学 術

身近な生物科学・技術の進展と社会

~遺伝子・ゲノム研究から、ゲノム医療、iPS細胞や再生医療など~

小 岩 弘 之

元岩手医科大学医学部客員教授

要 約

これまで多数の生物種のゲノムが解読・解析されている。特に、近年登場した次世代シーケンサー (NGS) によって、生物ゲノムは超高速・高精度に、大量・短時間で解読できるようになった。今日、NGSは遺伝子・ゲノム解析には不可欠で、基礎研究、ゲノム医療・創薬分野で幅広く利用されている。2006年に、iPS細胞が開発され、再生医療への道を拓いた。また、新しいゲノム編集技術が編み出され、「狙い通り」に簡単にゲノム操作できるようになった。この技術はヒトの再生・移植医療、特に難病治療に期待されている。最近の生命科学技術の驚異的進展とそれらの成果は社会に繋がり手渡されている。

I. はじめに

ゲノム (Genome) とは「生命体のもつ全遺伝情報」である。2003年に、ヒトゲノム30億塩基対 (n=23) の全解読が終了し、2004年にはヒトの遺伝子数は2万3千個程度であることがわかり、ヒト遺伝子配列とチンパンジーの遺伝子配列での違いも、僅か1.23%ということまでも判明した。2004年12月には、日本が中心となり国際協力で進めてきたイネの遺伝情報「イネゲノム」の解読も終了した¹²⁰。その結果、イネ染色体 (n=12) には約3億7000万塩基対、遺伝子数が約3万2000個あるとされまた。またコムギゲノム完全解読され、「遺伝子」は11万7891個 (2018年8月米サイエンス誌)と発表された。現在も様々な生物種のゲノム解読・解析が進められている。

最近の分子生物学やゲノム解読・解析技術は著しく急速に進歩しているが、特に、2005年頃に登場した自動ゲノム解読装置:次世代シーケンサー (NGS) によって、研究者は生物ゲノムを超高速・高精度に、大量・短時間で解読できるようになった。今日、NGSは遺伝子・ゲノム解析には不可欠となり、

基礎生物学研究、ゲノム編集、再生医療、ゲノム医療・創薬分野で幅広く利用されるようになっている。しかもNGSの普及によりゲノム解読コストは大幅に下がり個人遺伝子診断やゲノム医療、個別化医療への活用が期待されている。一方では、生命科学・技術進展スピードに驚いているばかりではなく、それを受け入れる私達の社会も理解に努め、それらの成果を上手く受け止めなければならないと思われる。

今回、遺伝子・ゲノムから再生医療、ゲノム編集 などその受け皿となる「科学・技術と社会」につい ても述べたい。

Ⅱ. ゲノム (genome) と遺伝子 (gene)

ゲノムという用語には2説があり¹⁾、gene (遺伝子)とome (全体)またはchromosome (染色体)のomeの合成語とされ生物の遺伝情報全体を指している。遺伝子 (gene)とはゲノムDNA (A, T, G, Cの文字が並んでいる)の中に、体をつくる情報(蛋白質)として書かれている一部分(配列)のことを言う。

Ⅲ. イネの全ゲノム、コムギの全ゲノム及びヒトの全ゲノム解読終了

1. イネの全ゲノム解読

1991年開始から日本が中心となり国際協力で進めてきたイネの遺伝情報「イネゲノム」は2004年12月に全解読が終了した¹²⁰。DNAの塩基配列は合計して約3億7千万塩基イネゲノムには約3万2千個の遺伝子があるとされた。

2. コムギゲノム解読

2018年8月に終了したが(米サイエンス誌)⁴⁾、この巨大なゲノムの塩基配列の94%が解読され、遺伝情報として意味をもつ塩基の並びである「遺伝子」は約12万個と判明した。これは構造の複雑なコムギゲノム全体を調べるかわりに、ゲノムを構成する21本の「染色体」を1本ずつ取りだして調べ決定した(農研機構NARO 2018.8.17)。またヒトゲノムの5倍、イネゲノムの40倍以上の大きさであることも分かった。

