

A3 ヒトゲノム解析地図 Gene Resource Locator

人間を知る

出展責任者 森下真一

所属
東京大学大学院情報理工学研究科

ゲノムとは生命活動を維持させていくために必要な全情報のことです。ゲノムの本体はDNAという4種類の化学物質の配列で約30億個の文字から成っています。ヒトゲノム解析計画はヒトの全DNA配列(30億文字)を読み取り、その働きを明らかにしようという壮大な計画で、国際的な協力により進められています。DNAに記録された30億文字の解明の次なる目標は、解読されたDNAの配列の中から遺伝子を見つけ出し、その遺伝子がどんな働きをしているのかを解明することです。細胞は遺伝子の全セットのなかから、まわりの状況に応じて必要な一部分だけをはたらかせて、実際の仕事をやるタンパク質を作りますが(図1)

ひとつの遺伝子から数種類のタンパク質が生まれる場合もあります(選択的スプライシング)。このようなゲノム上の遺伝子の位置や機能に関する情報を大型計算機を用いて解析した結果をインターネットで閲覧できるゲノム地図データベースを紹介します(図2)。



(図1)

(図2)



A4 ゲノムは語る「人間への道」 - ヒトと他の霊長類を遺伝子で比較する -

人間を知る

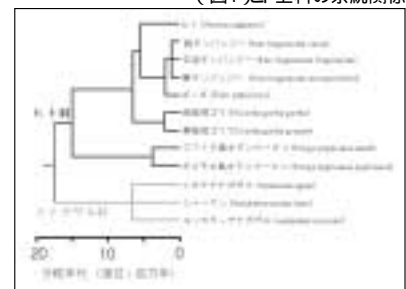
出展責任者 斎藤成也 / 藤山秋佐夫

所属
国立遺伝学研究所 / 国立情報学研究所

地球上には、すべての大陸に現在60億人以上が生息しています。この事実だけでも、私たちヒトが他の生物と比べていかにユニークであることがわかってきます。このような人間の特殊性を規定している遺伝子の変化を発見するには、ヒトともっとも系統的に近い「類人猿」をヒトと比べてみる必要があります。図1は、ヒトと類人猿を中心とする霊長類の系統関係を示したものです。このように系統的にはヒトに近いのですが、チンパンジーやゴリラには、ヒトと異なる点が多数存在します。私たちのグループは、ゲノムから見た人間の進化を研究しています。これまでに、A BO式血液型遺伝子、Rh式血液型遺伝

子、免疫グロブリンA遺伝子、ミトコンドリアDNA、HoxA遺伝子クラスターなどについて、類人猿(チンパンジー、ゴリラ、オランウータン、テナガザル)についてヒトの遺伝子と比較してきました。また類人猿ゲノムの研究を進めるために、チンパンジーとゴリラのゲノムライブラリーを作成しました。このポスターではこれらの研究内容をご紹介します。

(図1)ヒト上科の系統関係



(図2)類人猿ゲノム計画Silverのwebsite