

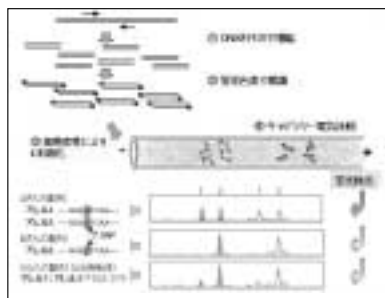
出展責任者 林 健志

所属

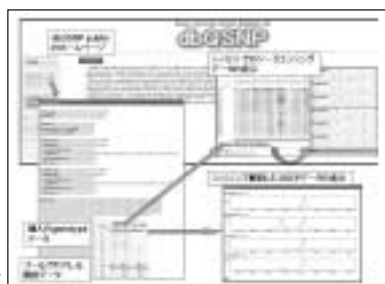
九州大学生体防御医学研究所遺伝情報実験センター

ヒトゲノムの約30億の配列には個人によってわずかな違い(多型)があります。大勢の人のDNAについて多型を調べることにより、病気になりやすさにどの遺伝子が関係しているかがわかります。今世界中で調べられているのが一塩基多型(SNP)つまり、ある人ではTである配列が別の人ではGに置き換わっているというような違いで、2組の染色体で比べても数百万ヶ所に見つかります。このような多数のSNPを効率よく解析するために、私たちはPLACE-SSCPという方法を開発しました。これは図1に示したような方法で、SNPがあるとピークの出る場所が変わるので検出できます。ピークパターンの違う人のDNAの塩基配列を調べ

ると、どのピークがどのSNP配列に対応するかわかります。さらに多くの人のDNAをあつめてプールを作り解析するとSNPのそれぞれ(アレル)がその人たちのなかにどのような割合で見つかるかが1回の実験でわかります。このような研究結果をdbQSNPデータベースとしてインターネットで公開しています。図2のように電気泳動のデータを見ることができると、どのように実験して結果を出したかがひと目でわかり、いろいろな研究に役立てることができます。



(図1) PLACE-SSCP法によるSNP解析



(図2) dbQSNP公開ホームページ

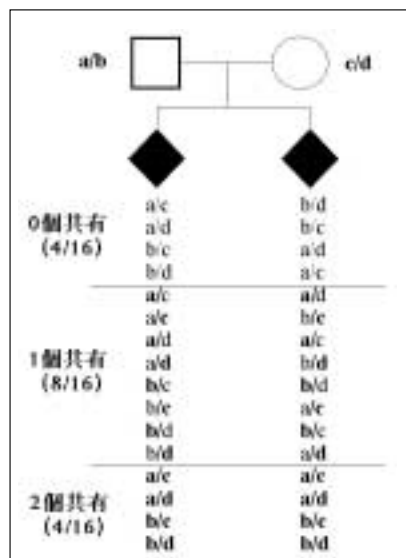
出展責任者 笹月健彦

所属

九州大学生体防御医学研究所ヒト多型解析センター

癌や高血圧、糖尿病、アレルギー病など、多くの病気の発症や進展に遺伝要因が関わっていますが、今なお原因となる遺伝子は明らかにされていません。その理由の一つとして、ヒトのゲノムは広大で、その隅々まで解析するためには大規模な解析システムが必要であり、それを個々の研究室が持つことは不可能だからです。特定領域「ゲノム」では、九州大学生体防御医学研究所に「ヒト多型解析センター」を設置し、いろいろな病気の原因遺伝子を見出すべく遺伝学的な解析を実施しています。その方法は「全ゲノムスキャン」と呼ばれるもので、特定の遺伝子のみを解析するのではなく、1番染色体からX染色体までの全ゲノムを対

象として、原因遺伝子が存在する場所を探り出し、最終的に原因遺伝子を同定するという方法です。そのために、同じ病気に罹った兄弟や数百人の患者さんの血液から抽出したDNAを用い、罹患同胞対法や相関解析などの方法で解析を進めて行きます。「ヒト多型解析センター」では、橋本病やバセドー病、胃がん、糖尿病などを相手に全ゲノムスキャンを行っています。研究の方法やこれまでの成果をポスターで発表しますので是非見学に来てください。



罹患同胞対法の原理(ポスターで説明)