

解説



## 生物における遺伝情報とその流れ<sup>†</sup>

平野 昌彦<sup>††</sup>

### 1. はじめに

地球上には体長1ミクロン ( $10^{-6}$  m) に満たない微生物から、クジラのように10 m を越える巨大な生物に至るまで数千万種の生物が存在すると考えられている。これらの生物は生命誕生後38億年という気の遠くなる時間をかけて生物進化を遂げ、今日の我々人類に至っている<sup>1)</sup>。そして生物を構成する最小単位の「細胞」は、微生物から人間まで基本的に同一の様式で生命活動を維持し、子孫を残している。

一方、数千万種の生物の細胞一つ一つはそれによって構成される個体の特徴を有しており、少しずつ異なっている。たとえば動物と植物では相当違っているであろうし、同じ動物でもヒトとウマでは相違が見られる。またヒトの中にもいろいろな人種が存在し、わずかではあるが個人間にも細胞の違いが認められる。臓器移植や輸血の例をとると分かりやすいであろう。親子や兄弟、姉妹といった最も身近な関係においても、移植における拒絶反応や血液型不一致ということが起こり、これはとりまなおさず細胞の性質の違いに起因する。さらに厳密に言えば、同じヒトでも胃と脳の細胞は機能的にまったく異なっている。これらのことはまさに地球上の生物はすべて微妙に異なる性質を持つ細胞から形成されていることに他ならない。

本稿ではこのような生物(細胞)の多様性を決める遺伝子に記憶された情報の種類と質さらにその流れについて解説し、今後の遺伝子情報管理のあり方と遺伝子情報処理の課題について述べる。

### 2. 生物における情報の流れ

#### 2.1 情報の種類

生物には様々なレベルの情報の流れがある。細胞が地球の環境に適応し生存していくためには、外界からの情報をいち早く感知し環境に順応することが必要である。また高度に進化した多細胞生物では、細胞間の情報のやりとりを通して個体の恒常性を保っていくことが重要となり、さらに組織レベル、個体レベルで高次の情報の授受を行ってデリケートな生命を維持している。一方、生物は生存し子孫を残していくためのすべての情報を遺伝子の中に保存している。そして誕生から成長していく過程で必要なときに必要な情報のみを取り出すために、多数の遺伝情報の発現をコントロールする仕組みが存在する。最近の研究では老化や死に至る過程にも遺伝情報が重要な役割を果たしていることが明らかになっている<sup>2),3)</sup>。

図-1に生物が利用している主要な情報の種類と経路を示す。左の点線で囲んだ領域は細胞に共通して存在する遺伝情報の流れであり、セントラルドグマと呼ばれている。遺伝子の本体であるDNA(デオキシリボ核酸)に記憶された情報のうち必要な部分だけがRNA(リボ核酸)により転写され、さらに蛋白質という産物に翻訳されて細胞内でのいろいろな仕事に用いられる。中央は蛋白質が細胞内、あるいは細胞間でどのような機能を担っているかを示しているが、生体成分の構成から各種反応の触媒まで幅広い役割がある。さらに右下は個体レベルでの高度な情報処理をとまなう内容となるが、ここでも中心的役割を担っているのは遺伝子産物である蛋白質である。このようにDNAの遺伝情報は細胞内ですべて蛋白質という形に変換され利用されるが、その発現の過程では様々な制御系が働いていることが知られている。

<sup>†</sup> Genetic Information and Its Flow of Life by Masahiko HIRANO (Biological Sciences Department, Toray Research Center, Inc.).