3. ヒトの全ゲノム解読

1991年に解読が開始され2003年4月に終了した¹³。
「国際ヒトゲノム計画」が1990年米国の国立衛生研究所NIHとエネルギー省共同で行うことを決定され、全ヒトゲノムの解読は1991年から開始された。やがて日本、欧州等のチームも参加した国際計画となったが、当時一人のゲノム解読には13年間かかり、経費は約3000億円が掛かったとされる(表1)。その結果、ヒトゲノムn=23 (30億塩基対)に含まれていた遺伝子の数は予想よりかなり少なく、2万~2万5000個。DNAの約98.5%は遺伝子とは関係ないことが分かり、その領域は「ジャンクDNA」と呼ばれるようになった。最近ではこのジャンクDNA領域の非コード領域にも機能的な領域が多数発見されるようになっている。

表1 1人分の全ゲノム解析に要する時間及び費用

	2003年*	2007年*	2014年#
時間	13年間	2か月	1週間
費用	30億ドル	100万ドル	約15万円

出典)*水島・管野純子、管野純夫、次世代シークエンサーの医療への応用と課題、モダンメディア、57, 225, 2011 ま上田宏生、次世代シーウエンサを用いたゲノム情報解析のためのインラ、INTECT ETCHNICAL JOURNAL, 15, 82, 2015 注シーウンスの深さ(depth)によって時間・実用は変動し、基本的にアクテーション(主張代け)の分は含まない。

Ⅳ. 次世代シーケンサー (NGS) の登場

従来のゲル板の自動DNAシーケンサーやキャピラリー型DNAシーケンサーは、生物ゲノムのDNAのシーケンス(配列)、つまりA(アデニン)、T(チミン)、G(グアニン)、C(シトシン)の塩基配列を自動的に解読していたが、2005年に米国の「454ライフサイエンシズ」社の世界初のNGS「454」(後にロシュ454)が登場した。これを契機にイルミナ社を始め各社が競ってNGS開発を進め「より高速」、「より正確」、「より低価格」を実現するようになったが。その中でもマイクロアレイ実験・解析の実績で既によく知られていた米国「イルミナ」は、2006年に、NGS「Solexa」の英国「ソレクサ」を買収、「Illumina GA」シリーズを開発・発売した。今日「HiSeq」「Miseq」は多くの研究者に利用されるNGSである(図1)。



Hiseq2500(イルミナ)

図 1

最近、オックスフォード・ナノポアテクノロジーズは、世界初で唯一のナノポアDNAシーケンサー、MinIONを開発・発売し、手のひらサイズの使い捨ての最小DNAシーケンサーでしかも価格は10万円と廉価な製品である。MinIONは科学研究、教育または疾患・病原体サーベイランスや環境モニタリン

グ、食物連鎖の監視、自己定量化、微小重力生物学のような実際のアプリケーションで、誰にでも簡単に生物学的分析をもたらすように設計されたポータブルで、リアルタイム、ロングリード、低コストのシーケンサーである(図2)(2019 Oxford Nanopore Technologies.Web siteより)。

NANOPORE

MinION Device

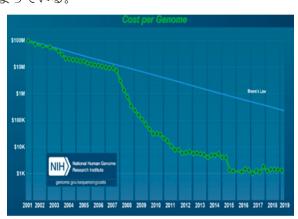
- Reader and Chip/Flowcell
- Simple, low cost and robust USB3.0 device





図 2

以上のように、これまでの基礎ゲノム研究における解析技術の向上と応用は止まることなく推進され、基礎研究から医療分野にも大きな波と変革をもたらしている。既に米国ではNGSによるゲノム解読コストが1000ドル/ゲノムとなっており²⁾、更に100ドル/ゲノムを目指して解析技術の改良を進めているとされる(図3)。これにより個人ゲノム解読がさらに加速推進され、ゲノム医療推進への期待が高まっている。



National Institutes of Health (NIH) Sequencing Costs 2019

図 3

2003年当時の個人ゲノム解析費用は、ゲノム解読に3000億円/人であったが、現在、約15万円(イルミナHi-seq2500)となっている(表1)。個人ゲノム解読・解析では、クライアントの遺伝情報から適切な医療や医薬品を助言できるようにもなると期待されている。これまでの基礎生物学における多様な生物種ばかりではなくヒト医療分野におけるゲノムDNA解読・解析がこれからも続くことは疑いない。しかしながら、NGSによる膨大な量のゲノムビッグデータが得られ易くなり、それらの解析利用において解決すべき課題も生まれている。

