

# バイオインフォマティクス

—生命の多様性と進化に基づく生命科学の統合化に向けて

五條堀 孝

総合研究大学院大学教授遺伝学専攻/国立遺伝学研究所教授

生命科学はここ数年の間にめざましい変貌を遂げてきた。例えばある生物現象を分子生物学的に研究する場合、従来はその現象に関与すると思われる遺伝子の一つ一つ解析することによって全体像を構築しようとしていたのに対し、現在ではまずその生物が持つすべてのゲノム情報を読んでしまってからある現象に関わるすべての遺伝子をEST\*などの遺伝子発現データを用いて同定し、遺伝子間の相互作用を発現データのコンピュータ解析によって一気に解明していくという手法がとられるようになってきたのである。

現在までにさまざまなモデル生物種においてゲノムプロジェクトが終了あるいは進行中であり、塩基配列をはじめ、異なる臓器・組織におけるEST発現パターンといった生物情報が急速な勢いで蓄えられてきている。それらのデータはもちろんそれぞれの生物種における生物現象を理解するために重要な役割を担っているが、同時にこれらのデータを生物種間

で比較することは生物進化の研究に極めて有用である。

本レクチャー、「バイオインフォマティクス—生命の多様性と進化に基づく生命科学の統合化に向けて」では、ポストゲノム時代における新しい生物進化研究領域や遺伝子発現やシステムズバイオロジーの分野を切り開いてこられた先生方に、それぞれの分野の形成過程からご自分の研究内容を含んだ最先端のトピックまでを博士課程などの大学院生にご講義いただくことにより、学生に最新の生命科学的知識を教授するとともに新しい生命科学を切り開いていくための考え方を教授することを目的として、平成15年2月5日から同7日にかけて国立遺伝学研究所ゲストハウス2階会議室にて開催された。レクチャー期間中には講師と学生による討論の時間を設け、現在の生命科学の抱える問題点とさらなる発展の可能性について白熱した議論がなされた。

当初、参加者の人数は約30名として、

\*EST: Expressed Sequence Tagの略。発現あるいは転写している遺伝子配列の一部で、その多寡により遺伝子発現の度合いを知ることができる。ESTを手がかりにしてゲノム上の遺伝子の位置を同定するのに役立つ。

各大学・研究機関へのポスターの配布ならびにDNA Data Bank of Japan (DDBJ) ユーザーへの電子メールニュースの送付などにより募集したが、本レクチャーの評判は上々で参加申し込みが後を絶たなかったため、会場の大きさによる制限から45名の申し込みをもって募集を打ち切ることとなった。参加者は北海道から九州までの41大学・研究機関、4企業からお越しいただいた。これらのことから、バイオインフォマティクスに対する全国的な関心の高さがうかがわれる。

講義は10名の講師によって行われた。以下にその内容を簡単にまとめることにする。

## 1. バイオデータベース構築学入門1

菅原秀明

総合研究大学院大学教授/国立遺伝学研究所教授

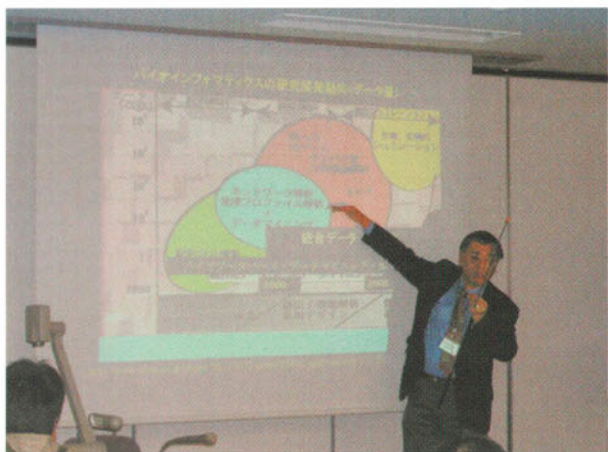
まず国立遺伝学研究所生命情報・DDBJ研究センターにて運営されているDDBJについてその概要が紹介された。そして、そもそもデータベースとは何であるのか、どのような技術を用いて構築されているのかが説明され、最後にDDBJにて展開されている新しいサービスについて触れられた。

## 2. バイオデータベース構築学入門2

大久保公策

九州大学教授

バイオインフォマティクスとはどのような学問であるのか、これまでの科学の流れの中でどのように位置付けられるのかが説明された。そして生物学的機能とは何なのか、知識とはどのようなものな



バイオインフォマティクスの研究動向を講義する五條堀教授

## 「総研大レクチャー」

は、総研大内外大学院生を対象にした短期集中型の講義シリーズである。

総研大では、「最先端の専門性の上に築かれた総合性」をめざし、総研大を構成する全研究機関が強力で連携して複数の専門分野にわたる総合的な教育を行っている。総研大レクチャーは、このような総合的な教育を、総研大外の大学院生にも提供しようという趣旨で行われている。

