



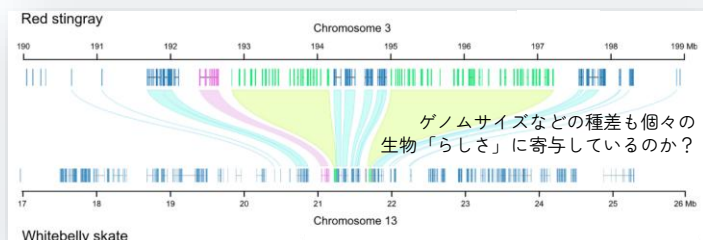
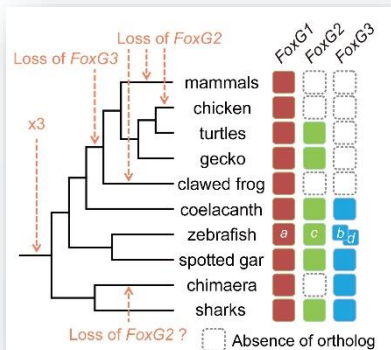
生物多様性を導いた動物進化の分子基盤に迫る

研究室をひとことで 分子進化学、ゲノム情報学、そして動物学が重なる領域を舞台として、分子レベルで生命の進化に迫ります。モデル生物・非モデル生物の境界や、実験室・フィールド・インシリコ解析の境界を乗り越えた独自の研究スタイルの実践を目指しています。2026年9月現在のメンバー構成は、助教1名、特任助教1名、研究員4名、大学院生（指導委託）1名、技術補佐員3名となっています。

研究内容 私たちの目に見える動物の形やくらし方を決めているのは基本的にはゲノムに含まれるDNA配列の情報です。近年、ヒトや実験動物に限らない多様な生物のゲノムDNAの情報が読み取られるようになりましたが、ゲノム情報が明らかになっても、その生物「らしさ」を理解できたとはいえません。遺伝子やその発現産物の間の作用や、遺伝子以外のゲノム構成因子についての理解が欠けているためです。本研究室では、胚発生などにおけるゲノム情報発現のしくみに基づいてゲノム進化のメカニズムを解き明かし、複雑な生命の成り立ちを分子レベルで理解することを目指しています。おもに脊椎動物に注目し、実験動物に限らない多様な生物を視野に入れた分子系統学的手法に加えて、ゲノムワイドな分子情報プロファイリングを多用しています。

遺伝子群ごとの分子進化学的パターンを精査し、種差のゲノムワイドな比較へ

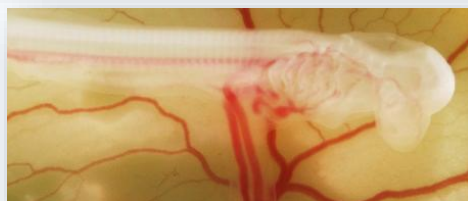
キャリアを確かにする技能と経験を ゲノム情報学的解析のスキルと生物多様性リテラシーを身に付けた、情報化する社会で広く活躍できる人材を育成します。技術と向き合い最大限に生かすノウハウと、多様な生物のDNA情報を比較し解析するための分子進化学のエッセンスが、次代の生命科学研究者へ伝わり、それらが様々な分野で活用されることを願っています。



これまでの主な成果

- 軟骨魚類で初めて性染色体のDNA配列を同定し、サメ・エイ類の性決定のメカニズムに迫る解析を実施
Yamaguchi et al., Genome Res, 2023; Niwa et al., PNAS, 2025
- ゲノム内の構造の偏りを分子進化学的に解析し「ゲノムの場の不均一性」仮説を提唱
Hara & Kuraku, eLife 2023; Hara & Kuraku, Trends Genet, 2025
- ジンベエザメだけに起きた視覚の進化を報告
Yamaguchi et al., PNAS, 2023
- 胎生サメ類の卵黄タンパク質ビテロジェニンの起源を解析
Ohishi et al., Genome Biol Evol, 2023
- サメにおける初の包括的ゲノム解析による分子進化学的特徴の究明
Hara, et al., Nature Ecology & Evolution 2018
- ヒトに至る進化の過程で二次的に失われた遺伝子を多数発見
Feiner, et al., Genome Biol Evol. 2014; Hara, et al., BMC Biol 2018, etc.
- 「生きた化石」シーラカンス等の国際ゲノムコンソーシアムに参加
Amemiya, et al., Nature 2013; Smith, Kuraku, et al. Nat Genet 2013

サメを飼育し、その胚を継続的に実験に利用



ジンベエザメなど生態上の謎を秘めた生物のゲノム解析も進行中



教授 工楽 樹洋 Shigehiro Kuraku (Email: skuraku@nig.ac.jp)

1976年奈良市生まれ。2005年京都大学にて博士号（理学）取得ののち、理研にて研究員。2007年よりドイツ南部のコンスタンツ大学にて教員。2012年より理化学研究所ユニットリーダー（2019年より同チームリーダー）として独自の研究を進めるとともにDNA解析基盤を指揮。2021年4月より現職。これまでに国内外の大学学部・大学院にて、専門科目の講義・実習に加え、研究キャリアのメンタリングや科学英語の講義などを担当。国内外の水族館と連携し海洋生物の遺伝子解析についての共同研究も進めている。