., Ishijima, T., Uehara, M., Arai, S., <u>Kato, H.,</u> Nakai, Y. and Abe, K. Dietary iron deficiency induces a variety of metabolic changes and even apoptosis in rat liver: a DNA microarray study. Physiol. Genomics 查 読有、2010, 42,149-156
- DOI: 10.1152/physiolgenomics.00150.2009
- ⑥Wu, T., Ni, Y., Dong, Y., <u>Kato, H</u>. and Fu, Z.W. Regulation of circadian gene expression in the kidney by light and food cues in rats. Am. J. Physiol. Regul. Integr. Comp. Physiol. 查読有 2010 298, 635-641 DOI: 10.1152/ajpregu.00578. 2009

[学会発表] (計 17件)

- ①加藤久典 網羅的解析技術による食品の機能性研究の現状 第65回 日本栄養・食糧学会大会 2011年5月15日 お茶の水女子大学
- ②Takahashi, S., Masuda, J., Shimagami, H., Ohta, Y., Kanda, T., Saito, K., <u>Kato, H.</u> Mild caloric restriction up-regulates the expression of prohibitin: A proteome study. 11th Asian Congress of Nutrition 2011年7月15日 シンガポール
- ③Saito, K. and <u>Kato, H</u>. Keggle: Web-based visualization tool of omics data for the promotion of nutri-omics study. 11th Asian Congress of Nutrition 2011 年 7 月 15 日シンガポール
- ④<u>加藤久典</u> 統合オミクス技術と食品機能性 解析第6回核酸・核タンパク機能性研究会 学術大会 2011年8月8日北海道恵庭市
- ⑤高橋祥子、桝田旬子、島上洋、太田豊、神田智正、斉藤憲司、加藤久典 穏やかなカロリー制限による Prohibitin の発現上昇2011 年日本農芸化学会大会 2011 年3月26日、京都女子大学(京都府)
- ⑥<u>加藤久</u>典 ニュートリオミクスがもたら す栄養学の新展開 日本農芸化学会関東支 部大会 2010 年 10 月 2 日 近畿大学(奈 良県)
- ⑦斉藤憲司、小笠原由貴、加藤久典 食品因子・運動負荷・薬剤がラット肝脂質代謝に 与える影響のトランスクリプトーム解析

- 第 64 回日本栄養・食糧学会大会 2010 年 5月 23 日 アスティ徳島(徳島県)
- ⑧大谷りら、斉藤憲司、末安俊明、村上哲男、加藤久典 SHRSP ラットにおける胎児期の低タンパク質栄養に起因する食塩感受性亢進機構のトランスクリプトーム解析 第64回日本栄養・食糧学会大会 2010年5月23日 アスティ徳島(徳島県)
- ⑨Otani, L., Murakami,T. and <u>Kato, H.</u>
 Transgenerational Effects of Maternal
 Protein Restriction During Pregnancy on
 Salt Sensitivity and Life Span in
 Stroke-Prone Spontaneously
 Hypertensive Rats (SHRSP). 19th
 International Congress of Nutrition 2009
 年 10 月 9 日 BITEK (バンコク)
- ⑩Saito, K., Ohta, Y., Sami, M., Kanda, T. and <u>Kato, H.</u> Data Storage and Comparative Analysis of Gene Expression Profiles for Promotion of Nutrigenomics Study. 19th International Congress of Nutrition 2009年10月6日 BITEK (バンコク)

[図書] (計5件)

- ①佐藤隆一郎、<u>加藤久典</u>(編)学文社、基礎 栄養学 2012 年 160ページ
- ②<u>加藤久典</u>、斉藤憲司 エヌ・ティー・エス、 バイオチップ実用化ハンドブック 2010 年、346-352
- ③Abe, K., <u>Kato, H.</u>, Yasuoka, A. and Nakai, Y. Wiley-Blackwell Genomics, proteomics, and metabolomics in nutraceuticals and functional foods. 2010 年、127-154
- ④<u>加藤久典</u> シーエムシー出版 食の安全 科学の展開-食のリスク予測と制御に向け て 2010 年 98-102

〔産業財産権〕

○出願状況(計0件)

名称: 名称: 者明者: 種類: 種類: 番願年月日: 国内外の別:

○取得状況(計0件)

名称: 発明者: 権利者: 種類: 番号: 取得年月日:

国内外の別:

[その他]

ホームページ等

http://www.nutrigenomics.jp http://www.keggle.jp

- 6. 研究組織
- (1)研究代表者

加藤 久典 (KATO HISANORI) 東京大学・総括プロジェクト機構・特任教 授

研究者番号: 40211164

(2)研究分担者

()

研究者番号:

(3)連携研究者

()

研究者番号: