

遺伝子解析

生物は、たくさんの遺伝子を祖先から子孫へと受け継いできた。その過程で各遺伝子には変異が蓄積して多様化し、結果として個体の多様性と進化がもたらされた。したがって、遺伝子を調べることは生物個体の多様性を理解することにつながる。

一部のウイルスを除き、生物において遺伝子の正体はDNA（デオキシリボ核酸）である。ヒトの場合、個人間のゲノムDNA配列の違いは約0.1%といわれている。それは単に個人の識別というだけでなく、個別の患者に対する薬の有効性や副作用の程度の予測、ガンの原因変



遺伝子解析から分かる
様々な情報

異の同定、生活習慣病のリスク推定など、さまざまな検査に遺伝子解析が利用されている。

ヒト以外の生物においても、たとえば感染症病原体生物の同定、作物や家畜の育種マーカー、腸内細菌叢を調べる際にDNA配列の違いを利用した解析が行われている。

近年、DNAの配列構造を調

べる技術が画期的に進歩した。ヒトの場合、全遺伝子の集合体であるゲノムを構成する塩基配列は約30億塩基対にも及ぶが、最新の次世代シーケンサーと呼ばれる機器を用いると、ヒトの全ゲノムの解読がわずか2日程度で可能となってきた。

一方で、技術の進歩は膨大なデータを猛スピードで排出し、

大量の遺伝子解読データの情報処理能力の向上とそれを扱う技術者「パイオインフォマティシャン」の養成が不可欠となっている。

遺伝子解析をゲノムレベルで実施できる技術は、特定の遺伝子変異の検査ではなく、一連の病因関連遺伝子全体を網羅的に解析することを可能にするため、ある疾患の検査をしたとき偶然、別の疾患の所見が見いだされる「偶発的所見」という新たな問題も生み出しつつある。

遺伝子は両親から子へと受け継がれるものなので、ある人の遺伝子検査の結果が血縁関係にある他人にも同じ遺伝子変異が存在する可能性を示唆することにもなりうる。



したがって、遺伝子検査の結果の取り扱いにはきわめて慎重になされるべきであり、またヒトゲノム情報は個人の特定につながる場合もある情報なので、最高レベルの個人情報となりうることに留意が必要である。

(タカラバイオ
北川正成)
協力：日本生物工学会

今回は9月21日に掲載