



広島大学



大学院統合生命科学研究科 第18回細胞生物学研究室セミナー

2022年9月8日(木) 16:30~17:30

理学部 E 棟 E209 号室

吉田 恒太 博士

Max Planck Institute for Biology Tübingen

線虫研究で「種の起源」のゲノム基盤に迫る

地球上には多種多様な生物種が存在するが、もとは一つの共通の祖先から派生したものである。生物多様性の根源的な理解には、一つの種が二つ以上の種にわかれる現象である「種分化」の原因を知ることは必須である。種分化では、集団間の生殖的な隔離が段階的に蓄積することで、異なった種が生じるが、一つの遺伝子が変わっただけではその段階的な隔離を説明することはできない。種分化の遺伝基盤を理解するためには、集団の間のようなゲノム全体の変化が種分化の基盤となったのか、を調べることが必要である。しかしながら実験的な制約や利用可能な系統の限界からそのような研究は容易ではない。

そこで私はプリスティオンクス (*Pristionchus*) 線虫に着眼した。これは実験動物として有名なシーエレガンス (*C. elegans*) と並んでよく研究される線虫で、その小ささと世代時間の短さから大規模な遺伝学的研究に最適であり、様々な遺伝的操作技術が開発されてきた。また、ゲノムも比較的小さく、ゲノム解析も容易である。プリスティオンクス線虫はその生態的特徴により野外採集が容易で、過去 10 年間に 50 種以上の新種が報告された。その中には、種分化の直後あるいは途上にある系統もみられている。

本セミナーでは、私が近年はじめたプリスティオンクス線虫を使った種分化研究について紹介する。プリスティオンクス線虫では大規模なゲノムのつなぎかえ(再編成)が急速におこっており、遺伝学的実験により、これが種分化を加速させたことが示された。このゲノムのつなぎかえは染色体の相同組み換えのパターンを変化させており、それが種分化の原因となる遺伝子の進化に作用したと考えられる。このようなプリスティオンクス線虫にみられる「種の起源」が、他の生物種にもあてはまるのかと一緒にディスカッションできれば、幸いである。

*本セミナーは統合生命科学研究科プログラム共同セミナーの対象です。

学部学生・大学院生・教員、参加自由です。

皆さまのご来場をお待ちしております。

連絡先：大学院統合生命科学研究科・生命医科学プログラム 細胞生物学研究室

奥村美紗子(内線：7633) okumuram@hiroshima-u.ac.jp