<sup>††</sup> (株)東レリサーチセンター 生物科学研究部

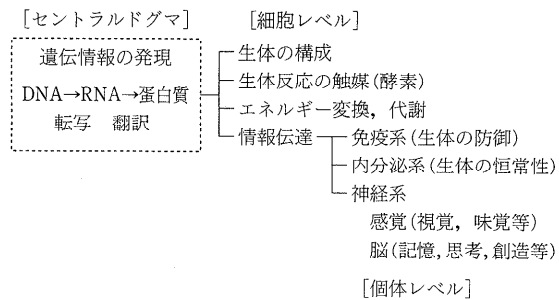


図-1 生物における情報の種類と流れ

## 2.2 遺伝情報の誕生

現存する生物は先に述べたセントラルドグマに従って遺伝情報の発現を行っている。それでは地球に誕生した最初の生命はどうであったのであろうか。タイムマシンに乗って過去に遡らないかぎりその証明は不可能であるが、最近ではRNAに自己複製能力と蛋白質の有する触媒作用の両方があることが発見され、最初の生命はRNAに遺伝情報を保存したと考えられている<sup>9)</sup>。ところがある時期RNAからDNAに遺伝情報を書き写す逆転写酵素が出現すると、化学的に不安定なRNAより安定なDNAに情報が蓄積される方が有利となり「DNAの世界」が誕生した。DNAは4種類の塩基であるA(アデニン)、T(チミン)、G(グアニン)、C(シトシン)の配列を用いて地球型生物の多様な遺伝情報を創出することに成功したのである。そしてA:T(RNAではU, ウラシル)、G:Cが相補的に対をつくり、DNAの自己複製やRNAへの転写を行うようになった。その結果図-1に示したDNA→RNA→蛋白質の図式が決まり、DNAに保存された遺伝情報のうち必要な部分が仲介役であるRNAにより転写され、蛋白質へと翻訳されるようになった。

## 2.3 蛋白質の構造と機能

このようにして遺伝情報が蛋白質という化学的に異なった物質に変換されると、様々な機能(活性)を発揮することができる。たとえば我々の唾液にはアミラーゼという酵素が含まれており、お米のデンプンをグルコースという糖に分解し、細胞のエネルギー源として利用しやすい形に変換する。お米をよく噛み唾液と混じらせると甘味が生ずるのはこのためである。アミラーゼのような蛋白質はすべて20種類のアミノ酸から構成され、それが立体的な構造を形成してはじめて活性を有

する。

図-2に我々の研究室で決定したフィコシアニンと呼ばれる蛋白質のアミノ酸配列(一次構造)を示す<sup>\*</sup>。これはシアノバクテリアという光合成微生物において太陽の光を集める機能を持つ蛋白質であり、 $\alpha$ (遺伝子名 *cpcA*)、 $\beta$ (遺伝子名 *cpcB*)の2種類の構成蛋白質からなる。5行目の緑色の枠に囲まれた最初の部分に注目していただきたい。2列ある上の段のATGCTA…が前節で述べたDNAの配列、その下のMLDAFA…がDNAの情報をもとに翻訳されたアミノ酸の種類である。たとえばDNA配列ATGはアミノ酸のM(メチオニン)に、CTAはL(ロイシン)、GATはD(アスパラギン酸)、GCAはA(アラニン)、TTTはF(フェニルアラニン)、GCCはA(アラニン)に対応する。このようにATGCのうち重複を含む3塩基連鎖が一種のアミノ酸を指定するわけである。すなわち $4^3=64$ 通りの塩基の組合せが遺伝暗号(コドン)となり、20種のアミノ酸を規定する法則が形成された。なお、先に示したアラニンのように、複数のコドンが一種のアミノ酸に対応する場合も存在する(アラニンのコドンはGCA, GCT, GCG, GCCの4種)。このコドンの対応は一部の例外はあるものの、地球生物に普遍的に存在する。したがって遺伝子工学という手法を用いれば、ヒトのアミラーゼをコードする遺伝子を大腸菌のような微生物に組み込んでも、大腸菌は自分の蛋白質と同様にヒトアミラーゼを大量に生産することもできるわけである。

