

TM-1231

遺伝子情報処理の楽しみ方
ー生物学の実験が苦手だった人のためにー

廣澤 誠

November, 1992

© 1992, ICOT

ICOT

Mita Kokusai Bldg. 21F
4-28 Mita 1-Chome
Minato-ku Tokyo 108 Japan

(03)3456-3191 ~ 5
Telex ICOT J32964

Institute for New Generation Computer Technology

遺伝子情報処理の楽しみ方

－生物学の実験が苦手だった人のために－

広沢 誠

I C O T ((財) 新世代コンピュータ技術開発機構)

1 はじめに

私が研究をしている遺伝子情報処理という分野は、非常に若い分野であり、遺伝子情報処理という名前が定着したのもごく最近のことである。この分野の研究を始めた2年前には、研究内容を説明しても、あまり関心を示さない人が多かった。しかし、最近は遺伝子情報処理という名前を聞くだけで興味を示してくれる人が多くなった。まさに、隔世の感である。

この2年の間に何が変わったかという、病気の遺伝子治療とか遺伝子診断に関する記事が新聞や雑誌に頻繁に載るようになったことである。また、DNAによる親子判定なども行われるようになった。このように、一般の人にも遺伝子という言葉が浸透するようになり、遺伝子に関わっている人たちは誰でもトレンドリーなことをしているのではないかという(多少誤った)イメージが生じてきたようである。

その結果、この遺伝子という理学系の言葉と情報処理という工学系の言葉のハイブリッドである遺伝子情報処理という言葉が何か心地の良い響きを持つようになったようである。これはやはり境界領域である人工知能という言葉が心地の良い響きを持っているのと同じであろう。

人工知能は既に確立した分野となり、多くの人が研究に従事されている。しかし、遺伝子情報処理の分野はまだ発展途上の分野であるために、多くの情報処理の研究者が活躍できる可能性がある。しかし、情報処理を研究している方々は、遺伝子情報処理とはどのようなものかということ、また遺伝子情報処理を楽しむのに必要な生物学の基本的知識をどのように得たらいいかの見当がつかないことが多いのではないかと私は推測する。

私が遺伝子情報処理の研究を始めた頃も、遺伝子情報処理の研究を楽しむための生物学の知識を獲得するのに苦労した。幸い、コンピュータを用いて生物学の研究をされている京都大学の金久研究室や九州大学(今は京都大学)の宮田研究室の皆さんに色々教えていただいたため、にっちもさっちもいかないということにはなかった。また、コンピュータ側から遺伝子の解析を行う研究者が少なかったこともあって、生物についての的外れな質問をしても丁寧に教えてくださる先生や学生さん達が多かった。しかし、これだけの好条件に恵まれていても、何をどのように聞けばいいかが分からなかったり、教えていただいても生物学の語彙が足りなくて何だか分からないことが多かった。結局は、自分で本を読んで勉強しなくてはならないのだ。

遺伝子の教科書で定評があるものとしては、“ワトソン 遺伝子の分子生物学”[松原謙一 他 監訳: トッパン(1988)]という巨大な(1163 ページ)本がある。しかし、これは初心者が対戦するのには強敵過ぎる。最近の漫画の“ドラゴンボール”[鳥山明 著: 少年ジャンプ(集英社) 1984年51号より連載中]でも、昔の“巨人の星”[梶原一騎 作、川崎のぼる 画: 少年マガジン(講談社) 1966年19号より1971年3号まで連載]でも、ヒーローはまず弱いライバルと対戦し、段々と力をつけ、最後に最強のライバルを破ることになる。ヒーローには、戦いの順序についての serendipity (別に、それほど努力をしないのになぜかうまくいってしまう好運) が必要である。このような serendipity は遺伝子情報処理に必要な生物学知識を自力で得るためにも必要であり、私はこれに恵まれていたような気がする。しかしながら、すべての人が serendipity に恵まれるとは限らないので私が多少なりともアシストできないかと思っている。

以下、遺伝子情報処理を楽しむために読者が対戦するべき文献を弱い順（易しい順）に織り込みながら、遺伝子情報処理の楽しみ方についてに説明する。

2 勇気をつけるために

まず、遺伝子情報処理とはどのような対戦相手であるかを知らなければならない。遺伝子情報処理は、実験をやらない生物学である。実験しない代わりに、生物の遺伝子の解析をコンピュータを利用して行なう。解析すべきデータは、実験生物学の研究者からもらってきてもいいし、遺伝子のデータベースを検索してもいい。

