

6. 遺伝子間相互作用の検出法

6.1 はじめに

近年のゲノムサイエンスの目覚ましい発展に伴い、染色体上に存在するマイクロサテライトやSNPなどの遺伝子多型の情報を、データベースから取り出して利用することが可能となり、それらを用いた [連鎖解析](#) や関連解析などの遺伝統計学的アプローチを通じて、様々な疾患、特に単一遺伝性疾患に関与する原因遺伝子の同定が急速に進みつつある。特に単一遺伝病の遺伝子同定は手法がほぼ確立しており、一定以上の数の検体さえ収集できればほぼ可能である。一方、生活習慣病などのcommon disease（ありふれた病気）の発症リスクには、複数の遺伝子のほか、その名が示す通り、生活習慣や外的環境などの非遺伝性因子も深く関与しており、それらが相互作用を及ぼすことによって、非常に複雑なネットワークが形成されていると考えられる。多因子疾患の全容の解明には、この相互作用の理解が不可欠であることは言うまでもないが、その複雑さは、かつて糖尿病について [Neel \(1962\)](#) が用いた、「遺伝学者の悪夢」という言葉に象徴される通りであり、研究の進展を妨げている最大の要因であると言える。とは言え、研究者達の不断の努力により、新たに生物情報学のノウハウを取り入れるなどして開発された手法や、それらを実行するソフトウェアが数多く報告されてきており、この問題を取り巻く状況は、緩やかながらも着実に変わりつつあるように思われる。

ここでは、多因子疾患の発症リスクに関与する相互作用、特に遺伝子間相互作用の解析手法を紹介するとともに、今後の課題や、「悪夢」を良い夢に変えるための取り組みについて述べる。