

## 遺伝子の配列を調べてわかること 1

### ～コンピュータで探す 病気に関係する遺伝子～

講師名 所属先 所属学会等

上原 啓史 長浜バイオ大学・高大連携事業推進室 博士 (バイオサイエンス) 日本遺伝学会 他

月 日 ( ) 【実習】 : ~ : 命江館3階 情報実習室3

バイオ分野の産業や研究分野では医学や医療に係わる課題が益々重要となってきています。世界的な状況としてはゲノム塩基配列を高速で安価に解読する、「次世代シーケンサー」と呼ばれる塩基配列の解読装置が開発されたことで、バイオや医療分野に大きな変化が起きています。最近登場した次世代シーケンサーを用いれば、十数万円程度で一人の個人ゲノムが数日で解読可能となりました。人間ドックと似た発想で、予防医学の観点から個人のゲノム配列が解読される時期が近いと考えられます。

ヒトゲノム配列の解読、特に特定の個人のゲノム配列の解読は、従来はプライバシーの問題を中心に論じられる傾向にあり、何か怖いことをする研究と考えられがちでありました。しかしながら、現在の医学やゲノム科学の発展に伴い、ほとんどの人のゲノム配列内には、なんらかの重篤な病気と係わる遺伝因子を持っていることが明らかとなっています。ウイルスや微生物の感染や生活環境が引き起こす病気も多いですが、ガンを代表例として、遺伝子やゲノム配列が発症の確率に関係する病気も数多くあります。これらの病気について、それを遺伝子やゲノム配列上の多様性の一環として、理解するようになってきています。「ゲノム配列の多様性」が人類集団にとって重要との認識も深まってきています。

ゲノム科学や医学の現状を考えると、これからの高齢化社会における予防治療・予防医学においては、希望する個人が、各自のゲノム配列を解読することが有意義と考えられます。さらには、ガンを発症した患者を例にとっても、その患者に適した抗がん剤を処方するための「個別医療」を行うには、その患者の遺伝子やゲノム配列の特徴を知っておくことが重要となります。プライバシーの問題に十分に配慮すれば、個人ゲノムの解読は、医学・医療に大きく貢献します。

世界の状況には遅れていますが、我が国でも数年以内には個人のゲノム配列の解読が確実に普及を始めるとみられます。我が国の先導的な試みとして、慶応大学の富田教授の個人ゲノム配列データが、公開されています。一般の市民に関しては、個人情報管理に十分な配慮を行った上で、希望する個人が自分のゲノム配列の情報解析を行い、「どのような病気に罹る可能性が高いのか、それをできるだけ避けるにはどのような注意が必要なのか」を、個人別に明らかにすることが重要になります。本実習は、その種のゲノム情報解析の準備と言えます。この種のテーマに驚きを持たれるかも知れませんが、これからの医療を考える上では世界的に重要となる課題であります。我が国においては、研究と教育の両面において、世界に遅れをとっている傾向にあるので、敢えて挑戦を試みましょう。

● 実習手順

- ① 自分が関心のある病気に関する学習  
(使用サイト：メルクマニュアル医学百科 家庭版)
- ② 病気に関係する遺伝子の探索  
(使用サイト：Jabion 遺伝子百科)
- ③ 病気に関係する遺伝子の塩基配列、ならびに産出されるタンパク質のアミノ酸配列の取得  
(使用サイト：Ensembl )
- ④ 病気を引き起こす突然変異に関する情報の収集  
(使用サイト：OMIM )



うえはら ひろし  
UEHARA, Hiroshi

バイオ科学分野の成果を社会で役立てる研究・実践活動に意欲を持っています。

# 生命情報科学実習 (バイオインフォマティクス)

## 遺伝子の配列を調べてわかること 2

### ～コンピュータで探す 健康や環境浄化に係わる遺伝子～

講師名 所属先 所属学会等

上原 啓史 長浜バイオ大学・高大連携事業推進室 博士 (バイオサイエンス) 日本遺伝学会 他

月 日 ( ) 【実習】 : ~ : 命江館 3 階 情報実習室 3

自然環境の保全や浄化に役立つバイオ技術の開発やその教育は、21 世紀にますます重要になる課題です。環境浄化や保全に役立つ、広い意味では「持続可能型社会の実現に貢献できる」可能性を持つ遺伝子を、国際塩基配列データベース(DDBJ/EMBL/GenBank)に登録されている塩基配列から発掘し、新規なデータベース「持続可能型社会への貢献遺伝子データベース」として世界へ発信しましょう。着目する対象を医薬学の分野の課題へ変更すれば、「健康に貢献する遺伝子」の発掘も可能になります。

現在、我々が知り得ている微生物は、環境中に生育する微生物の 0.1%より遥かに少ないと言われており、多様な自然環境で生育する微生物類については、培養が困難な例が大半を占めています。これら難培養性微生物については、通常の実験的な研究がなされておらず、膨大なゲノム資源が科学的にも産業的にも未開拓のままに残されています。これら難培養性微生物類のゲノムは新規な遺伝子類を豊富に保有すると考えられ、難培養性微生物類を多数含む環境中の試料から、培養を行わずにゲノム DNA の混合物を抽出し、ゲノム断片の配列決定を行い、産業上有用な遺伝子を探索する試みが世界各地で大規模に行われています。このような試みは、「メタゲノム解析」と呼ばれており、インターネットを使って最新の研究の状況や得られている DNA 塩基配列を知ることができます。

