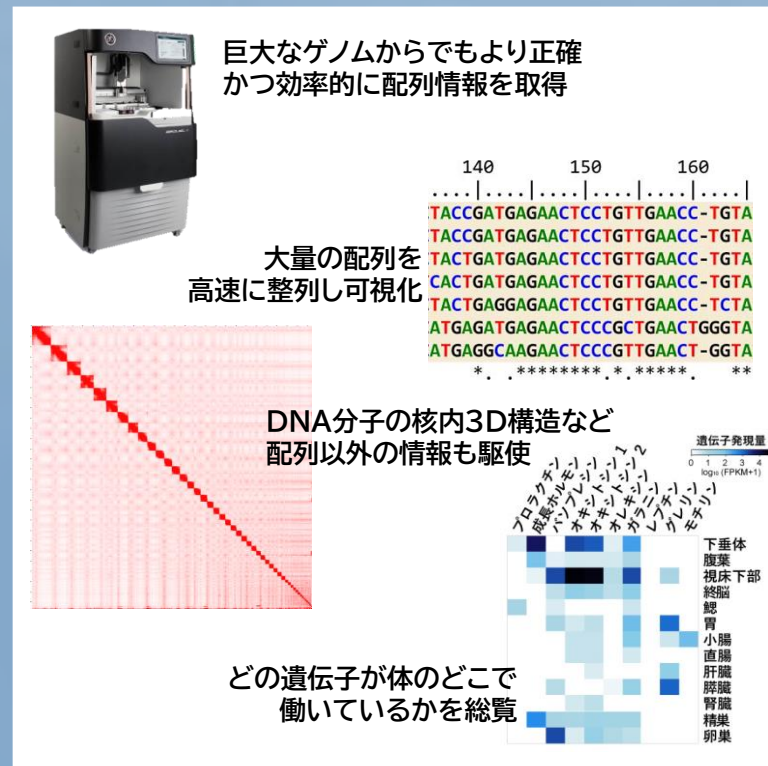
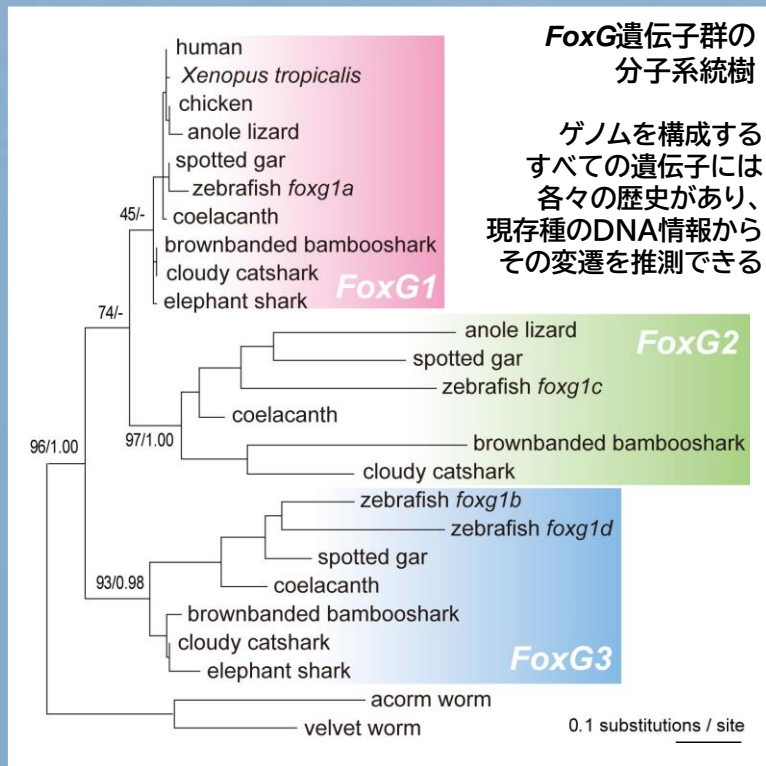