当初は、湘南レクチャーとして総研大本部のある葉山で夏にのみ開校されていたが、次第に他の地域、季節で開催するものも増え、現在では、留学生や海外からの学生を対象として英語で行う「国際レクチャー」、総研大の教官を海外に派遣して行う「海外レクチャー」などが盛んに行われており、総称として「総研大レクチャー」とよんでいる。将来的には、学部学生や社会人を対象にしたものも企画されている。以下に今までの総研大レクチャーの講義題名を記す。

なお、今回の特集では、各共同利用機関を中心に企画、実施されたレクチャーを取り上げている。

- 1995年度 「非平衡系としての化学反応の基礎的諸問題」
- 1996年度 「現代人類学の諸問題」  
「非線形現象の数理」
- 1997年度 「遺伝子の系統樹からみた生物進化」
- 1998年度 「物理学的生命像」  
「天文学と分光学—接点と課題—」
- 1999年度 「社会の中の科学」
- 2000年度 「生物と化学系における非平衡統計力学1,2」(国際)
- 2001年度 「高強度場科学入門」(国際)
- 2002年度 「関係性の生物学—環境を考える—」  
「宇宙化学—元素合成から生命まで—」  
「バイオインフォマティクス—生命の多様性と進化に基づく生命科学の統合化に向けて—」  
"Asian School of Bioinorganic Chemistry" (国際)  
"New Trends of Computational Physics" (海外/マレーシア・シンガポール)  
「超伝導線形加速器とFEL」(海外/北京)
- 2003年度 「科学における社会リテラシー1」  
「干渉計サマースクール2003」  
「科学映像の製作へ向けての実習講義」  
「人類最高の視力で探る新しい宇宙像」(海外/ソウル)  
「ラビドサイクル陽子シンクロトロンを用いた中性子源」(海外/インド)  
"Intelligent systems-knowledge modeling and applications" (海外/タイ)
- 2004年度 (予定)  
「科学における社会リテラシー2」  
「科学映像の製作実習講義」  
「生物集団の多様性と進化」  
その他

のかに対して深い議論がなされた。

### 3. 比較ゲノム学入門

渡邊日出海

奈良先端科学技術大学院大学助教授

比較ゲノム学における幅広い研究テーマについて現在までに明らかにされてきたことが紹介された。C値パラドックス、G値パラドックスとは何か、マウスの染色体構造、チンパンジーの22番染色体解読から分かったヒト特異的のアミノ酸置換、細胞内共生細菌の特徴などについて議論された。