Ⅴ. ゲノム医療と個別化医療

医学研究分野におけるクリニカルシーケンスでは 研究と診断の各場面がある。

<研究場面>

- ・個人ゲノム解読 (Personal Genomics)
- 一般的な疾患の遺伝素因探索
- · 单遺伝子疾患原因遺伝子探索

<診断場面>

- · 既知疾患/遺伝病発症予測
- ・出生前後の診断
- ・がんの分子診断など
- 参) 大阪府立成人病センター研究所 久木田洋児より

私達は生まれつき遺伝子が少しずつ違っている。 各人の遺伝子の違いは約0.1%であり、30億塩基配列の中で300万-1000万箇所あるとも言われており、これはSNPs(single-nucleotide polymorphisms: 一塩基多型)と言われる。この違いにより各人の体質(太った人、痩せた人、肌の色など)が決まり、癌になり易さも違ってくる¹⁰。この場合、個人の病気治療はどのように行うのだろうか(図4)。

個人の病気をどう治療をするのか?

- 個人個人で異なっている遺伝的要因(DNA) ♡
- 腫瘍細胞に蓄積した遺伝子変異(がんゲノム)
- 環境要因によるDNAの修飾(エピゲノム)
- これらの違いが、がんの悪性度や治療応答性、 副作用の出やすさなどを規定している。
- インフルエンザなどの感染症への罹り易さ
- ・ 突然死を起こす心臓病の発病リスク(有名サッカー選手の突然死?)
- 様々な薬に対する効果や副作用(Warfarin, Carbamazepin, Clopidogrel)
 - 個々人の体質差が、DNAの配列の違いに関連



「私」のゲノムの情報が不可欠



東京大学医科学研究所ヒトゲノム解析センター2012年 宮野悟

図 4

私たちは個人の病気治療に対して主に次のようなアプローチを行う。そこでビッグデータの特徴として3のVがあるとされ、①Volume (量)②Variety (多様性)③Velocity (発生頻度)である。

- オミックスデータベース
 ゲノム配列、遺伝子発現プロファイル、エピゲノム、化合物データベースの活用。
- バイオバンク 検体の収集・管理など
- 3) 電子カルテ

EHR(Electronic Health Record): 医療施設を超えた診療情報の蓄積(患者の履歴、検査値、臨床データ)と利用、PHR (Personal Health Record): EHR+個人の社会生活で発生する様々な健康データ。

4) コホート(ある特定の疾患の起こる可能性がある要因・特性を考え研究対象となる集団を一定期間追跡し、疾病の発生率を比較観察研究):個人ゲノム、SNPs、環境要因、生活習慣など

以上を活用してオーダーメイド医療の実現に向かうと考えられている。遺伝情報を上手く活用すれば将来罹患しやすい病気が分かるようになり、薬の効き目や副作用について投与前に推測できる。また癌患者のゲノムを解析し個人に合わせて効果が高く、効率のよい治療薬を開発でき、短期間に低コストの創薬を可能にし、従来の医療を大きく変える可能性が期待される。

ゲノム医療

ゲノム医療は、これまで述べてきたようにゲノム情報は私達の体をつくるための、設計図であり、それらをクリニカル(臨床)シーケンス解析により網羅的に調べ、その結果から、より効率的・効果的に病気の診断・治療などを行う。最近のゲノムに関する医学研究の取組みと進展は目覚ましく、特定の病気と遺伝情報の関係が解明されつつある⁹¹。

クリニカルゲノムシーケンス解析とは別に遺伝学的検査があるが、特定の染色体や遺伝子について、何らかの変異が起こっていないかを確かめる目的で行われる。遺伝性の疾患の有無、特定薬の副作用の有無、などを調べる。最近は、クライアント(依頼者)とその血縁者の遺伝情報・家系情報を解析する発症前診断、癌や生活習慣病などに罹り易いかどうかの診断などの予防医学も含まれている(国立国際医療研究センター病院HP)。

