

「ゲノム重複に伴う遺伝子制御機構の進化」

荻野 肇 教授

広島大学

両生類研究センター

バイオリソース研究部門

(世話人: 登田 隆 特任教授
大学院先端物質科学研究科
分子生命機能科学専攻)

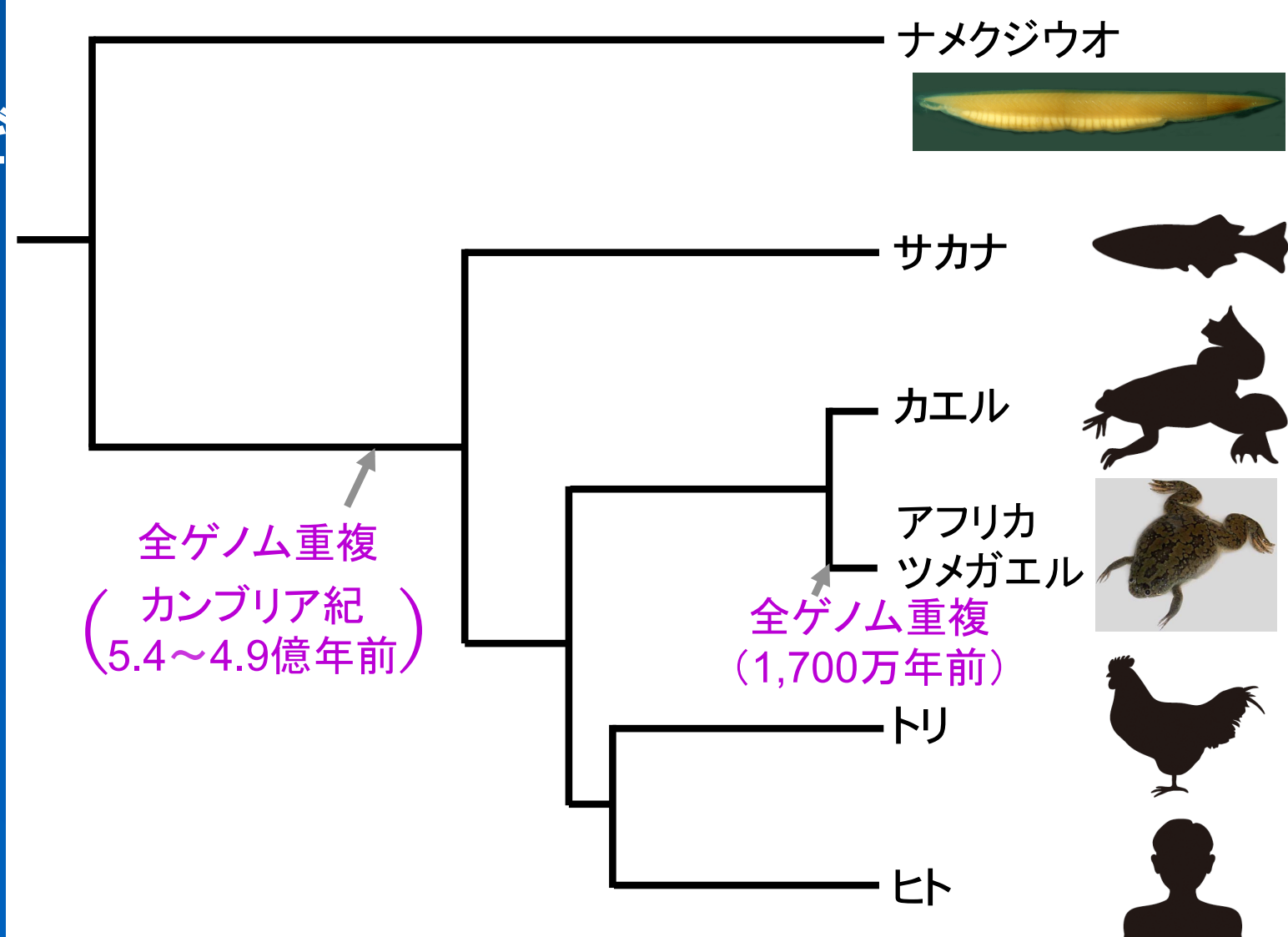
《概要》

生物の進化において、ゲノム重複が起きると多くの重複遺伝子ペアが生まれ、さらに重複遺伝子の中で発現パターンや機能が変わり、より複雑な遺伝子ネットワークが形成されると考えられている。我々はこの過程の解明に対して、比較ゲノム解析とツメガエルの高効率なトランスジェニック技術を組み合わせて実験的にアプローチしてきた。

まず約5億年前に脊椎動物の祖先種で起きたゲノム重複について調べる為、ゲノム重複以前の祖先種のモデルとしてナメクジウオに注目し、ナメクジウオの発生制御遺伝子とそれに相同な脊椎動物の重複遺伝子群との間で、シス調節配列の比較解析をおこなった。その結果、発現様式の大枠はゲノム重複以前に獲得されたエンハンサーによって確立されており、ゲノム重複後は、重複遺伝子ごとにそのエンハンサーの働きを部分的に抑制するサイレンサーを獲得することによって、重複遺伝子間に役割分担の生まれたことが明らかになった。

次に、重複遺伝子間の役割分担が十分に進んだ後でさらにゲノム重複が起きると、その新しく生まれた重複遺伝子ペアの運命がどうなるのかについて、1700万年前に再びゲノム重複を起こしたアフリカツメガエルを用いて解析した。その結果、そのような重複遺伝子ペアでは、片方のコピーのエンハンサーに変異が蓄積して発現量が低下すると、そのコード配列にも変異が蓄積し、もう片方のコピーのみが保存されることがわかった。

古いゲノム重複と新しいゲノム重複を比較して
遺伝子進化の全体像を捉える



※本セミナーは5研究科共同セミナーです

開催日時: 平成 29 年 1 1 月 2 日(木) 14:00-15:00

会場: 広島大学先端科学総合研究棟 3F 302S会議室

お問い合わせ先

登田 隆: E-mail takashi-toda@hiroshima-u.ac.jp TEL 082-424-7868