

医学細胞生物学・人類遺伝学

Human Genetics

1 単位 (必修) 3 年 (後期)

片桐 豊雅・教授/疾患ゲノム研究センター, 親泊 政一・教授/疾患ゲノム研究センター, 小迫 英尊・准教授/疾患酵素学研究センター

坂井 隆志・准教授/疾患酵素学研究センター, 真板 宣夫・准教授/疾患酵素学研究センター, 高橋 永一・非常勤講師/医科学教育部, 谷上 信・非常勤講師/医科学教育部

【授業目的】 1. 医科学における遺伝学及び細胞生物学の基本的概念を習得する。 2. 遺伝子発現調節機構がどのように個体発生や疾患に関与するかを解説する。 3. 細胞内シグナル伝達ネットワークにおける蛋白質の翻訳後修飾(リン酸化・ユビキチン化・SUMO化など)の役割について解説する。 4. 静的なゲノム一次配列情報を基にどのような動的な蛋白質や機能的 RNA(小分子 RNA やノンコーディング RNA など)の多様性が生み出されるかを解説する。 5. 疾患感受性や薬剤感受性などのヒトゲノムの多様性から個別化医療についても解説する。

【授業概要】 1953年にワトソン・クリックにより DNA の二重らせん構造が解明され, そのわずか 50 年後の 2003 年, ヒトゲノム全塩基配列が決定された。その結果, ヒトの蛋白質をコードする遺伝子の数は従来の予測を大きく下回り 22000-23000 個程度であり, 線虫(約 19000 個), ショウジョウバエ(約 20000 個)と比較してもほとんど変わらないことがわかった。これは, 遺伝子以外のゲノム領域が重要な役割を有することを意味するものである。近年, ヒトゲノムの大部分が転写されていることがわかり, その 98%以上がノンコーディング RNA という蛋白質へ翻訳されずに機能する RNA であることが発見され, これまでの「DNA→RNA→蛋白質」という古典的なセントラルドグマでは説明のつかない複雑な分子機構が存在することもわかってきている。また, 蛋白質の翻訳後修飾の変化が, 細胞内シグナル伝達および細胞機能制御に極めて重要であることも明らかとなっている。さらに, 塩基配列決定に関するテクノロジーの発展により, 膨大なヒトゲノムの多様性のデータベース化が進み, 遺伝学的多様性が疾患の罹患性や治療効果にどのように影響しているかも明らかになり, 個別化医療が着目されてきている。このように, ヒトゲノム情報科学は将来の生命科学の基盤となり, 細胞生物学や情報科学などの周辺科学や産業などの社会へ大きく影響するものである。

【授業形式】 講義

【授業方法】 講義, スライド

【授業場所】 月曜 2 時限 第 3 講義室

【授業テーマ】 [授業テーマ]

【キーワード】 [キーワード]

【先行科目】 [先行科目]

【関連科目】 [関連科目]

【履修上の注意】 試験は学生便覧の歯学部規則を満たしている者に対して行う。

【到達目標】 [目標]

【授業計画】

大項目	内容	担当
1. 疾患の遺伝学	ヒトの遺伝性疾患(特に腫瘍の遺伝学)	片桐
2. "	分子病理学(遺伝子的変化と臨床表現型の関連)	"
3. "	分子レベルからみるがん診断研究	"
4. 医学細胞生物学 1	タンパク質のリン酸化を介した細胞内での情報伝達機構	小迫
5. 医学細胞生物学 2	肝がん発症の分子機構(主に NF- κ B 経路を中心として)	坂井
6. 医学細胞生物学 3	ユビキチン及び SUMO によるタンパク質の翻訳後修飾	真板
7. 遺伝子発現	転写調節	親泊
8. "	転写後調節	"
9. "	翻訳後修飾	"
10. 細胞遺伝学	遺伝的多様性と染色体 I	高橋
11. 細胞遺伝学	遺伝的多様性と染色体 II	"
12. ゲノム解析学	ゲノム解析学の基礎	谷上
13. "	ヒトのゲノム解析(先天性疾患の解析)	"
14. "	モデル動物のゲノム解析(QTL 解析)	"
15. "	ゲノム薬理学, 遺伝病の治療	"

