

第59回 生体制御学セミナー

次世代シーケンサーを用いた シーラカンスの全ゲノム解析

野口 英樹 先生

大学共同利用機関法人 情報・システム研究機構

国立遺伝学研究所 先端ゲノミクス推進センター

日時： 2015年 9月 2日(水) 15:00～16:00

場所： 理学部2号館9番教室

講演要旨

次世代シーケンサー(NGS)が登場して約10年が経過した。この間のNGSの進歩は目覚ましく、産出されるデータの質・量ともに大幅な向上を果たしたことで、現在ではさまざまなDNA/RNA配列解析においてNGSが広く利用されるようになっている。特に、一度に読み取れる配列(リード)の長さが数十塩基対から数百塩基対へと伸びたことで、全ゲノムシーケンシングのような従来はサンガー法でなければ難しかった解析にもNGSを用いることが一般的になってきている。ここでは、Illumina社のHiSeq2500を用いて我々が行った、シーラカンスの全ゲノムシーケンシングについて紹介する。

シーラカンスは深海に棲む硬骨魚類であるが、硬骨魚類の大部分を占める条鰭類(一般的な魚)とは異なり、肉鰭類という陸棲の四足動物により近い種として知られている。また、生きた化石としても知られており、3億年以上の長きにわたってほとんど姿を変えることなく現在に至っている。そのため、シーラカンスのゲノムを解読し他の脊椎動物ゲノムと比較することで、脊椎動物の陸上化に重要な役割を果たしたゲノム領域を調べた。その結果、シーラカンスでは進化速度が他の脊椎動物と比べて非常に遅くなっていることや、四肢形成に関わる遺伝子においてはその発現制御領域がシーラカンスにすでに存在しており陸上化の準備ができていたことなどが明らかになってきた。

問合せ先： 坂井 貴文(内線 4308)

坂田 一郎(内線 4983)