

A1 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 / 本蔵俊彦

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、実際の仕事をす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)



A2 多型マイクロサテライトによる 東アジア人の遺伝的類縁関係の調査

人間を知る

出展責任者 田宮 元

所属 東海大学医学部分子生命科学2

私たち人類集団の遺伝的特徴を調べるためのマーカーの一つに、マイクロサテライトと呼ばれるDNAの繰り返し配列があります。このDNAの配列は、2~5塩基からなるDNA配列が数個から数十個繰り返された構造を持っており、私たちのゲノムの中に広く存在しています。また、このDNAの配列は、“横滑り”(スリッページ)により、繰り返しの数が変わってしまう場合が多いため、個人のDNA配列をそれぞれ調べてみると、その長さに違い(多型)を示しやすいという性質を持っています(図1)。従って、これらマイクロサテライトの多型を利用することで、私たち人類集団の遺伝的特徴をより詳しく調査することが可能となるのです。私たちの研究室

では、これまで、多型マイクロサテライトがゲノム全体にわたりどのように分布しているかという調査を行ってきました。現在、これらの多型マイクロサテライトを利用して、日本人、韓国人、モンゴル人などの東アジア人の遺伝的類縁関係に関する調査を行っていますので(図2)、その概要を紹介したいと思います。