【成績評価】 毎回レポートにより判定, 100 点満点で 60 点以上を合格とする。出席率が 2/3 以上を満たさない者は原則としてレポート提出を認めない。

【再試験】 行う。

【教科書】

- ◇ Genes Benjamin Lewin Oxford University Press
- ◇ Developmental Biology Scott F.Gilbert Sinauer
- ◇ Molecular Cell Biology Lodish et al. Scientific American BookS
- ◇ Molecular Biology of the Cell Alberts et al Garland
- ◇ Genetics in Medicine Robert L Nussbaum et al. Thompsons and Thompsons
- ◇ (それぞれ日本語訳もでています。図書館にもあります。)
- ◇ ヒトの分子遺伝学第 3 版 メディカルサイエンスインターナショナル

【参考書】 [参考資料]

【授業コンテンツ】 <http://cms.db.tokushima-u.ac.jp/cgi-bin/toURL?EID=217261>

【連絡先】

⇒ 片桐 (tkatagi@genome.tokushima-u.ac.jp) **MAIL**

⇒ 親泊 (4 階 408 室, 088-633-9450, oyadomar@genome.tokushima-u.ac.jp)
MAIL

⇒ 高橋 .

⇒ 谷上 .

⇒ 小迫 (088-633-9414, kosako@ier.tokushima-u.ac.jp) **MAIL**

【備考】 日程等の詳細については別途通知する.

Human Genetics

1 unit (compulsory) 3rd-year(2nd semester)

Toyomasa Katagiri · PROFESSOR / INSTITUTE FOR GENOME RESEARCH, Seiichi Oyadomari · PROFESSOR / INSTITUTE FOR GENOME RESEARCH, Hidetaka Kosako · ASSOCIATE PROFESSOR / INSTITUTE FOR ENZYME RESEARCH

Takashi Sakai · ASSOCIATE PROFESSOR / INSTITUTE FOR ENZYME RESEARCH, Nobuo Maita · ASSOCIATE PROFESSOR / INSTITUTE FOR ENZYME RESEARCH, Eiichi Takahashi · PART-TIME LECTURER / GRADUATE SCHOOL OF MEDICAL SCIENCES

Akira Tanigami · PART-TIME LECTURER / GRADUATE SCHOOL OF MEDICAL SCIENCES

Target) 1. 医科学における遺伝学及び細胞生物学の基本的概念を習得する。 2. 遺伝子発現調節機構がどのように個体発生や疾患に関与するかを解説する。 3. 細胞内シグナル伝達ネットワークにおける蛋白質の翻訳後修飾 (リン酸化・ユビキチン化・SUMO化など)の役割について解説する。 4. 静的なゲノム一次配列情報を基にどのような動的な蛋白質や機能的 RNA(小分子 RNA やノンコーディング RNA など)の多様性が生み出されるかを解説する。 5. 疾患感受性や薬剤感受性などのヒトゲノムの多様性から個別化医療についても解説する。

