



Evolutionary Genetics Laboratory

国立遺伝学研究所 ゲノム・進化研究系 進化遺伝研究室

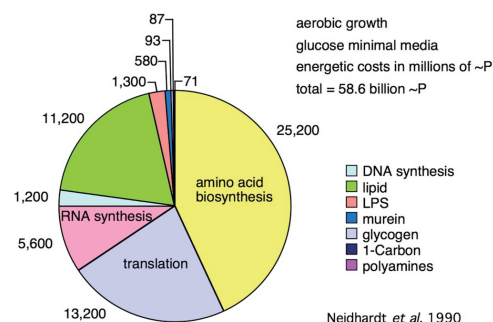
ゲノムレベルでの進化メカニズムを解明する

生物のゲノム中には、過去から現在にかけて大量の突然変異が蓄積されています。私たちの研究は、これらの突然変異がどのように進化してきたのかを明らかにすることで、様々な生物におけるゲノムレベルでの進化のメカニズムを解明することを目的としています。集団遺伝学の理論から発想を得て、主にコンピューターを用いた解析からこの問題に取り組んでいます。下に、私たちが行ってきた研究の例を紹介しています。

タンパク質合成の経済学とゲノム進化

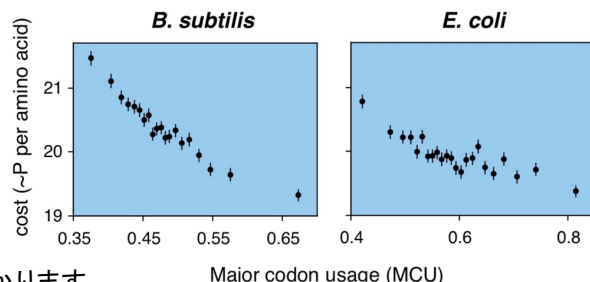
生物の体の中で様々な働きをするタンパク質は、我々が生きていく上で欠かせないものです。タンパク質は細胞の中で合成されていますが、それには当然エネルギー(コスト)がかかります。

右の図は大腸菌細胞内の化合物の生合成にかかるコストを示しています。環境によって値は多少変わりますが、この図では成長に必要なエネルギーの約3/4がタンパク質合成に使われ、そのうちの約半分をアミノ酸合成が占めています。



つまりアミノ酸合成はコストが高いプロセスであり、そのコストを減らすことができれば、生物にとって有利に働くと考えられます。

私たちは大腸菌と枯草菌のゲノムを解析し、発現量の高い遺伝子ほどコストが低いアミノ酸を使うように進化してきた可能性を示しました(右図)。



アミノ酸1つ1つの間の合成コストの差は微々たるものでも、その積み重ねがゲノムレベルの進化に影響を与えていることがよく分かります。

→ 遺伝子の発現量と強い正の相関があります

祖先ゲノム配列の推定法の開発

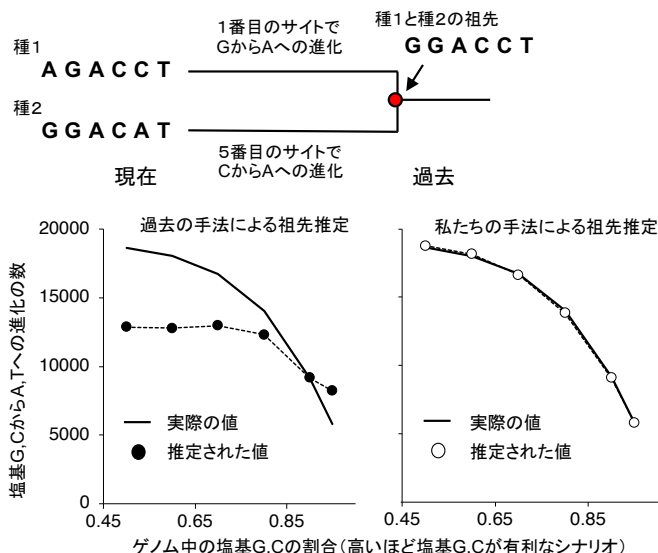
過去から現在にかけてどのような突然変異が生物のゲノム中に進化してきたのかを明らかにするには、祖先が持っていたゲノム配列を知る必要があります。

私たちは現在の生物が持つゲノム配列の情報を元に、理論的・統計的にそれらの祖先のゲノム配列を推定する祖先推定の手法をこれまでに複数開発してきました。

右の図は、コンピューターシミュレーションを用いて我々が開発した手法によって推定された祖先ゲノム配列の再現性を評価した研究の結果を示しています。

シミュレーション中に実際に起こった進化と、シミュレーションの結果得られたゲノム配列とそこから推定した祖先とを比較した結果推定された進化を比較した結果、私たちの手法が非常に高い正確性を持って祖先ゲノム配列を推定できていることが示されました。

私たちは現在、開発された祖先推定の手法を用いて主にショウジョウバエのゲノムデータ解析研究を行なっています。



研究室メンバー

明石 裕 (教授)
太田 朋子 (名誉教授)
松本 知高 (助教)
山下 永香 (学生・D4)
Hassan Daanaa (学生・D2)
望月 浩子 (技術補佐員)

研究室ホームページ

<http://www.evogennig.org>