生物の遺伝子を解析して何が分かるかという、例えば、ジャイアントパンダが、アライグマの親戚というよりもシロクマの親戚であることがわかる。これは、例えば、ジャイアントパンダのヘモグロビン（血液に含まれている）の遺伝子が、アライグマのヘモグロビンの遺伝子よりはシロクマのヘモグロビンの遺伝子に似ていることから分かる。ジャイアントパンダの親戚を探せれば、動物好きの人は喜ぶに違いない。だが、皆さんは、遺伝子の解析をしても、ごく普通の人には進化に関する話しのネタが一つ増えるだけであまりメリットはないと思われるであろう。

しかし、多くの人が遺伝子の解析をしているのは、遺伝子を解析するともっと実用的なことが分かるからである。まず、エイズウイルスの分類を、ウイルスを観察することなしにできる。また、エイズウイルスと白血病ウイルスが近縁であることもわかり、治療法の開発に役立つ。さらに、癌遺伝子や癌抑制遺伝子の解析をすることにより、癌化のプロセスの理解に役立てることができる。

このように、現在では、遺伝子を解析することにより、ウイルスからパンダ、そして、人間に至るまで幅広い生物の生命現象に関する研究をすることが、遺伝子情報処理では実験をすることなしに可能である。このことは、生命現象には興味があったが、生物（なまもの）を扱うことが苦手であったり、不器用であったりしたために、他の分野の研究をすることになった私のような者には朗報である。

さて、情報処理研究者のために書かれた遺伝子情報処理についての解説としては“遺伝子情報処理へのいざない”〔星田 昌紀著：bit 1992.3〕がある。工学系出身で生物の知識が余りなかった星田氏が、遺伝子情報処理に対して果敢に挑んでいる姿が窺われる優れた解説である。彼が述べているように‘恥を恐れない心’と、他の分野の人達への‘サービス精神’が遺伝子情報処理のような学際分野を発展させるためには必要であると思う。

3 心を引き締めるために基本に戻る

遺伝子情報処理ということがある程度把握できたら、“岩波講座－分子生物科学3 生物の歴史”〔木村資生、大沢章二 著：岩波書店(1989)〕とか、“ヒトの分子生物学”〔川上正也 他 著：講談社サイエンティフィック(1991)〕などを読んで、生物の進化や、人の遺伝病解析などについての基礎知識を得てみよう。しかし、これらの本は多少難しいと感じる人もいるかもしれない。

おそらく、難しいと感じるのは、‘現在、高校で教えられている生物学’の知識がないからであろう。これは、高校で生物学を選択しなかった人だけではなく高校で‘かつての生物学’を選択した人にもあてはまると思われる。ここ10年間で高校の生物学はかなり進化し、遺伝子の言葉で多くの生命現象が語られ始めている。

私の愛用しているのは“シグマベスト 理解しやすい新生物”〔水野丈夫編：文英堂(1987)〕という高校の生物の参考書である。遺伝子情報処理の研究を始めて半年、苦勞してようやくある程度の生物学の知識を得た後にこの本を見て、必要な基礎知識がほとんど載っているの、私はガ

クゼンとしてしまった。現在も基礎知識の確認のためによく参照している。シグマベスト（新しい版が出版されることを私は希望している）に限らず高校の生物学の参考書、または、教科書に目を通しておくことをお勧めする。

4 トレンディーなトピックスをチェックしておく

さて、“生物の歴史”や“ヒトの分子生物学”などを読めば遺伝子に関する基礎的なことが分かってくる。次には、これらの知識を武器にして、トレンディーなトピックスを遺伝子の言葉で理解しよう。例えば、エイズと癌遺伝子、そして遺伝子治療である。これらを遺伝子の言葉で友人に説明できるようになれば、とりあえず遺伝子関係のことを研究しているという自信が出てくるであろう。説明している時に、まだ理解が十分でないとわかったらまた勉強すればいい。重要なことは、知識をひけらかすことではなく、「私は、遺伝子関係のことを研究していると」という identity を確立することである。