Outline) 1953年にワトソン・クリックにより DNA の二重らせん構造が解明され、そのわずか 50 年後の 2003 年、ヒトゲノム全塩基配列が決定された。その結果、ヒトの蛋白質をコードする遺伝子の数は従来の予測を大きく下回り 22000-23000 個程度であり、線虫(約 19000 個)、ショウジョウバエ(約 20000 個)と比較してもほとんど変わらないことがわかった。これは、遺伝子以外のゲノム領域が重要な役割を有することを意味するものである。近年、ヒトゲノムの大部分が転写されていることがわかり、その 98%以上がノンコーディング RNA という蛋白質へ翻訳されずに機能する RNA であることが発見され、これまでの「DNA→RNA→蛋白質」という古典的なセントラルドグマでは説明のつかない複雑な分子機構が存在することもわかってきている。また、蛋白質の翻訳後修飾の変化が、細胞内シグナル伝達および細胞機能制御に極めて重要であることも明らかとなっている。さらに、塩基配列決定に関するテクノロジーの発展により、膨大なヒトゲノムの多様性のデータベースが進み、遺伝学的多様性が疾患の罹患性や治療効果にどのように影響しているかも明らかになり、個別化医療が着目されてきている。このように、ヒトゲノム情報科学は将来の生命科学の基盤となり、細胞生物学や情報科学などの周辺科学や産業などの社会へ大きく影響するものである。

Style) Lecture

Manner) 講義, スライド

Location) 月曜 2 時限 第 3 講義室

Theme) [授業テーマ]

Keyword) [キーワード]

Fundamental Lecture) [先行科目]

Relational Lecture) [関連科目]

Notice) 試験は学生便覧の歯学部規則を満たしている者に対して行う。

Goal) [目標]

Schedule)

大項目	内容	担当
1. 疾患の遺伝学	ヒトの遺伝性疾患 (特に腫瘍の遺伝学)	片桐
2. "	分子病理学 (遺伝子的変化と臨床表現型の関連)	"
3. "	分子レベルからみるがん診断研究	"
4. 医学細胞生物学 1	タンパク質のリン酸化を介した細胞内での情報伝達機構	小迫
5. 医学細胞生物学 2	肝がん発症の分子機構 (主に NF-kB 経路を中心として)	坂井
6. 医学細胞生物学 3	ユビキチン及び SUMO によるタンパク質の翻訳後修飾	真板
7. 遺伝子発現	転写調節	親泊
8. "	転写後調節	"
9. "	翻訳後修飾	"
10. 細胞遺伝学	遺伝的多様性と染色体 I	高橋
11. 細胞遺伝学	遺伝的多様性と染色体 II	"
12. ゲノム解析学	ゲノム解析学の基礎	谷上
13. "	ヒトのゲノム解析 (先天性疾患の解析)	"
14. "	モデル動物のゲノム解析 (QTL 解析)	"
15. "	ゲノム薬理学, 遺伝病の治療	"

Evaluation Criteria) 毎回レポートにより判定, 100 点満点で 60 点以上を合格とする。出席率が 2/3 以上を満たさない者は原則としてレポート提出を認めない。

Re-evaluation) 行う。

Textbook)

- ◇ Genes Benjamin Lewin Oxford University Press
- ◇ Developmental Biology Scott F.Gilbert Sinauer
- ◇ Molecular Cell Biology Lodish et al. Scientific American Books
- ◇ Molecular Biology of the Cell Alberts et al Garland
- ◇ Genetics in Medicine Robert L Nussbaum et al. Thompsons and Thompsons
- ◇ (
- ◇ ヒトの分子遺伝学第3版 メディカルサイエンスインターナショナル

Reference > [参考資料]

Contents > <http://cms.db.tokushima-u.ac.jp/cgi-bin/toURL?EID=217261>

Contact >

- ⇒ Katagiri (tkatagi@genome.tokushima-u.ac.jp) [MAIL](mailto:tkatagi@genome.tokushima-u.ac.jp)
- ⇒ Oyadomari (408, +81-88-633-9450, oyadomar@genome.tokushima-u.ac.jp) [MAIL](mailto:oyadomar@genome.tokushima-u.ac.jp)
- ⇒ Takahashi .
- ⇒ Tanigami .
- ⇒ Kosako (+81-88-633-9414, kosako@ier.tokushima-u.ac.jp) [MAIL](mailto:kosako@ier.tokushima-u.ac.jp)

Note > 日程等の詳細については別途通知する。