

特集「遺伝子情報の解析とタンパク質の構造推定」 の編集にあたって

熊 沢 逸 夫†

遺伝子, 進化, タンパク質…これら一連のキーワードから, われわれ, 計算機の仕事に携わっている者は何を連想するであろうか. 最近では, 遺伝子工学を通じて, 遺伝学は純粋学問としての側面よりも, 応用面が強調されるようになってきた. それでも, 少なからぬ人が試験管に囲まれた生物学の実験室を思い浮かべ, 計算機とかけ離れた世界を想像するのではなかろうか.

近年, ヒューマン・フロンティア及びヒト・ゲノムの両プロジェクトが社会的に注目を集めるようになってきた. ここ一カ月分の新聞をめくるだけで, これらのプロジェクトに関連した何らかの話題を見出すことができよう. 実は, 本特集で取りあげた遺伝子情報の解析と応用は, このいずれのプロジェクトとも密接に関連し, 将来, 科学, 社会の全般に大きな影響を与えると考えられる重要な研究分野である. しかも, この分野が実り多い成果を生み出すためには, 計算機のハードウェア性能の向上, 利用技術の進歩, そして, それら新しい計算機技術のこの分野への本格的適用が不可欠であると考えられている.

残念ながら, これまで日本において, 計算機分野と遺伝, 生物学分野との交流は活発であると言い難く, 上記の問題の重要性を意識し, 遺伝情報の分野に真剣に取り組もうとする計算機分野の研究者は極めて少数に限られていた. むしろ, 遺伝, 生物学分野の研究者が, 忙しい本業の合間を縫って, 計算機の利用に努力してきたというのが実情であろう.

本特集は, このような現状のもとで, 計算機分野の研究者に, 遺伝情報の分野に対する認識, 関心を高めていただくこと, またそこに計算機分野で解決すべきどのような研究課題があるのか, あるいは将来どのような機能が計算機ハードウェア, ソフトウェアに要求されて来るのかといったことを理解していただくことを目的として企画されたものである.

執筆者は, いずれも, 遺伝情報の分野で, 現在一線で活躍されている方々である. ただし, 前述した事情により, 計算機専門の方は少ない. そのため, ふだん

われわれが接する機会の少ない, 遺伝学, タンパク質工学, 薬学の各分野の専門家に, 現場に直結した貴重な意見を聞かしていただくことができたが, 反面, 計算機や情報処理の原理にまで立ち入った解説をしていただくことは不可能であった. 読者は解説の折々に筆者の豊富な経験に基づく示唆を見い出すことができよう.

著者らは, 手法の細部を省き, 大枠のみを示している. 細かな記述はわれわれの視野を狭くし, 思考を細部に拘束してしまう. 読者は, 詳細さの不足に不満を覚えるかもしれないが, これは, 初心者が, 新しい分野に進出する際に, 守るべき最小限のルールと知識の基本のみを示すことで, 発想に自由度を持たせ, 従来の枠組みに捕らわれない革新的な試みを期待する筆者らの配慮であると理解していただきたい.

簡単に各解説の内容を紹介しておこう. まず, 最近米国で開かれた遺伝情報関係の国際シンポジウムに出席された3名の方より, 最新の研究動向が紹介され, 計算機, 遺伝情報両分野の連携の重要性が指摘される. 続く5編では, 個々の具体的な問題とそこでの計算機の適用のあり方が解説される. 「分子進化学とコンピュータシミュレーション」では, 分子進化学の基礎知識の紹介後, 現在の生物種 (あるいはタンパク質分子) が共通祖先から分岐してきた系図を塩基配列から予測する問題が述べられる. 続いて現在構築されつつある「DNA データベース」の現状が紹介され, 「DNA データのコンピュータ解析」により遺伝子の機能を予測する問題が述べられる. 最後に DNA データから「タンパク質の構造予測」を行う手法と, その「薬品開発への応用」が紹介される.

必要は発明の母などと言われる. さまざまな潜在的可能性を秘めたこの分野は, 将来, われわれに大いなる必要 (要求) を提示し, 計算機の研究の活性源となることが予想される. 世の中の変化はわれわれが考えている以上に急である. 一人でも多くの研究者が本特集で指摘した問題の重要性を認識し, 著者らの要望に答えてくれることを望む. 計算機を有効に活用できるかどうか, プロジェクト成功を左右するといっても過言ではないのである. (平成2年6月1日)

† 東京工業大学情報工学科