

展示責任者 大久保公策

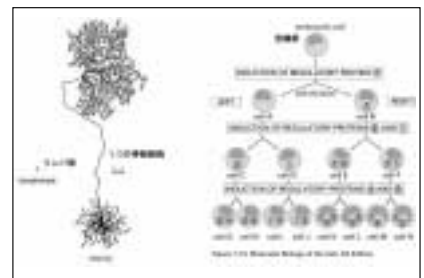
展示責任者所属 国立遺伝学研究所生命情報DDBJ研究センター

全ての細胞はゲノム上の3万の遺伝子の情報に従って3万種類の蛋白質を作り出すことが出来ます。3万種類の蛋白質はいつでもどこでも同じ量作られるのではなく、細胞の種類、環境によってそれぞれに異なった量が作られます。これを遺伝子の“発現”調節といいます。これは丁度おおよそ10万の単語のうちでひとそれぞれ毎日違う組み合わせの単語を使って会話をしているようなものです。また特別の職業の人には特別の専門用語があるように、遺伝子【蛋白質】にも特別の働きをしている細胞だけが使う専門用語のような遺伝子と日常会話に使われる単語のようにどの細胞でも使われる遺伝子があります。遺伝子発現解析とは

このような様々な細胞や状況下での遺伝子DNAの読み取られ方(RNAの量)を測ることでそこから作られる蛋白質の機能や用途を推定する研究です。いわば言葉の使い方による意味の推定のような研究です(図1)。1ミリの100分の1にも満たないリンパ球も1メートルにもなる突起をもった神経細胞も同じように一つの核の中にゲノムDNAを持っています。(図2)このような極端な細胞の形や働きの違いは受精卵から始まる「遺伝子発現調節」によって作り出されます。



(図1)



(図2)

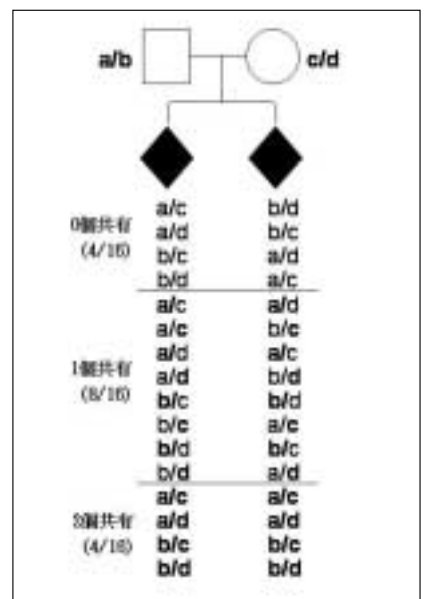
C16 全ゲノムを相手に病気の原因遺伝子を探る

展示責任者 笹月健彦

展示責任者所属 国立国際医療センター研究所、九州大学生体防御医学研究所・特定ゲノム・ヒト多型タイプングセンター

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的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「ヒト多型タイプングセンター」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、罹患同胞対法や関連解析などの方法で解析を進めて行きます。「ヒト多型タイプングセンター」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)