まず、エイズウイルスや現在注目されている他のウイルスについての分かりやすい入門書としては“現在ウイルス事情－インフルエンザからエイズまで－”〔畑中正一著：岩波書店（1992）〕がある。エイズウイルスの解説はもちろん、肝炎ウイルス（A型、B型、C型）の説明もある。

昔は肝炎というとお酒の飲み過ぎが原因であるという印象が強かったが、現在はウイルス性の肝炎が肝炎の多くの割合を占めている。A型肝炎が食べ物を介した感染であるのに対して、B型とC型は血液を介して感染する。A型肝炎ウイルスは衛生状態のよい日本では感染の心配はほとんどなく、また、かかったとしても一過性の病気で肝硬変には至らない（でも、海外旅行の時には注意して下さい）。これに対して、B型とC型は肝硬変を経て肝臓にいたる可能性がある。現在、輸血時にB型肝炎ウイルスに感染した血液を検出する技術は確立しているようである。しかし、C型肝炎ウイルスについては完全には確立してはいないようである。

次に、癌についてであるが、現在は癌遺伝子と癌抑制遺伝子が注目されている。癌遺伝子は壊れたアクセルに、そして、癌抑制遺伝子はブレーキに例えられている。癌遺伝子は本来正常に機能する遺伝子であり、細胞が増殖する過程に関わっていることが多い。本来ならば、外部から「細胞よ増殖しなさい」というメッセージが来た時にこの遺伝子は機能し、このメッセージを次に伝達する。受けとったメッセージは次々に伝達され最終的に細胞が増える。メッセージが来ない時にはこの遺伝子は何もしないし、自主的に何かしてくれては困るのである。

さて、メッセージが来るのは、例えば、怪我をして新たに細胞を作らなければいけない時などである。しかし、本来の遺伝子のどこかが壊れると、この遺伝子は、「増殖しなさい」というメッセージを外から受信していないのにもかかわらず、勝手に「増殖しなさい」と発信しつづける。結果として、無限に細胞が作られてしまう。この状態が癌になった状態であり、壊れてしまった後の遺伝子が癌遺伝子と呼ばれている。これが、癌遺伝子が壊れたアクセルと呼ばれる所以である。

これに対して、癌抑制遺伝子はメッセージによりオンになった増殖スイッチをリセットする。したがって、癌抑制遺伝子のどこかが壊れてしまうと増殖過程は停止せず、結果として、細胞が無限に増殖し癌になってしまう。この癌化に癌抑制遺伝子はブレーキをかけることができる。

メッセージとか、スイッチのリセットという言葉を知ると、昔、通信ネットワークの研究をしていた私は懐かしさを覚えると同時に遠くに来てしまったと実感する。しかし、情報系の皆さんは、遺伝子は情報を蓄積しているだけでなく、情報を伝達するネットワークを形成しているということを知り、遺伝子に親しみを感じ、研究意欲をかきたてられるのではないだろうか。

このような癌遺伝子についての知識の基本は“ヒトの分子生物学”や“現在ウイルス事情－インフルエンザからエイズまで－”を読むと理解できる。しかし、もう少し詳しく癌遺伝子について

知りたい人は“実験医学バイオサイエンス4 がん遺伝子ハンティング”〔田矢洋一 他 著：羊土社(1992)〕を読むといい。これは、多少は難し目であるが前にあげた二つの本を理解できていれば読みこなすことができるであろう。

羊土社の“実験医学バイオサイエンス”というシリーズには優れた本が多い。羊土社は、実験医学という医学、分子生物学の月間誌を出版している。この雑誌は、最新のトピックスを専門家向きに簡単に解説したものである。そのため、情報系の人には難しいらしく、私の他のICOTのメンバーは読んでいない。これに対して、バイオサイエンスシリーズは一般の読者にも最新のトピックをわかりやすく解説することを趣旨としており、ICOTのメンバーでも簡単に読みこなせるようである。例えば、前出の“がん遺伝子ハンティング”と“実験医学バイオサイエンス2 遺伝子でわかる脳と神経”〔石浦章一 著(1992)〕は評判がよい。