しかしながら、このメタゲノム解析で得られた環境由来 DNA 配列は、遺伝子に関する情報、特に遺伝子機能についての記載が登録者によってまちまちであり、有用な遺伝子を含んでいる可能性が高いにもかかわらず、利用者にとって必要な情報が記載されていない場合が多数あります。そこで、本実習では、「自然環境の浄化や保全に役立つ遺伝子」や「健康に貢献する遺伝子」の発掘を目標に、国際塩基配列データベース(DDBJ/EMBL/GenBank)に収録されている環境由来 DNA 配列から有用な遺伝子を探索する、家や学校からも行える具体的な方法を紹介します。また、皆さんが見つけた新たな有用な遺伝子候補を、自分の名前や学校名を入れてデータベースに登録して国内外に発信する方法も紹介します。

#### ●実習手順

- ① 持続可能型社会の実現や、健康に貢献が期待できる可能性を持つ遺伝子やタンパク質の候補を探します。
- ② 得られた遺伝子やタンパク質の英語名を Key Word として、既知のアミノ酸配列を取得します。(使用サイト: UniProtKB)
- ③ 取得したアミノ酸配列と環境由来 DNA 配列に存在するタンパク質候補との配列相同性検索を行う。環境由来 DNA 配列の中に目的の遺伝子やタンパク質と類似な配列が存在する

かどうかを調べます。(使用サイト: NCBI tblastn)

④ 相同性検索でヒット(発見)した環境由来 DNA 配列を取得します。

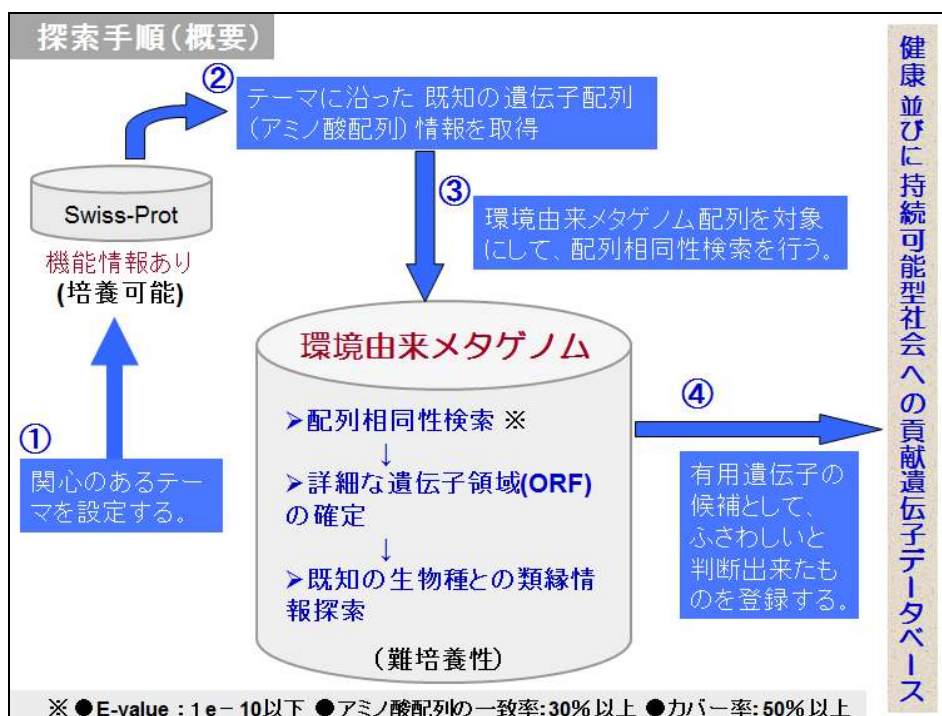
(使用サイト: NCBI)

⑤ 取得した DNA 配列について、遺伝子領域を確定しアミノ酸配列を取得します。

(使用サイト: NCBI ORF finder)

⑥ 確定した遺伝子領域のアミノ酸配列から、機能の再確認と由来生物種を推定します。どの微生物種と近いかを調べ、既知微生物との類縁関係を見ます。(使用サイト: NCBI protein blast)

⑦ 新たに見つけた有用な遺伝子候補を、データベースに自分の名前、学校名を入れて登録し国内外に発信する方法を紹介します。



**持続可能型社会への貢献遺伝子データベース**  
"Database for Genes Contributing to Sustainable World"

■テーマ

持続可能型社会に貢献するテーマを下から選択して下さい。

PCB分解 CO2固定 農薬分解 バイオエタノール 環境ホルモン分解 石油分解  
土壌浄化 重金類除去 ダイオキシン分解 プラスチック分解 有機リン除去 水質浄化  
硝酸性窒素除去 光化学スモッグ Bi hydrogen PAH分解

\*全テーマの一覧はこちら  
既知遺伝子  
新規探索遺伝子候補



うえはら ひろし

UEHARA, Hiroshi

バイオ科学分野の成果を社会で役立てる研究・実践活動に意欲を持っています。