蛋白質はDNAの情報がアミノ酸に変換され、それが一列につながったヒモのような物質であることを理解されたと思うが、それが生体内で機能を持つためには一定の立体構造をとる必要がある。図-3にX線結晶解析の結果をもとにコンピュータグラフィックを用いて推定したフィコシアニンの立体構造を示す。図-2に示した162アミノ酸からなる $\alpha$ 蛋白質(青色)と172アミノ酸からなる $\beta$ 蛋白質(緑色)は各々3分子ずつ結合し、複雑かつ整然とした6量体構造を形成する。このような構造をとるための秘密はアミノ酸配列

\* Hirano, M., Soga, M., Shimazu, T. and Katoh, S.: The Phycocyanin Operon of the Thermophilic Cyanobacterium *Synechococcus elongatus*, Res. in Photosynth., KLUWER ACADEMIC PUBLISHERS, Vol. I, pp. 73-76 (1992).

```

GGATCCAGGGCGCTCGTGGTGCAGGTTTCAGCTTCTGTGGGGCTGTCAAATAAGCTAAATTCGCAACCGGCTCAGTCATACAAATCGTAACTTCCTGAGAACAAATGTTAAAGAAATTCACA 120
                                     プロモーター部位
AAAATTAGGAAAACCTTAGGACAACTAGACCAATTTTATGGCGATCGCTAGAACGCTTAATTTATCTCACAAAAGTATTTTACAAATTAATAACTACGGCGAAACAGGTTTCCACCACCGCA 240
TGTATTAAGAAAATACCTGAAAGGTTTAAACACACCGGCTGTGTGTTCCAGGCCCCCTCGCGGAACAAAGCCATCAGCAATCGTTAGGCCCTTTCCGGCACGCAAGAGCGTTGCACGTTCTCT 360
TAAAAGACACACCAAGGATCAGCTTGGTGCCTCTCGGGTTCCTTGGCACAGCCTTTAGGGAGTGTGCTGATTAGCTCCCTAAAAATCCTGCCTTATCTCTGTGGTAGGAATGTCAAGAA 480
                                     cpcB
GGTCTCACTTCTTAAATAACCTTAAAGGAATTCAGTCCATGCTAGATGCAATTCGCCAAAGTTGTGCTCAGGCGGATGCCCGGGGTGAATTCCTCACCAACGCCAGTTTCGATGGCCTG 600
リボゾーム結合部位 M L D A F A K V V A Q A D A R G E E L T N A Q P D A L
TCCAACCTGGTGAAGAAGGCAACAGCGTCTGGATGCTGTCACCCGATCAACCGATCAACCGATCCAGGATCGTTCAGGATCGTTCGCTCGTCCCTCTTTCAGAGCAACCCCACTGATC 720
S N L V X E G N K R L D A V N R I T S N A S T I V A N A A R A L F A E Q P Q L I
CGACCGGTTGGGAATGCTTACACCAACCCGCTGATGGCTGCTGCTGCGGCAATGAAATTTATCTTGGCTATGTGACCTAGCCATTTTGGCCGGTACTCCAGCGTCTCGATGAT 840
Q P G G N A Y T N R R M A A C L R D M E I I L R Y V T Y A I L A G D S S V L D D
CGTCTCTAATGGTGGGGAACCTACCAAGCCCTGGGTACCCCGGCTCTGTGGCTGTGGCCATTCAGAAGATGAAGGATGCCGCGATCCGATCCGCAATGATCCCAATGGC 960
R C L N G L R E T Y Q A L G T P G S S V A V A I O K M K D A A I A I A N D P N G
ATCACCCCTGGCGATGTCAGGCGCCTGATGTCGAAATCGCCGCTACTTGTGATGCTGCGGCTGCGGCTGTGCTTAAGACACCTTAGACATTCCTTAATTTGACCGTCTCGAACACGC 1080
I T P G D C S A L M S E I A G Y F D R A A A V A *
                                     cpcA
ACATTTTTCAGCGGATTTTATCCATGAAACCGGATTTACTGAAGCTATTCGCGCGCGATACCCAAAGTTCGTTTCTCTGAGCAACACCGAATGCAAGCGGTGGATGGTGCCTCA 1200
リボゾーム結合部位 M K T P I T E A I A A A D T Q G R F L S N T E L Q A V D G R F K
AGCGCGTGTGGCAGATGCAAGGCTGCTGCGCCCTGACCAACACCGCCAGAGCTTGAATTTGAGGGGCGAGCCCAAGCGGTGATCAAAAATTCGCCCTACACCCAGCAGCTGCAAGGCT 1320
R A V A S M E A A R A L T N N A Q S L I D G A A Q A V Y Q K F P Y T T T M Q G S
CTCAGTCTGCTGACCCCGAAGCAAGCAAGCTGCGCCCTGACATCGGCTACTACTCTCGGATGTTGACCTACTGCTCGTGGCGGGGACCGGTCGGATGACGAGTACCTGA 1440
Q Y A E T F E G K A K C A R D I G Y Y L R H V T Y C L V A G G T C P H D E Y L I
TTCGCGCTGTCCGAAATCAACAGCACCTTGTGATCATCCCAAGCTGGTATATCGAAGCTCTGAAATACATCAAAAGCAACCTGGCTTACCGGTCAGCTGCGGTGGAGCAAGCAAC 1560
A G L S E I N S T F D L S P S W Y I E A L K Y I K A N H G L T G Q A A V E A N A C
CCTACATCAGCTAGCCATTAACCCCTCAGCTAATAGGCGTTTCCTTCGTTGCCGGTGAAGTATGTTGCGGCTGGGCTGACCCCTTGTGTTACAAACCCGGCTGTGTT 1680
Y I D Y A I N A L S * *
                                     ターミネーター部位
    
```