「がんの個別化医療」が本格始動

全国どこでも質の高いがん医療を提供することができるよう、2018年2月にがんゲノム医療中核拠点病院を全国に11箇所指定し(がんゲノム医療機関:北海道大学病院、東北大学病院、国立がん研究センター東病院、慶應義塾大学病院、東京大学医学部附属病院、国立がん研究センター中央病院、名古屋大学医学部附属病院、京都大学医学部附属病院、大阪大学医学部附属病院、岡山大学病院、九州大学病院)、がんゲノム医療連携病院を156箇所公表された(平成31年4月1日現在 厚生労働省HP)。更に、令和1年7月1日には都道府県がん診療連携拠点51病院、地域がん診療連携拠点(高度型)14病院、地域がん診療連携拠点(高度型)14病院、地域がん診療連携拠点(高度型)14病院、地域がん診療連携拠点(高度型)14病院、地域がん診療連携拠点(高度型)14病院、地域がん診療連携拠点325病院が指定された(厚生労働省HP 令和1年7月1日 がん診療連携拠点病院等について)。

厚生労働省の中央社会保険医療協議会は、2019年 4月24日がん患者の遺伝子変異を調べ、効果が見込める薬を選ぶ「がんゲノム医療」用の検査システム に公的医療保険を適用する要件として、医療機関に 対し、匿名化した検査結果を国に提出するよう求め ることを決めた。

この検査システムは「遺伝子パネル検査」(1度

に多数のがんに関わる遺伝子の変異を調べる検査) と呼ばれる⁶⁾。確立された治療法がない希少がんや 小児がんなどの患者が対象で、現状では数十万円の 患者負担が生じるものの今年6月から保険適用され た (m3.com 2019.5.29)。

個別化医療実現へ向けて

ゲノム解読と、それらデータを解釈し、適切ながんの「個別化医療」(図5)を実現するためには、現時点では研究がまだ不足している。今後は治療方針に結び付ける情報(がん変異の医学的意味についての情報)研究が求められるであろう。



VI. iPS細胞発見と再生医療

図 5

2006年に、京都大学山中伸弥らによるiPS (induced pluripotent stem cell) という人工多能性幹細胞が開発・発表され、iPS細胞(受精卵以外から得られる幹細胞)はこれまで困難であった再生医療にも道を拓いた。

実はES細胞(胚性幹細胞: embryonic stem cells)によく発現している24個の遺伝子の中から、後に山中因子と呼ばれる4つの遺伝子(Oct3/4、Sox2、Klf4、c-Myc)を導入し2006年、山中伸弥京都大学の研究グループによってマウスの線維芽細胞(皮膚細胞)からES細胞に類似した多能性幹細胞ができた。現在、具体的な再生医療や疾患特異的iPS細胞を活用した難病研究も試みられている。再生医療への応用ばかりだけではなく、病気の原因解明や医薬品候補化合物の毒性評価や薬効評価等の基礎研究や

創薬研究への応用にも大きな期待が寄せられている。

現在のところ、iPS細胞を使った再生医療は研究段階でありまだ実用化されているものはないが、臨床研究(実際にヒトに治療を行い、安全性や有効性を検証するための研究)が行われているものや、準備が進められているものはある。その中でもiPS細胞を使った再生医療に一番実用化に近いのは、加齢でものが見えにくくなる「加齢黄斑変性」という眼の病気の治療である(独立行政法人理化学研究所高橋政代)。更に、iPS細胞の創薬スクリーニングへの応用への期待もされている。

再生医療としてよく知られているのは「ハートシート」(大阪大学大学院医学系研究科心臓血管外科:澤芳樹教授が開発を進め、テルモ社と共同で応用実用化)(図6)である。ヒトのふくらはぎの筋肉組織を採取してシート状に培養。これを重ねてシート集合にし治療すべき目的の自家組織部分に張り付ける。薬物治療や冠動脈バイパス手術などの標準治療で効果不十分な、虚血性心疾患による重症心不全の治療の新たな選択肢として期待されている。

世界初、心不全治療用の心臓表面再生医療等製品 「ハートシート」が発売開始(テルモ株式会社)



図 6

また、心筋梗塞や拡張型心筋症が原因で起こる心不全においても、iPS細胞から心筋細胞を作って心臓に注射したり、シート状にして心臓に貼り付けたりする治療方法の研究も進んでおり、臨床研究に向けて準備がされている(大阪大学大学院医学系研究科心臓血管外科HP:澤芳樹教授ら、AMED 再生医療実現拠点ネットワークプログラム拠点A iPS細胞を用いた心筋再生治療創成拠点)。

