

プログラム共同セミナー

2026年7月16日（木）

16:30～18:00

理学部 E104

オープンデータから読み解く脊椎動物染色体 の祖先サブゲノム構造とゲノム環境

北里大学未来工学部 原 雄一郎 先生

脊椎動物のゲノムは、大型のマクロ染色体と微小なマイクロ染色体からなる構成を祖先的特徴としてもち、哺乳類や真骨魚類など一部の系統では、この構成が派生的に大きく変化してきたと考えられている。ニワトリをはじめとする近年のオミクス解析から、マクロ染色体とマイクロ染色体は、転写制御活性、DNA複製タイミング、核内空間配置などにおいて異なる性質をもつことが示されており、両者の区別は単なる染色体サイズの違いではなく、ゲノム動態を規定する高次の構造単位を反映している可能性がある。一方で、マクロ染色体とマイクロ染色体の分類は、伝統的に顕微鏡下での染色体サイズやゲノムアセンブリ上の塩基長に基づいてきた。そのため、ゲノムサイズや染色体数が大きく異なる生物種間では、両者を一義的に比較することが難しい。本研究では、染色体ごとのオリゴヌクレオチド組成に基づいて、脊椎動物のマクロ染色体とマイクロ染色体を系統横断的に分類する方法を開発し、多様な脊椎動物ゲノムに適用した。さらに、ゲノムアセンブリに用いられたシーケンスデータに基づいて染色体の核内空間配置を推定し、脊椎動物の染色体がサイズと強く連動した排他的な空間的配置をとることを見出した。これらの結果を脊椎動物の系統間で比較することにより、マクロ染色体とマイクロ染色体の違いは、脊椎動物の初期進化で起きた全ゲノム重複に由来する祖先のサブゲノム構造を反映していること、サブゲノムごとに形成された異なるゲノム環境が、特定の遺伝子群の保持や進化を許容してきたことが示唆された。加えて、これらの手法を性染色体のゲノム環境変化の解析へ応用できるかについて検討し、今後の展開として議論したい。

※本セミナーは、統合生命科学研究科セミナーとして、プログラム共同セミナーの対象です。

世話人：井川 武 基礎生物学/生命医科学プログラム（両生類研究センター）
内線4359, tigawa@hiroshima-u.ac.jp