図-2 光合成蛋白質フィコシアニンの遺伝子構造

- 青色：フィコシアニンα蛋白質遺伝子
- 緑色：フィコシアニンβ蛋白質遺伝子
- ピンク色：推定プロモータ部位
- 紫色：リボゾーム結合部位
- 黄色：ターミネータ部位

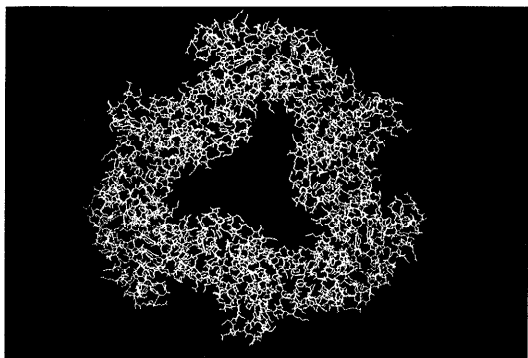


図-3 光合成蛋白質フィコシアニンの立体構造

- 青色：フィコシアニンα蛋白質
- 緑色：フィコシアニンβ蛋白質
- 白色：色素

に起因するが、これが速やかにかつ自己収束的に特定の立体配置を形成する原理は、過去何十年にわたって多くの研究者がコンピュータを駆使して解析しようとしているが、いまだ解明されていない<sup>5)</sup>。