なお、繊維メーカー各社はさらなる成長分野だと

注目し(グンゼ:ひざ軟骨の再生を促す医療用シート、東洋紡:神経再生誘導チューブ、あごの骨の再生に寄与するというスポンジ材、帝人:血管修復パッチ)が再生医療に参入し開発を進めている。各社の繊維加工で培った技術を医療やバイオ事業でのノウハウを活用する(朝日新聞 2018.10.23)。

また、iPS 細胞のヒトへの臨床応用に関して、① iPS 細胞を用いた細胞治療と② 疾患特異的iPS 細胞での最新の知見が解説されている⁸⁾ (小沼、2016)。 難病治療研究としてはiPS 細胞を用いた自己免疫疾患研究(夏本ら、2017)が報告されている。

以上より今後のiPS細胞を利用した再生医療の進展が期待されている。

近年、糖尿病治療における膵臓再生や膵島β細胞移植の技術開発が注目されている。1型糖尿病の根治療法「バイオ人工膵島移植」について日本では「動物性集合胚」研究が報告され³⁾、動物の体内でヒトの臓器を作る研究が2019年3月に解禁されたが、京都大学iPS細胞研究所(CiRA)は、更に「動物性集合胚」研究の今後の議論の方向性を示している。

また「ブタ体内で人のiPS膵臓を作成 東大、年度内にも実施」(産経新聞2019.4.28)で、東京大学の中内啓光特任教授は、人工多能性幹細胞 (iPS細胞)を使って、ブタの体内で人の膵臓 (すいぞう)をつくる研究を実施する方針を明らかにした。将来、移植医療用として使うのが目的。学内の倫理委員会と国の専門委員会による2段階審査で認められれば、2019年度中にも国内で初めて人の臓器を持つ動物をつくる実験に着手するとしている。

糖尿病治療のための簡便・安全・効果的な膵島移植法を新規に開発した(東北大学大学院医学系研究科移植再生医学分野の後藤昌史ら Transplantation 2017.10.10)。この方法は、血管の形成を新たに誘導する作用を持つ新規素材を用いることで、体にやさしい皮下への膵島移植を可能とした。今後、膵島移植による糖尿病治療に大いに役立つと考えられ、さらに今後、肝不全に対する肝細胞移植など、他の様々な細胞移植治療への応用も期待される(東北大学大学院医学研究科プレスリリース2017.11.8)。

他のiPS細胞利用した臓器再生研究例:①iPS細胞でミニ肝臓、病気再現に成功、治療に活用(東京医

科歯科大武部貴則教授ら朝日新聞2019.5.31)。② iPS細胞使いネズミ体内で人間の膵臓 東大チーム 研究へ(東京大医科学研究所の中内啓光特任教授ら 朝日新聞2019.6.8)などが報告されている。

Ⅲ. ゲノム編集の登場と今後

ゲノム編集とは生命=人間の設計図を人工的に編集できる技術であり、人為的に目的の遺伝子をゲノム配列の狙った位置で「切ったり」「並べ替えたり」「貼り付けたり」自由に編集可能な精度の高い技術である。新しい遺伝子工学技術としてゲノム編集技術が今注目されている。

この「ゲノム編集」はヒトの再生・移植医療においても注目されている。特に難病治療への活用には期待されている。それらの実現には生命・医学的な倫理的問題もあり慎重な対応が求められている。

「1986年、大阪大学微生物病研究所の石野良純 (現九州大学教授)らは、今日CRISPRと呼ばれている反復クラスターを、1987年に大腸菌で初めて記載した。それは遺伝子の塩基配列の中に同じ特徴的な配列が繰り返し現れることだった」が、当時、石野らにはゲノム配列の繰り返しの意味は分からなかった。その後この繰り返し配列は真正細菌や古細菌のゲノムなどからも発見され、2002年に細菌のDNAに見られる反復配列(Clustered Regularly Interspaced Short Palindromic Repeat)にちなんで¹⁴⁾、

「CRISPR」と名づけられた。2012年8月、既知の 真核生物の獲得免疫に関わるCRISPRが、ゲノム編 集にも活用し得ることをエマニュエル・シャルパン ティエとジェニファー・ダウドナらが明らかにし 『Science』に発表した¹¹⁰。

