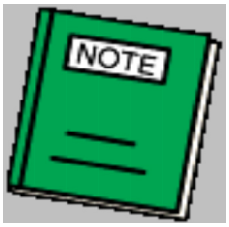
続 僕の講義ノート①



大阪府立大学先端科学研究所
森 利明
（もりとしあき）

ヒトゲノム解読終了の意味するもの（その一）

さる四月十四日に、国際協力のもとで解析がすすめられたヒトゲノム解読プロジェクトが終了したと宣言されました。二〇〇三年はわれわれヒトという生物を理解するうえで、重要な進歩があった年として記録されることでしょう。

ゲノム(Genome)とは

ゲノム（Genome）というのは遺伝子をあらわすGeneと染色体のChromosomeをあわせた造語です。細胞には核があって、その中に生物の誕生から死にいたるまでの生命情報が書き込まれたＤＮＡがあります。染色体は細胞が分裂して増えるときにあらわれる棒状の構造体で、色素で染まるのでこのように呼ばれています。ヒトの染色体は全部で46本あります。２つが対になっていて一番長い染色体を第１番染色体、以降、長い順に第２番、第３番とつづき第22番までを常染色体といいます。これで合計44本。残りの２本が男女の性を決定する第23番性染色体です。常染色体はすべてXX型ですが、性染色体には二種類あって女性ならXX型、男性はXY型になります。染色体の数は生物によってまちまちです。ヒトにもっとも近いチンパンジーが46本でヒトと同じですが、牛は60、豚では38本です。

二重らせん構造のＤＮＡ

染色体には規則ただしく折り畳まれたＤＮＡが密に存在しています。

米エネルギー省の学生向けホームページのイラスト

ＤＮＡはアデニン(A)、チミン(T)、グアニン(G)、シトシン(C)の四種類の塩基でできていてAとT、GとCが対をなした二重らせん構造をしています。このＤＮＡの二重らせん構造は今からちょうど五十年前にワトソンとクリックという二人の若い研究者によって発見されました。ＤＮＡの二重らせん構造はアインシュタインの相対性理論とあわせて、二十世紀の大発見です。ワトソンとクリックはこの功績によりノーベル賞を受賞しました。

一九九一年にスタートしたヒトゲノム解読プロジェクト

ヒトのＤＮＡは三十億塩基対の大きさです。ヒトゲノム解読プロジェクトはＤＮＡ塩基がどのように並んでいるのかを片っ端から読むことを目的として、一九九一年にスタートしました。開始当初にはいつ終わるのか予想すらできない「無謀な計画」という批判もありました。ちなみに大腸菌は四百七十万塩基対、ショウジョウバエでは一億七千万塩基対です。

解読終了までの経過

プロジェクトがはじまって最初の数年間は染色体の上にどのような情報が乗っているのかという「地図」づくりや、塩基の並び方を高速で読みとるための革新的な技術を開発することが重要な課題でした。一九九五年のころになると、塩基読みとりのための大規模なデーター生産センターを整備すれば、数年間でヒトゲノムの解読ができそうだと見通せるまでになりました。それからはアメリカ、ヨーロッパ、日本がそれぞれ役割を分担してＤＮＡ情報の解読が一瀉千里のごとくすすめられました。また大腸菌や酵母、ショウジョウバエ、トラフグ、イネなどのゲノム解析も並行しておこなわれました。このあたりの経過については日本の責任者の一人である榊　佳之（理研ゲノム科学総合研究センター、東大医科研）氏の著書（岩波新書「ヒトゲノム　解読から応用・人間理解へ」）が参考になります。

ところでゲノム解読のスピードアップには日立の開発したＤＮＡ読みとり装置が大きな役割をはたしました。この装置を開発した日立の神原秀記（かんばらひでき）氏は、ノーベル賞の候補者と言われています。

（以下つづく）