### 2.4 高次の生体情報処理

生物が様々な環境の変化にともなって生命を維持していくことができるのは、高度に発達した情

報処理機能のおかげである。生体外部からの情報は各種のレセプター（蛋白質）により受容され、伝達経路を経て中枢に到達しそこで情報処理を施され、目的に応じた反応としてアウトプットされる。これらの機構のうちでも高度に発達して個体全体を統一する系を形成しているのは、図-1の右下に示した免疫系、内分泌系、神経系の3種類である。そしてこれらの系を構成する要素はやはり蛋白質である。たとえば免疫系では、外界から病原ウイルスが生体内に侵入すると非自己（自分の構成成分とは異なる物質）が存在するという情報が血液中の特殊な免疫細胞によって受容される。この情報はその細胞が放出する蛋白性因子により同類の細胞に広く伝達され、いくつもの過程を経て白血球によるウイルスの貪食や抗体（蛋白質）による除去機構が働き、感染から生体を守ることになる。このように高次の情報処理機能は情報の受容、伝達、増幅、制御さらに反応を担い、生体を常に一定の状態に保つために機能している。そしてそれが円滑に機能しているのは、遺伝子の情報とその発現制御に基づいているのである。

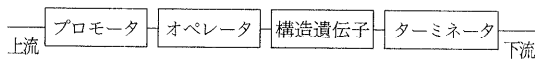


図-4 DNA に保存されている情報

### 3. 遺伝子に記憶された情報

#### 3.1 遺伝子の構造と情報発現, 制御

さてこれまで遺伝子は蛋白質の設計図であることを述べてきたが, これは「構造遺伝子」とよばれる DNA の一部にしかすぎない。図-4 に簡略化した遺伝子一式を示す。構造遺伝子の上流, 下流域には遺伝子発現の制御を行う領域が存在する。たとえば「プロモータ」は構造遺伝子の始まりの印であり発現のスピードを支配し, 「オペレータ」は蛋白質発現の促進, 抑制を制御する。下流に存在する「ターミネータ」は遺伝子の終了を知らせたり, 場合によっては発現速度を減速するために用いられることもある。

これらを図-2 と対応して見ていただくと分かりやすいであろう。配列の 1 列目中央付近にピンク色で推定プロモータ部位を示す。ここがフィコシアニン遺伝子の始まりであり, RNA への転写の強さを決定している。この下流域の 2~4 列目には発現制御を担うオペレータが存在するはずであるが, 今のところ不明である。フィコシアニンは光合成の遺伝子であるため, 光による発現制御を受けておりその構造には興味を持たれる。また図-4 では示さなかったが, 構造遺伝子の直前には AG 配列に富む蛋白質合成系との結合部位であるリボソーム結合部位 (紫色) が存在する。さらに青で示した構造遺伝子の下流には黄色で示したターミネータ部位が存在する。ここは黄色部の両端の遺伝子が G:C, A:T 間で結合し (塩基の上に・で印をつけた部分), 一本鎖がループ構造を形成して発現の制御を行う。この遺伝子の場合さらに下流域にも別の構造遺伝子が存在することが確認されており, このターミネータは発現量を落とす役割りがあることが分かっている。このように構造遺伝子も制御遺伝子も異なる質の情報を, わずか ATGC の 4 文字で記述していることは驚きに値する。

#### 3.2 ヒト・ゲノム解析計画

1991 年から 2005 年までにヒト遺伝子が持っている 30 億塩基対の配列を解析しようとするヒ

ト・ゲノム解析計画が, 日本, アメリカ, ヨーロッパを中心に国際的プロジェクトとしてスタートした<sup>6)~9)</sup>。ヒト・ゲノムとは 23 対からなるヒト染色体の全 DNA を示し, その情報量は新聞約 20 年分に相当するほど膨大なものである。そして直接蛋白質に翻訳される構造遺伝子約 10 万種を含むがそれは全 DNA の 10% を占めるに過ぎず, 大半は遺伝子の発現, 制御に関係する領域でヒト進化への謎を秘めている部分でもある。このようなヒト遺伝子の解析は, ガンや高血圧, 糖尿病などの原因遺伝子を突き止め, その治療法を確立するために必要な基礎データを提供するとともに, 遺伝子による病気の診断, 新しい医薬品の開発などにも波及効果をもたらすものと期待される。またヒト・ゲノム計画と平行して, 大腸菌, シアノバクテリア, 酵母, イネなどのゲノム解析も計画されており, 今後遺伝情報の科学, 産業, 社会へもたらす影響はきわめて大きいものと考えられる。