ゲノム編集ではこのCRISPR-Cas 9 タンパク質システムが必要で、ゲノム配列中の狙った位置でゲノム編集できるようになる。ゲノム編集が従来の遺伝子組換え技術と違う点は、偶然によらず簡単にピンポイントに特定の場所を「狙い通り」にゲノム操作でき形質を導入できる極めて精度の高い技術である。従来の遺伝子組換え技術では何千~何万回とトライしてようやく特定の場所に外部からの遺伝子を組み込み形質を導入できたが、かなり「試行錯誤」と

「偶然」に頼った技術で、相当の時間を要した。

厚労省は遺伝子を切断して働きを止める方法は、 自然に起こる突然変異や従来の品種改良と見分けが つかないため規制の対象外とした。この改変した遺 伝子や有害物質の有無などの情報を同省へ届け出れ ば、安全審査を受けなくても販売が認められる。

「ゲノム編集食品」は今夏にも流通できるとして厚 労省は了承した(日経新聞2019.3.18)

ゲノム編集のデメリット(問題点)は、「オフターゲット作用」、これは目的ではない遺伝子(オフターゲット)までを編集してしまうのではないかという「リスク」があるが、植物(作物)の場合、育種・選抜過程でオフターゲット変異は取り除かれる。 既に国内ではゲノム編集をしている事例が下記のようにある。

ゲノム編集大豆:北海道大学などの研究グループ (北大、横浜市立大学、農研機構との共同研究)は、 国内で初めて大豆のゲノム編集による性質の改変に 成功した。ゲノム編集した大豆の子実から植物体が 大きくなる系統を育成している。大豆のゲノム編集 は世界でも数例しか成功例がないという。(日本農 業新聞2017.10.16)

トマトにゲノム編集、特定アミノ酸増やす 筑波 大学(日本経済新聞2017.8.7)

「ゲノム編集イネ」収穫量の多いイネ、野外で初 栽培 つくば農研機構(毎日新聞2017.5.31)

60日経っても腐らないトマトをゲノム編集により 開発 筑波大学 (農業メディア2016.6.8)

ジャガイモの芽の毒が「ゲノム編集」でなくなる 大阪大学・理化学研究所 (読売新聞2018.6.21)

ゲノム編集の技術で筋肉量を増やした「マッスルマダイ」近畿大学(朝日新聞2018.1.3)

ゲノム編集でニワトリを品種改良-低アレルゲン 性卵の生産へ道筋-

国立研究開発法人產業技術総合研究所、国立研究 開発法人農業・食品產業技術総合研究機構

国立大学法人信州大学 (プレスリリース2016.4.6)

ゲノム編集に期待するもの

① 健康寿命の延伸は、医療分野への応用と同義である。

- ② 食糧問題の解決は、収量増や高栄養素な植物 や食品などが、品種改良によって生み出される 可能性が高い。
- ③ エネルギー問題の解決は、ゲノム編集によってできた植物からさまざまな物質を生み出すことであり、脱石油も期待される。

Ⅲ. 科学技術と社会

(参考:山口大学大学院 技術経営研究科 科学・ 技術と社会1 2019.4.6)

科学 (Science) と技術 (Technology) は別個に発展してきたが、19世紀以降技術は有用性に加え、客観性と厳密性を備えるようになり、科学と技術は相互関係を深めるようになって今日に至っている。20世紀後半になると、科学が技術を生む例が多くみられるようになる。例:計算機理論→コンピュータDNAの発見→遺伝子工学など。現在では、科学と技術の一体化がより進展し、「科学技術」という言葉の定着が進んだ。例:MRI→脳科学→情報工学や医学など。

科学・技術は私たちの世界を操作可能なものにする。そして技術によって、人々は世界を改変・操作し、抱える問題を解決することができるようになった。しかしながら技術は社会システムや文化に影響を与えるが、人々の成功や失敗、利益や損失にも繋がり、技術は社会的・個人的価値に結び付いている。

技術と社会

これまで述べてきたように、近年の生命科学・技術の進展スピードには驚かされるが、私達の社会もその成果を上手く受け止めなければならない。科学・技術の進展は社会システムや文化に影響を与え人々の成功、利益、時には失敗、停滞や損失に繋がるからである。

