

生命・環境科学研究室



研究テーマ
NGSを用いた
ゲノム解析技術の開発と応用

田中 啓介 先生

関連WORD

Linux

システムゲノム科学

遺伝資源

アグリゲノミクス

遺伝子

バイオインフォマティクス

DNA

次世代シーケンサー(NGS)

RNA

まるで巨大なパズル!?

生命の本質を探ることができるゲノム情報とは?

ゲノム研究の昔と今

「ゲノム」と聞くと、どのようなイメージを持つだろうか。「DNA」「遺伝子」、それとも「生命の設計図」など、物質的であったり概念的であったり様々かと思われる。現状、ゲノム(genome)とは、「遺伝子(gene)」と「『全て』を意味する接尾語(-ome)」を組み合わせた造語であり、生命の形成・維持に必要なとなる遺伝情報の総体と定義されている。

では、いつからゲノムが人々に認知されるようになったのか? 時を遡ること1869年、スイスの生物学者であり医師でもあったJF・ミーシャーは、膿から多量にリンを含む物質「ヌクレイン」を抽出することに成功した。これが、今日で言う核酸(DNAとRNAの総称)を初めて物質として捉えた歴史的瞬間だった。その後、1953年にはワトソン&クリックによってDNA二重らせん構造が提唱

され、ゲノム研究は急成長を遂げた。生命の設計図がひも状のDNA配列だと分かれば、あとはどのようにしてこの文字列を解読することができるのか、多くの研究者にとって興味の矛先がそこへと必然的に向けられた。そして1977年、ついにDNA配列を読むことができる手法が開発され、さらに1987年には自動型DNAシーケンサーが登場した。これを機に、ヒトを始めとする様々な生物のゲノム解読プロジェクトが各国共同で推進された。そして、ヒトゲノム解読の完了が宣言された2003年以降、従来とは全く異なった原理のDNAシーケンサー「次世代シーケンサー(NGS)」が登場する。

「NGS最大の特徴は、超並列かつ高速にDNA配列を読むことです。これまでのDNAシーケンサーでは1度に1本のDNA配列を1,000文字ほど読める程度でしたが、NGSでは1度に数億本ものDNA配列を、それぞれ数百文字(機種によっては数万文字)単位で読むことができるようになり、単にDNA配列

を解読するばかりではなく、遺伝子発現量や空間中に存在する生物叢のプロファイリングなど、用途が格段に広がっています。そのため、現在のゲノム研究者にとってNGSは必要不可欠なツールとなり、加えて大量のデータを扱わなければならないため、データサイエンスのスキルも必須となりました。つまりゲノム研究は、今や情報科学の一端ともいえる分野だといえるでしょう」と、生命・環境科学研究室の田中啓介先生は話す。

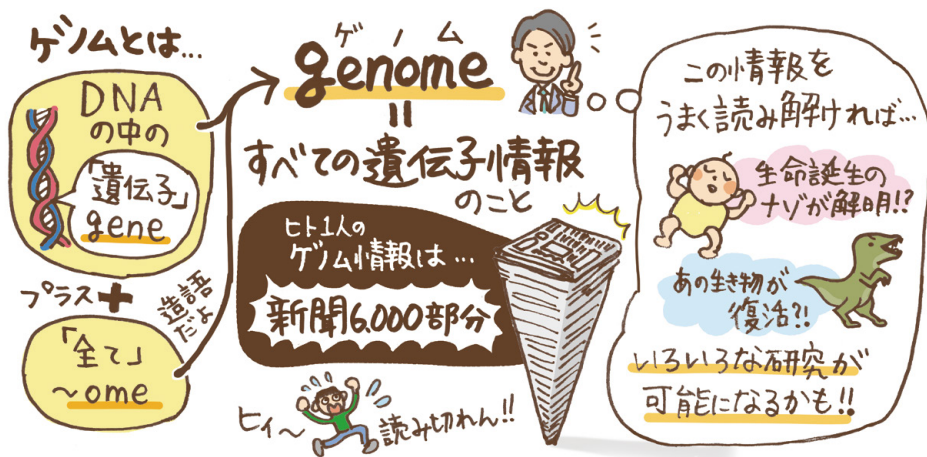
ゲノム情報が切り拓く社会

「一般的に、新聞の朝刊は50万文字で構成されていると言われています。ゲノム情報も、ATGCの4種の文字からなる文字列として認識することができますが、例えば、我々ヒトのゲノムは30億文字で構成されており、新聞でいうと6,000部分に相当します。毎日1部ずつ読んでも16年かかってしまう計算となりますね」と田中先生。

「それだけ多くの文字列で構成されているゲノム情報は、まさに巨大なパズルであり、いかにこれを上手く読み解くか、そしてどのように活用できるかを探求していくことが、これからのゲノム研究を行う上で重要な取り組みの1つなのです」

今後毎日進歩でゲノム解析技術は発展していくと期待できる。もしかすると近い将来、地球上すべての生き物のゲノム情報が解読される日が訪れるかもしれない。

「そうなれば、生命誕生と進化の解明や、絶滅してしまった生物の復活など、わくわくする夢のような研究も到来してくるはずですよ」



学校法人 東京農業大学

東京情報大学

大学ホームページ



■ 総合情報学部 総合情報学科 ■ 看護学部 看護学科

〒265-8501 千葉県千葉市若葉区御成台4-1 TEL:043-236-1408 FAX:043-236-4621
E-mail:tju@affrs.tuis.ac.jp http://www.tuis.ac.jp/

PICK UP! 研究室

今までに紹介した研究室のコラムをホームページに掲載中!