一方でゲノム解析によって得られたデータを単に ATGC 配列のデータベースにとどめず, 生命現象との関連を議論する必要がある。ここに情報処理の手腕が期待されている。たとえば図-2 でまだ不明のオペレータ部分を我々が実験的に解析しようとする, たいへんな時間と労力を必要とする。これを情報処理機能により意味ある配列を推定することができれば, きわめて有用な情報を提供してもらうことができる。ヒト遺伝子のように膨大なデータを扱い, さらに多くの未知遺伝子を含む場合は, ある意味では情報解明をいかに行うかがプロジェクトの成否を決めるといっても過言ではない。現在でも既知遺伝子配列との比較, 検索等はある程度可能となっているが, 今後はコンピュータ自身が学習し, 考え意味ある配列の選別を行うための情報処理が必要となってくるであろう。

#### 3.3 遺伝子情報のデータバンク

我が国の遺伝情報の蓄積と提供は国立遺伝学研究所内に設置された日本 DNA データバンク (DDBJ) に集約されている。DDBJ は同様な役割のあるアメリカの GenBank とヨーロッパの EMBL とお互いに提携し, 世界中の遺伝情報を収集管理している。1994 年 4 月段階でのエントリー数は約 17 万件, 登録遺伝子を総塩基数にする

と約1.8億個にもなる。ここ数年解析されている遺伝子の数は指数関数的に増大しており、DDBJでは5年後にはおよそ15億個になると予想している。しかしそれでもヒトゲノムの全塩基配列数である30億個の半分にはかすぎない。

我々のように遺伝子を情報源とする研究室では、電話回線を利用してDDBJのホストコンピュータにアクセスすることが必要となる。下記に記載の宛先\*において所定の手続きをとるとアクセスするためのキーワードをDDBJから発行してくれる。一度登録しておけば研究者向けにDDBJから定期的に情報提供等の様々な案内がある。たとえばデータベース一覧や新しいソフトウェアの案内、またデータバンクの国際的な動きについても知ることができる。

さて、このようなDDBJを介して我々が行っている研究活動の一端を次にご紹介する。図-2に示したような新規遺伝子の解析を終えると、まずデータベースとの比較を行う。過去に解析された遺伝子との同一性、類似遺伝子の検索等である。これは遺伝子の配列のみならず、蛋白質の配列に翻訳して行うことも可能であり、我々の場合主として蛋白質の一次構造の比較を行うことが多い。これにより遺伝子に記録された蛋白質機能の推定を行うことができる。次に新規遺伝子の場合はデータベースへの登録を行う。DDBJではAUTHORINという登録用のソフトウェアを配布しており、これを利用することによりオンラインでの登録が可能となる。数日後DDBJから登録番号が連絡され、ちなみに図-2のフィコシアニン遺伝子配列はD13173の一部として登録されている。登録の際にその遺伝情報を一定期間未公開にすることも可能で、重要な研究や特許対策も配慮されている。最近では遺伝子解析を含む論文の投稿の際には、DDBJ, GenBank, EMBLのいずれかへの登録が義務付けられるようになり、これもデータベースの充実の一因となっている。

