

バイオインフォマティクス (Bioinformatics) とは主に遺伝子に関する情報をコンピュータによって分析する学問であり、「生命情報学」「生物情報学」などとも略され、遺伝子解析の進展により近年急激に発展している学問分野である。

バイオインフォマティクスの発展によって、遺伝子解析情報を元に並列コンピュータで各遺伝子の機能予測実験を行ったり、データベース化された実験結果を元に遺伝子間の相互作用を予測したりするなど、仮説や予測の実証には必ずしも実験を必要としなくなった。また、ヒトゲノム計画の成功を機に、その過程で確立した配列分析手法などの情報技術の応用が期待される新たな分野が「分子生物学」領域の内外に広がってきた。さらに、ヒトゲノム解読によってゲノム創薬やテーラーメイド医療などの可能性が膨らみ、バイオ・医療分野全体が IT にとって非常に有望な成長市場として再認識されるようになった。ここで遺伝統計学の基本について説明し、血液型を使って簡単な例をあげる。

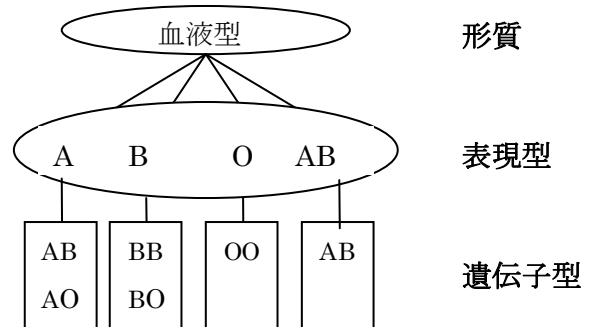
2本1組で存在する染色体の中には DNA の塩基配列が存在する。塩基配列の中には特定の機能を発現する遺伝子が同一の生物ならば異なる個体であっても共通した部分に存在する。このように特定の遺伝子 X が存在する部分を遺伝子 X の遺伝子座(座位)と呼ぶ。

染色体は父親由来、母親由来の2本1組で存在しているため、それぞれの遺伝子座に遺伝子が存在し、その組み合わせにより発現する機能が決定さる。

この遺伝子の組み合わせを遺伝子型と呼び、遺伝子型により発現される機能、言い換えれば実際に観察される機能を表現型と呼ぶ。

これを血液型において説明すると、A型の表現型が観察された場合、遺伝子型としてはAA、AOの可能性があり、遺伝子レベルでは、

「父母由来とも遺伝子 A」、「父由来が遺伝子 A、母親由来が遺伝子 O」、「母親由来が遺伝子 A、父親由来が遺伝子 O」の3パターンが考えられることとなる。



以上のように遺伝統計学では遺伝的な情報が階層的になっており、表現型から遺伝子になるにつれてより完全なデータになっていると考えられる。よって1遺伝子座につき各遺伝子が父親と母親のどちらから受け継いだものなのかという情報が完全な情報といえ、親から子へと遺伝する際には染色体を最小単位として伝わっていく。

この染色体レベルのデータを用いて様々な解析が行われ、バイオ・医療分野全体に大きな進歩をもたらしている。

(経営システム工学科 修士2年 幕田友子)