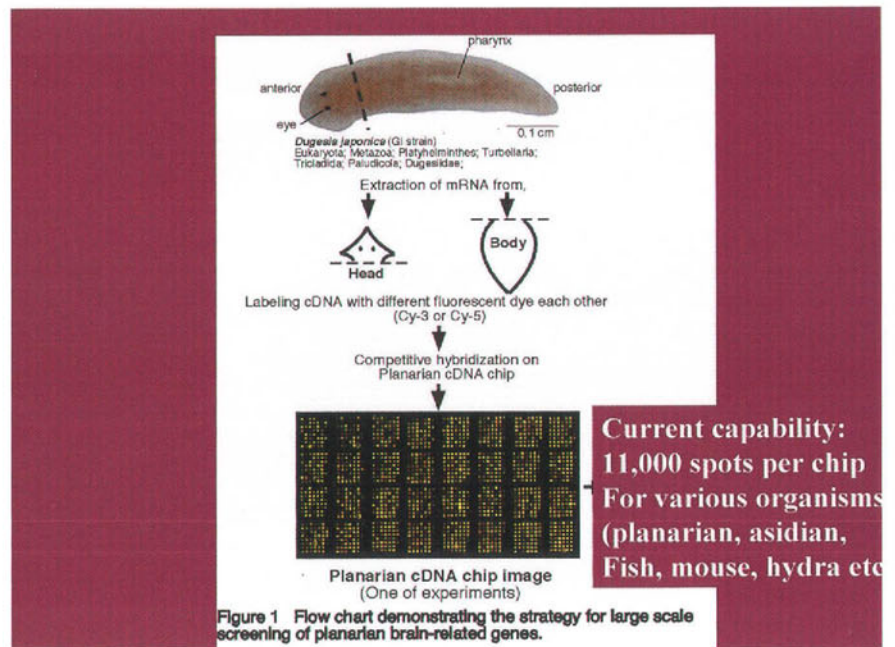
### 4. 遺伝子発現パターンの進化学

五條堀孝

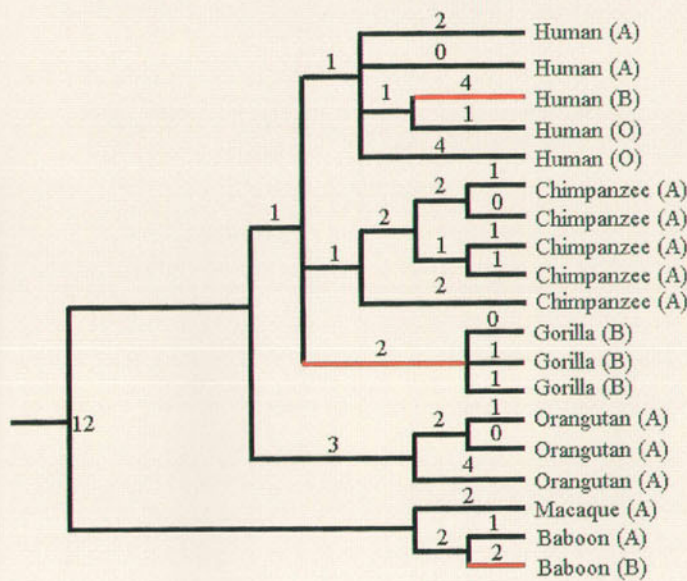
総合研究大学院大学教授/国立遺伝学研究所教授

プラナリアのEST解析から明らかにされた、プラナリアの脳形成を制御していると考えられる遺伝子、*Nou-darake*の発見、タコの眼が遺伝子レベルでどのように進化してきたのか、とくに遺伝子消失の表現型進化に果たす役割、遺伝子発現パターンの3次元データベースの構築といった話がなされた。

プラナリアの脳に関する遺伝子をcDNAチップで読む。



## A Phylogenetic Tree of the ABO gene for Primates



ヒトを含む霊長類のABO血液型遺伝子の系統樹

### 5. 遺伝子発現パターンからシステムズバイオロジーへ

小原雄治

総合研究大学院大学教授/国立遺伝学研究所教授

線虫におけるcDNAプロジェクト、発現プロファイルと線虫のゲノム配列データを融合させることによる遺伝子制御領域の推定、RNAiによる網羅的遺伝子破壊による遺伝子の機能の同定などについて説明がなされた。さらにタンパク質の発現パターンや細胞分裂のコンピュータシミュレーションといった新しい取り組みについても紹介された。

### 6. 生物多様性情報学入門

田嶋文生

東京大学大学院教授

集団遺伝学の基礎である突然変異、自然選択、遺伝的浮動についての解説がなされた。突然変異の集団内での固定確率、田嶋のDと呼ばれる指標を用いた塩基配列の多型の中立性の検定とその応用、また解釈の仕方についての詳しい説明がなされた。

### 7. 集団の遺伝構造、進化情報の解析学入門

小野敏行

国立遺伝学研究所助教

量的遺伝学の基礎が説明された。遺伝子間相互作用がある場合に量的形質遺伝子がどのように検出されるのか、linkage analysisやassociation studyについてもその基礎や問題点が分かりやすく解説された。

### 8. SNPのための集団遺伝学入門

館田英典

九州大学教授

遺伝子頻度、遺伝子型頻度、Hardy-Weinbergの平衡といった集団遺伝学の基本的な知識や、FST、連鎖不平衡係数といったパラメータについてその性質などの詳細な解説がなされた。

### 9. 染色体情報構造学入門

池村淑道

総合研究大学院大学教授/国立遺伝学研究所教授

個々の生物種のゲノムにおける塩基の

並び方にはそれぞれの生物種特有の偏りがあり、異なる生物種由来のゲノム配列は非線形写像によって分別できることが示された。さらにコドン使用頻度が生物種ごとに異なるという現象が紹介され、それがどのような分子機構から生じるのか詳細に議論された。

### 10. 遺伝子進化学概論

斎藤成也

総合研究大学院大学教授/国立遺伝学研究所教授

ABO血液型遺伝子の分子進化について、系統のネットワーク解析、正の自然選択圧の検出などの研究結果が紹介された。また、Silverプロジェクトと呼ばれる類人猿のゲノム配列決定および解析研究によって明らかにされた、ヒト特異的アミノ酸置換について議論された。

レクチャーの参加者は全般的に非常に意欲的であり、質問が後を絶たなかった。質問の種類は多様であったが、数学的、コンピュータ科学的視点からのものが多く見受けられ、バイオインフォマティクス分野へのこれらの分野からの研究者の参入の一端が垣間見られた。本レクチャーの評価は高く、是非機会があれば再び開催したいと考えている。



五條 琢孝 (ごじょう ぼり・たかし)

「我思う。ゆえに我あり」という有名なデカルトの言葉があるが、どうして自分自身であるのかという極めて根元的で哲学的な問題を、脳・中枢神経系の進化という視点で研究したいと思っている。解答のない問題のようにも思うが、ヒントのかけらでも得られたらという思いで遺伝子発現情報やゲノム情報を駆使してこの難問に果敢に挑もうとしている。趣味の車でのドライブのように、想いの道を進んでいけたらと思う。