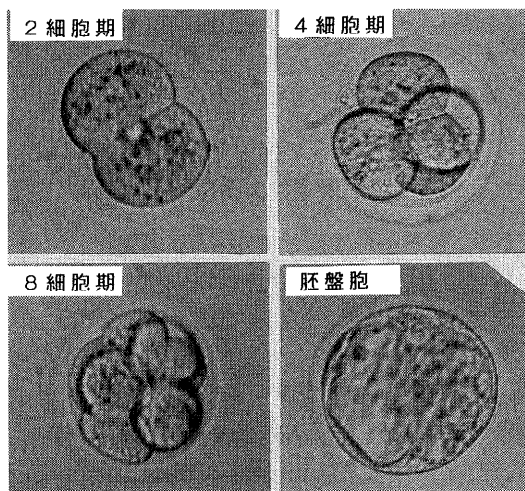


図-5 受精卵細胞の分裂の様子

#### 4. 今日の社会と遺伝情報

##### 4.1 DNA鑑定と診断

筆者がこの原稿を書いている際、次のような記事が新聞に掲載されていた<sup>10)</sup>。「皇女アナスタシア処刑されていた。ロマノフ王朝のナゾ、終止符」。要約すると、帝政ロシア最後の皇帝ニコライ二世とその一家の遺骨を調べていたロシア政府の調査委員会が、見つかった9体の遺骨の中にこれまで生存説が消えず今世紀の謎の一つとされていた第四皇女アナスタシアが含まれていた、と発表した。その決定的証拠とされたのが現在生存する血縁関係者の血液からDNA鑑定した結果であり、遺骨から得られたDNAとの比較により確実に証明されたというものである。この真偽をここで論じるものではないが、DNA鑑定が血縁関係を証明する確実な技術として応用されていることは疑いのない事実である。同様の原理で過去絶滅した生物の化石や氷山に埋まっていたミイラからDNAを抽出して生物進化や人類の起源を論じることも可能となっている<sup>11)</sup>。

この周辺技術は日常生活にも広く浸透しており、最近話題になっている遺伝子診断、遺伝子治療がそれである<sup>12),13)</sup>。図-5にマウス受精卵の発生過程を示す。細胞は2, 4, 8と倍々の分裂を繰り返す。このうち8細胞期の胚のうち一つの細胞を取り出してもその後の発生に異常は起きない。そこでこの一つの細胞を用いてDNAを調べることにより、生まれてくる子供の遺伝病の有無

\* 〒411 三島市谷田1111 国立遺伝学研究所 日本DNAデータベース (DDBJ) Tel. (0559) 81-6853  
Fax. (0559) 81-6849 e-mail: ddbj@ddbj.nig.ac.jp

を受精直後に知ることができるようになった。

ここで重要なことは、DNA すなわち遺伝子は個人を特定する情報を保存しており、現存の生物のみならず状態が良ければ数千万年前の生物の情報も知ることができるという点である。それは使い方を間違えると個人管理にも発展しかねない要因を含んでいる。生物の特徴は遺伝子が決める多様性にあり、これが地球上の生物の発展に寄与したことを念頭におき、遺伝情報と遺伝子技術を我々の生活に役立てていくことが必要である。

#### 4.2 ジュラシックパークの可能性

一時期夢の抗ガン剤として注目されたインタフェロンは、現在 B 型肝炎のようなウイルス病の特効薬として広く用いられている。インタフェロンも蛋白質であり、これを医薬品として広く普及するためには大量生産を行う必要がある。ヒト細胞を培養してそこからインタフェロンを分離する方法が望ましいが、需要が多くなると遺伝子組換えという方法で生産する手段がとられる。これはヒト遺伝子と大腸菌のような微生物遺伝子が本質的に同一であるため可能となった技術で、ヒト遺伝子の中からインタフェロンの構造遺伝子を切り取り、大腸菌の細胞に組み込んで蛋白質の発現を行う。大腸菌は 20 分に 1 回分裂し、インタフェロンを大量に生産するという仕組みである。このような技術はすでに広く用いられており、我々の生活を豊かにしている。

読者の中でご覧になった方もいらっしゃるかもしれないが、一昨年流行した映画「ジュラシックパーク」はこの技術の延長上にある。琥珀に封じこめられていた恐竜時代の蚊が吸った恐竜の血液から遺伝子を取り出し、恐竜の子孫と考えられるトリの卵の核に導入し恐竜を再生するという話である。おそらく現実には不可能である古代生物の再生も、もし完全な DNA が手に入れば原理的には映画のようなことも起こりうる。現実には実験動物や家畜の世界では、細胞から本来の DNA を取り出し別の細胞の DNA を入れ換える方法が、品種改良の手段として行われているのである。