“遺伝子でわかる脳と神経”は、バイオサイエンスシリーズで一番優れている本であると思う。読者に遺伝子に興味をもたせるように工夫しており、説明もわかりやすい。例えば、筋ジストロフィーという病気が19世紀半ばに発見されてから、1987年にその遺伝子が発見されるまでの経緯が興味深く書かれている。また、社会問題になりつつある老人のボケの原因であるアルツハイマー病の原因遺伝子の解明の努力や、治療法の模索について記述されている。遺伝子の異常による病気や、遺伝子治療については“ヒトの分子生物学”に記述されているが、最新の包括的な解説については“遺伝子診断入門”〔野島博 著：羊土社(1992)〕の第4章に記述がある。遺伝子異常による糖尿病や高血圧症の解析などが述べられている。また、最近、NIH（米国立衛生研究所）により行われたADA欠損症（免疫不全症の一種）の遺伝子治療についての記事は“進歩遺伝子治療”〔D. エリクソン：日経バイオサイエンス 1992.9 pp27-29〕に記述がある。この記事は“日本のヒトゲノム解析計画”という特集の一部である（ヒトゲノムとは人間の遺伝子という意味である）。その他の記事も有用であるので目を通されることをお勧めする。

5 遺伝子情報処理の楽しみ方

さて、ここまで辿り着いた人は遺伝子情報処理というゲームを観客として楽しむことができるし、また、プレイヤーとして参加することもできるであろう。では、どのようなゲームが行われているのであろうか。それを知るために一番いい文献は“第2回公開ワークショップ ヒトゲノム計画と情報処理技術”〔文部省科学研究費重点領域研究「ゲノム解析に伴う大量知識情報処理の研究」(1991)〕である。この論文集は京都大学化学研究所の金久研究室に連絡すれば手に入る（なお、この会議は1992.12にも開催される）。情報系の人が入手し易い文献としては“情報処理学会情報学基礎研究会－ゲノム特集－92-FI-27 (1992)”がある。

これらの文献を読むと、情報系出身のプレイヤーが、情報処理の研究をしていた時に獲得したアイテムを用いて遺伝子情報処理と格闘している姿を見ることができる。アイテムは、Genetic Algorithmであったり、Hidden Markov Modelであったり、オブジェクト指向データベースであったりする。我々の持つアイテムは、知識処理とか、並列推論マシンとか、Simulated Annealingなどである。時々、アイテムを用いて遺伝子情報処理の研究を行う代わりに、アイテムを振り回すことに熱中している人も見られるが、生物系の研究者は新たなアイテムを紹介してくれたということで、実用的な研究でなくても大目に見てくれることが多い。

遺伝子情報処理のゲームで大切なことは、楽しみながら研究するということである。情報系の研究者は、初めは遺伝子解析に役立つなどと構えずに、遺伝子情報処理というゲームをいかに楽しむかに専念した方がいいかもしれない。楽しんだ結果の研究成果が今すぐに活用できなくても気にすることはない。それは、10年後には活用できるかも知れないし、生物学者が思いもつかない研究なのかもしれない。

この意味では、情報系から遺伝子情報処理の研究を始めることはメリットになる。生物系の方で計算機を用いて研究をしている人は生物の知識を得た後に計算機の知識を得るわけである。これと反対に情報系から遺伝子情報処理を始める人は、コンピュータの知識をキャッシュメモリーに持ち、生物の知識を外部記憶に持つ。このメモリー構成を持つことにより、生物学の常識に捕われることなく、画期的な発見をすることができるかもしれない。

さて、研究を始めて少したてば、生物学的に役にたち、しかも自分がある程度興味をもてる研究が多分見つかるであろう。もしかしたら、その研究は自分のアイテムを使えない研究かもしれないが、そのころは、遺伝子解析に愛着が生まれており、遺伝子解析に貢献することが喜びになっているであろう。私自身も、遺伝子情報処理を並列推論マシンの応用研究として始めたわけであるが、研究を進めるうちに生命科学に興味を持ち始め、生命科学としても何らかの成果をあげたいと思うようになった。また、ヒューマンゲノムプロジェクトで同定されることになる人間の遺伝子を解析することにより、科学的な発見をする情報系の方が登場するかもしれないと思う。

私は、この記事を読まれた方が、遺伝子情報処理というゲームに観客、できればプレイヤーとして参加してくれることを強く願う。生物系の研究者は、情報系の研究者が、新しいアイテムを披露してくれるのをワクワクして待っているのだから。