科学・技術システムと社会システムは不可分に絡 まり合い、相互に影響し合っている。

例①:衛生工学の発展,医薬の開発は,人口増加と 抑制の両方に影響している。

例②:情報通信技術の発達は、人々のコミュニケーションを活発化させ、社会に変革をもたらすこ

ともあり、同時に監視社会の発達にも繋がっている。

社会システムは時に技術を制限することもある。

例①:生命倫理によりバイオテクノロジーが制限される。

例②:インターネッネットに自由と規制が行われる など

区. まとめ

私達の社会は技術進展のスピードに追い付き、それらの成果を上手く社会は受容する必要がある。今回、遺伝子・ゲノムから再生医療、ゲノム編集そしてその成果の受け皿である「社会」まで横断的に述べた。日進月歩する科学・技術と社会との繋がりを少しでも分野横断的なところでご理解頂けたら幸いである。

引用文献

- 1) ゲノム定義『ウィキペディア (Wikipedia)』2019.
- 2) National Institutes of Health (NIH) (2019) Sequencing Costs
- 3) Tsutomu Sawai, Taichi Hatta, and Misao Fujita Japan significantly relaxes its human-animal chimeric embryo research regulations (2019) Cell Stem Cell 24(4), 513~514.
- 4) International Wheat Genome Sequencing Consortium. (2018) Shifting the limits in wheat research and breeding through a fully annotated and anchored reference genome sequence. Science 361. eaar 7191, 17 August.
- 5) 兼崎 友 (2017) ゲノム研究の歴史と技術革新 生物工 学会誌, 95(3), 136~139.
- 6)日本臨床腫瘍学会・日本癌治療学会・日本癌学会合同 (2017)次世代シーケンサー等を用いた遺伝子パネル検 査に基づくがん診療ガイダンス,1~5.
- 7) 夏本ら (2017)、iPS 細胞を用いた自己免疫疾患研究 Jpn. J. Clin. Immunol., 40(1)48~53.
- 8) 小沼憲祥 (2016) iPS細胞の基礎と臨床 日大医誌 75(2), 56-60.
- 9) 厚生労働省 (2015) ゲノム医療に関する諸外国の取組に ついて.
- 10) 田島 靖浩, 佐竹 一紘, 塚本めぐみ他 (2012) 一塩基多型と 個人差 生物機能開発研究所紀要 13, 69~74.
- 11) Rodolphe Barrangou, Christophe Fremaux, Hélène Deveau (2007) CRISPR Provides Acquired Resistance Against Viruses in Prokaryotes Science 315 (5819), 1709-1712.
- 12) イネゲノム配列公開; 2005年2月3日DDBJより, AP008207-AP008218及びウエブサイト http://rgp.dna.affrc.go.jp/IRGSP/Build3/build3.html 公開
- 13) International Human Genome Sequencing Consortium (2004) Finishing the euchromatic sequence of the human genome 431, 931~45.

14) Jansen R, Embden JD, Gaastra W, Schouls LM (2002) Identification of genes that are associated with DNA repeats in prokaryotes Mol Microbiol 43(6), 1565~1575.

プロフィール

平成元年3月 新潟大学大学院自然科学研究 科博士後期課程修了、学術博士:

平成元年4月 秋田県立農業短大研究所研究 員、(兼任) 理化学研究所フロンテア研究員

平成2年4月 持田製薬(株)研究所研究員 (医薬研究開発)

平成5年1月~平成15年3月 (財)岩手生物 工学研究センター主席研究員

平成15年4月~平成23年7月 東北化学薬品 (株)理事・生命システム情報 研究所長

平成23年8月~平成28年9月 共立医科器械 (株)受託解析研究新事業部: バイオ・メディジェンLab. 部 長

平成28年10月~平成29年3月 東北大学BIP アドバイザー

平成29年10月~平成30年3月 NPO岩手中部 地域医療情報ネットアドバイ ザー

平成29年4月~現在 株式会社インフォバイ オ顧問(非常勤)

大学教員職

平成13年4月~平成15年3月 (兼任)岩手大 学連合大学院連合農学研究科 客員助教授

平成18年10月~平成20年3月 (兼任)岩手県 立大学客員教授(ソフトウエ ア情報学部)

平成22年10月~平成27年3月 (兼任)岩手医 科大学医学部客員教授(感染 微生物学)

学位:理学士及び理学修士、学術博士(新潟 大学)

専門:分子細胞生物学、ゲノム解析・遺伝子 発現、バイオインフォマティクス