#### 5. おわりに

近年生命の仕組みを解明しそれを我々の生活に役立てようとする、生命科学とバイオテクノロジーの分野は飛躍的に発展しつつある。これは生命

の源である遺伝子の原理が意外に簡単であり、解析する技術が進んだことが根底にある。そして DNA の構造が解明されて 30 年余り経過した今日、ヒトの全遺伝子を決めようとする試みも着実に進んでいる。一方で、遺伝子は個人により微妙に異なっている。人間の遺伝子はまさにその人の個性でありプライバシーでもある。遺伝情報の使い方を誤らないように、その管理は慎重に行う必要がある。生物は多様性に富み、それによって今日の繁栄が築かれたことを念頭におき、遺伝子の不思議の世界を理解し社会に還元することが大切であると考えます。

筆者は 1994 年の夏、宇宙開発事業団が行ったスペースシャトルコロムビアでのライフサイエンス実験を支援するため、アメリカケネディスペースセンタに行く機会を得た。人類はまさに地球から飛び出し未知の宇宙を住処にしようとしている。現地で作業を行いつつ、これも遺伝子のなす術かと密かに思うのであった。

**謝辞** 本稿執筆の機会を与えてくださいました、慶応義塾大学理工学部助教授岡田謙一博士に深く感謝いたします。また本文中で紹介したフィコシアニン関連の研究成果は、通産省産業科学技術研究開発制度の一環として、新エネルギー・産業技術総合開発機構より委託を受けて実施したものであります。

#### 参 考 文 献

研究の専門が異なることを配慮して、入手しやすくまた平易に書かれた解説書を中心に示す。

- 1) NHK 取材班：生命，第 1 巻 海からの創世，134 p., NHK 出版，東京 (1994)。
- 2) 今堀和友：老化とは何か，216 p., 岩波新書，東京 (1993)。
- 3) 山田 武，大山ハルミ：アポトーシスの科学，250 p., 講談社ブルーバックス，東京 (1994)。
- 4) 柳川弘志：生命の起源を探る，223 p., 岩波新書，東京 (1989)。
- 4) 郷 信広他編：蛋白質の時代，403 p., 共立出版，東京 (1994)。
- 6) 松原謙一，神 佳之編：ゲノム解析研究，530p., 共立出版，東京 (1993)。
- 7) Cooper, N.G. ed.: The Human Genome Project According to Los Alamos, 360 p., University Science Press (1994)。
- 8) Collins, F. and Galas, D. : Science, Vol. 262, pp. 43-46 (1993)。
- 9) Cohen, D., Chumakov, I. and Weissenbach, J. : Nature, Vol. 366, pp. 698-701 (1993)。

- 10) 朝日新聞 1994年9月10日朝刊.
- 11) ペーボ, S.: 古代のDNA, 日経サイエンス, Vol. 22, No. 1, pp. 72-81 (1994).
- 12) 日経サイエンス編集局: 遺伝子治療, 日経サイエンス, Vol. 24, No. 4, pp. 20-45 (1994).
- 13) レニー, J.: 遺伝子診断と米国社会, 日経サイエンス, Vol. 24, No. 8, pp. 110-120 (1994).  
(平成6年10月5日受付)



**平野 昌彦**

1953年生. 1981年東京大学大学院理学系研究科(相関理化学)博士課程中退. 同年東レ(株)入社. 現在(株)東レリサーチセン

ター・生物科学研究部, 主任研究員. 以来, 医薬品の分析・評価, タンパク質の構造・機能の解析, 植物光合成の研究などに従事. 著書「インターフェロンの科学」(講談社サイエンティフィック). 日本生化学会, 日本植物生理学会, 日本植物学会各会員.

