

平成 15 年度 第 2 回 「遺伝子を読む：ゲノム情報の応用と問題点」

長崎大学大学院医歯薬学総合研究科 機能性分子化学
椛島 力

約 30 億塩基の全塩基配列決定に国際協力で行ってからはほぼ 15 年、2003 年 4 月 14 日、米英日仏独中の首脳がヒトゲノムの解読完了を共同で宣言した。通常、主要国の首脳が出す共同宣言というのは政治や経済関係であり、生命科学の分野では珍しく、いかに人類にとって重要な出来事であるかが分かる。この成果は、今年ちょうど 50 周年を迎える、J.ワトソンと F.クリックによる DNA の二重らせん構造の発見に匹敵する大きなインパクトを我々にもたらすものであり、生命科学のアポロ計画と呼ばれたヒトゲノム計画の最重要目標の達成である。

ヒトが持つ全遺伝情報のセットをヒトゲノムと言い、遺伝情報は、DNA の配列に、A, T, G, C の 4 文字で書き込まれ、ヒトの場合、28 億 3 千万文字に及ぶ。このヒトゲノムの解読により、きわめて精巧な「人間の設計図」を手に入れたことになる。

ヒトゲノム解読の応用として、次のような点が挙げられる。

(1) 病因の解明…原因が未知の遺伝性疾患や精神性疾患、がんなどの病因や発症のメカニズムを解明する。

(2) 予防、診断…遺伝子が関与する疾病の原因が解明されれば、病気になる前に危険性を予見し、健康管理に活用できる。また、発病した場合、何をとくに詳しく調べればよいかなど診断が正確になる。さらに、出生前診断、妊娠前診断も可能となる。

(3) 治療…病気の原因が遺伝子にある場合、遺伝子を標的とした治療を行うことができる。生体内での詳細な遺伝子の働きが解明されれば、その機能を回復（または抑制）することで、より高度な治療も可能と考えられる。

(4) 創薬…病気の原因遺伝子が解明されれば、それを標的とした薬の開発ができる。また、これまで知られていたものとは別の遺伝子が、別のメカニズムで病気に関与していた場合、これまでとは異なる角度からの創薬も期待できる。

一方、ゲノムは多くの病気や老化現象、寿命にも関係しているので、遺伝情報は個人の究極のプライバシーだということもできる。そのため、ゲノム情報から生じるプライバシーの問題はきわめて重くなると考えられている。例えば、ゲノム情報から将来かかる危険がある病気が分かった場合、保険、就職、結婚などにおいて不当な差別を受ける可能性もある。また、「知る権利」とともに「知らないでいる権利」も重要となってくるであろうと考えられ、究極的には優生思想やデザインベビーなどの倫理面での問題も出てくるかもしれない。

本公開講座では、ゲノム情報からもたらされるこれらの応用面と負の面について概説し、現在、我々が開発している遺伝子の微量検出についても併せて紹介したい。