

D 23 全ゲノムを相手に病気の原因遺伝子を探る



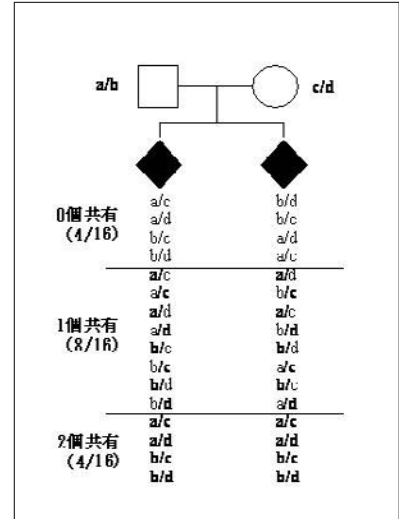
病気と闘うゲノム研究

展示責任者 山本 健 / 林 健志 / 笹月健彦

展示責任者所属 九州大学生体防御医学研究所・特定ゲノム・ヒト多型タイピングセンター

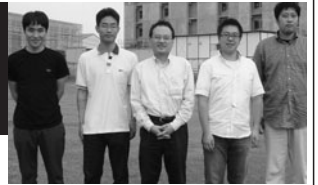
癌や高血圧、糖尿病、アレルギー病など、多くの病気の発症や進展に遺伝要因が関わっていますが、今なお原因となる遺伝子は明らかにされていません。その理由の一つは、ヒトのゲノムは広大で、その隅々まで解析するためには大規模な解析システムが必要であり、それを個々の研究室が持ち実験することが不可能だからです。特定領域「ゲノム」では、九州大学生体防御医学研究所に「ヒト多型解析センター」を設置し、いろいろな病気の原因遺伝子を見出すべくゲノム解析を実施しています。その方法は「全ゲノムスキャン」と呼ばれるもので、特定の遺伝子のみを解析するのではなく、1番染色体からX染色体までの全ゲノムを対象として、原因遺伝子が存在

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、同じ病気に罹った同胞や数百人の患者さんの血液から抽出したDNAを用い、罹患同胞対連鎖解析法や相関解析などの方法で遺伝学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。



(図) 罹患同胞対法の原理 (ポスターで説明)

E 24 ゲノムを解読するには、どんな計算がひつようなのでしょうか?



パイオインフォマティクスが切り拓くゲノム研究

展示責任者 森下真一 / 土井晃一郎 / 瀬々 潤

展示責任者所属 東京大学大学院新領域創成科学研究科情報生命科学専攻

ゲノムの解読や遺伝子の解析にはコンピュータソフトウェアが必要だといわれます。どのような場面で「計算」が必要なのでしょうか? たとえばヒトゲノムは約30億個の塩基から成り立っていますが、塩基をすべて解読するには、ゲノムを細かい数千万個の断片にして、それから繋ぎ合わせてゆきました。実はこの繋ぎ合わせる作業は結構大変で、自動化するため、いろいろと計算方法を工夫します。たとえばグラフ構造という数学の手法が巧みに使われます。また、長さが数千の遺伝子配列を、非常に長いゲノム配列の中を探すのも時間がかかる作業です。高速で見落とさない方法を考えようとすると、確率論とアルゴリズムを組み合わせた設計方法が必要に

なります。さらにゲノムから読み取られる遺伝子の振る舞いを知るために、形の変化した細胞を自動判別する画像処理の技術や、形の変化から遺伝子の働きを推測するデータマイニングという統計

学の拡張が使われます。このようにゲノム解読には、さまざまな数学や計算の考え方が使われますが、基本的となる考え方をやさしく紹介しようと思います。

