

執筆時点は 2000 年です。

## ポストゲノムシーケンスと漢方医療

水上 元

ヒト第 22 染色体長腕部に続いて、本年 5 月に第 21 染色体長腕部の 99.7%をカバーする 3,360 万塩基の配列が公表された。6 月にはヒトの全ゲノムを構成する約 30 億塩基についてその概要が完成したことが発表され、1991年にスタートしたヒトゲノム計画は2003年までにはすべて終了する見通しとなった。植物ではシロイヌナズナの全ゲノム、約 1 億塩基の配列がこの年末までに解読される予定であり、2005年には7種の真核生物を含む21種の生物の完全なゲノム配列をわれわれは入手しているであろう。分子生物学の次の課題は、ゲノムに塩基配列として刷り込まれた情報と細胞の機能や個体の行動とをつなぐことである。遺伝情報と機能発現の間に介在する mRNA やタンパク質を網羅的に取り出して特定しようとする研究がトランスクリプトームやプロテオームといった言葉とともに拡大しつつある。

10 年を越えるヒトゲノム計画が生み出した最大の成果は、遺伝子の内外を問わず約 1,000 塩基について 1 個存在しているという個人間での塩基配列の違い、すなわち 1 塩基多型 (SNP= single nucleotide polymorphism) の発見であろう。個人間に存在するこの SNPs が、特定の疾患へのなりやすさ(なりにくさ)、薬剤に対する応答性や副作用発現の違いなどの「個人差」を想定していると考えられ、SNPs を解析することによって、個々人について疾患の発症リスクを評価したり予後を予測する、あるいは個別に最適化された薬剤選択と投与設計を行う、などを内容とするオーダーメイドの医療が可能になるものと期待されている。

患者個人に最適化した薬剤選択と投与設計をオーダーメイド医療の主たる内容であるとするならば、漢方医療こそオーダーメイド医療の本家本元である。患者の体質と病徴を「気血水」の理論に基づいて総合的に判断することにより「証」を、すなわち薬方を決定する漢方医学は、本来「個の医学」そのものである。しかしながら、現実の漢方医療の実態はどうだろうか。漢方の優れた師について古典を読み、漢方診断に同席して修業を積む、そのような徒弟制度を再構築することはもはや不可能である。江戸時代以前には漢方医学は少数の優れた医師に手を尽くしてもらったことのできた特権階級の専有物であった。今日の医学をそのような姿にもどすことも許されないであろう。西洋医学が SNPs というゲノム情報を介して「平均値の医学」から「個の医学」へと変革を試みているのと同様に、漢方医学は SNPs による「証」の客観化を通じて「スタンダードの医学」という要素を取り込むことができるのではないだろうか。

費用対効果が疑問視され、枚挙の科学だと悪口がささやかれたヒトゲノムプロジェクトは基礎研究そのものではあるが、SNPs の発見によって「個の医療」という優れて実践的な

課題と結びつこうとしている。ゲノム医学と漢方医学という、地平線の西と東の端から出発した二つの医学が、ゲノム情報を介して患者本位の医療という点で出会うことが 21 世紀の初頭には実現するかも知れない。四半世紀ほど前に新薬学集団を中心にたたかわされた現実的課題と基礎的研究についての熱い議論を思いだしながら、そんな期待をいただいている。

(名古屋市立大学薬学部)

この論考は、「新しい薬学をめざして」29 巻 1 号 (2000.8.25) に掲載されました。