多様な動物種間の違いは進化の過程でどう生じたのか？

これを理解するため、違いの原因となるゲノムDNA配列の変化を見つけ出す



実験動物ではない生物で分子研究を実施するための基盤づくり

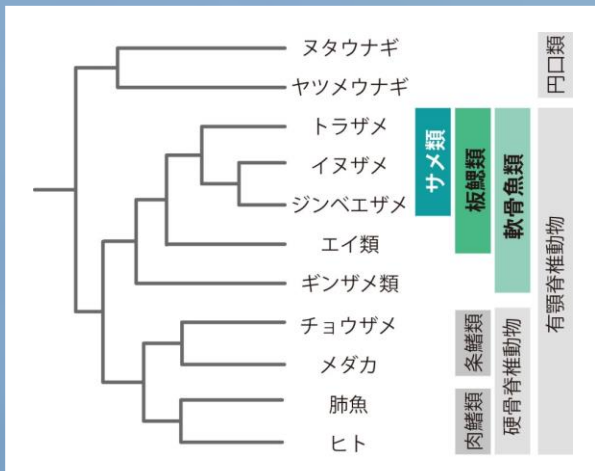
ゲノムDNAを読み取り過去にいつ何が起きたのかを解釈

ゲノム全体を調べるための情報解析手法の高度化

分子進化学・ゲノム情報学・発生生物学などの知見を統合

# 軟骨魚類(サメやエイ)のゲノム進化

同じ「サカナ」とはいえ、  
多くの食用魚が含まれる硬骨魚類(条鰭類)  
とは別の進化をたどってきた



進化上重要な位置を占める  
サメを調べずに脊椎動物は語れない

サメ・エイの卵を  
見たことはありますか？



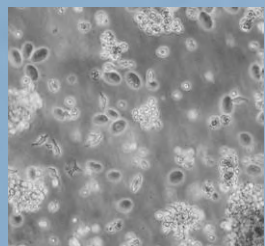
ちなみに、最大の魚類ジンベエザメは胎生  
(卵ではなく赤ちゃんを産む)です

海の中の「スローライフ」を支える分子メカニズムを解析中

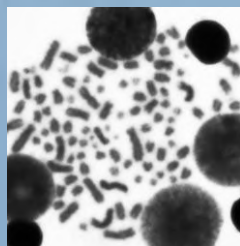
## 哺乳類との意外な共通点

光受容タンパク質オプシンの種類が乏しい  
一部は体サイズが巨大化し、長寿命に  
ゲノムサイズが大きい  
一部は胎生で、卵黄以外の栄養供給も

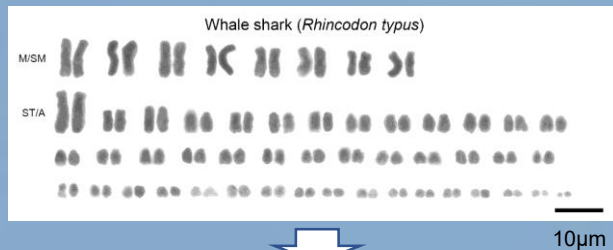
培養したジンベエザメ  
のリンパ球



培養細胞に由来する  
染色体標本



ジンベエザメの染色体数(2n=102)を初めて報告



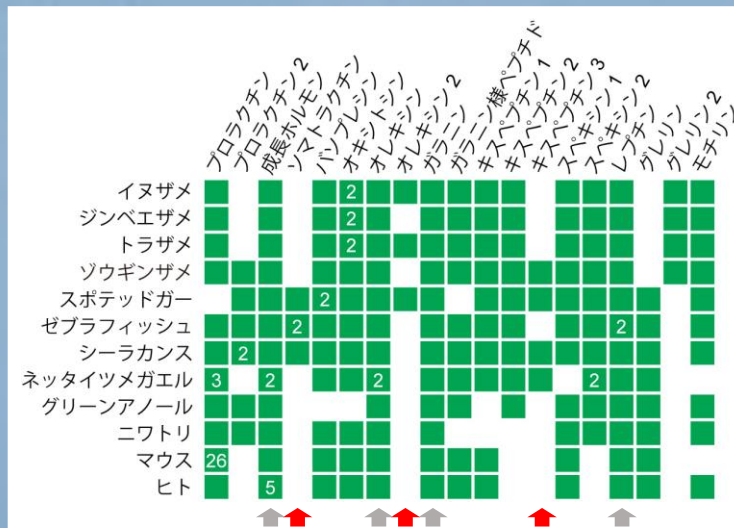
これら102本のDNA配列と対応付け、種間で比較

ゲノム配列の比較から分かってきたこと

ゲノムの肥大化は、反復配列の増加による  
ジンベエザメとヒトのゲノムサイズは同程度  
サメ類ではDNA配列が変化する速度が低下

# ゲノム中に残る「必須」ではない遺伝子

進化の過程では、新規形質に寄与する遺伝子の「獲得」に加えて  
遺伝子の「欠失」も断続的に起きてきた

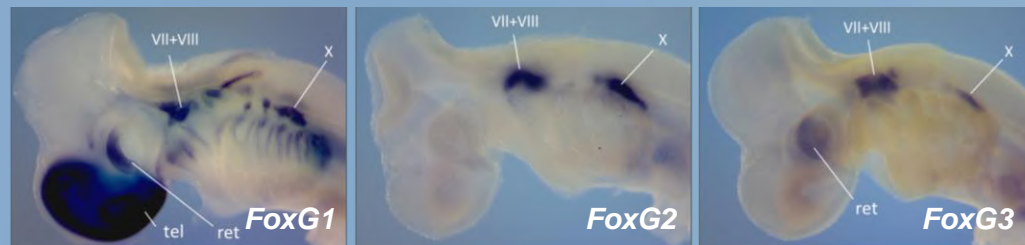


「必須」な遺伝子(◻)  
→機能は種間で類似

消えやすい遺伝子(◻)  
→機能に傾向は？

遺伝子は「付け加え」だけで多様化したのではない

「消えやすい遺伝子」を残している  
サメ(トラザメ)の胚でそれらが働く場所を調べ、機能を推測



「消えやすい遺伝子」(FoxG2など)は機能活性部位が狭く、ゲノム内で偏在

大学院生をはじめとする研究メンバーを募集中

Twitter: @KurakuLabMSM