

## D11 ゲノムはどのように解読し比較するか？



バイオインフォマティクスが  
切り拓く生命科学

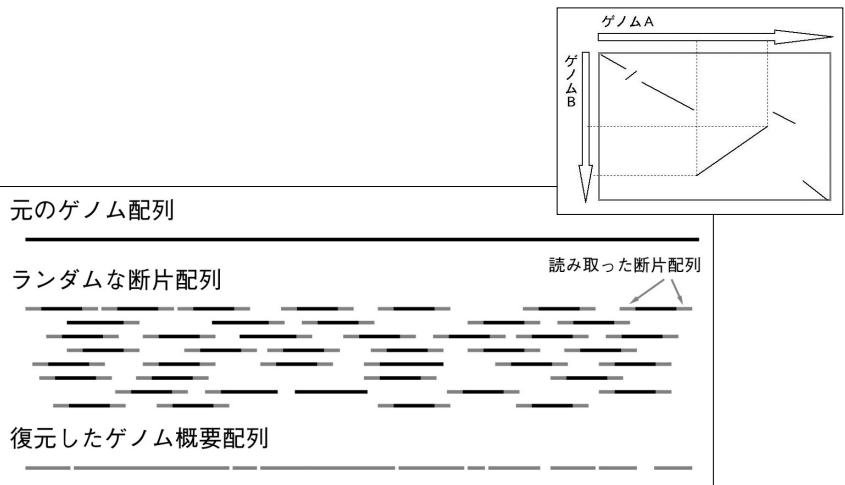
展示責任者 森下 真一

展示責任者所属 東京大学大学院新領域創成科学研究科

哺乳類のゲノムは約30億文字の情報があるんだけど、でも、ゲノムの読み取り機は一度にたった1000文字しか読み取れない。だとすると、ゲノム全体はどうしたら解読することができるのだろう。実はここでコンピューターが大活躍するんだ。ゲノム上のランダムな位置から読み取った1000文字ずつの配列をコンピューター処理でパズルのように繋げていく、まるでそれは数百万ピースのジグソーパズル。人間がやったらとてもとても終わらない。読み取ったゲノム配列を比べるのにもコンピューターが使われている。進化の過程でゲノム配列はどんどん変わっていくんだけど、いろんな生物のゲノム配列を比較すると、ゲノムがどういうふうに進化してきたか、その過程が見えるってわけ。重要

な遺伝子の配列はあまり変化してないかったりするし、見た目が全然違う生き物でもびっくりするぐらい配列が似ていることがあったりする。遺伝子の並び順も貴

重な手がかかりだ。数億文字とにらめっこはしたくないから、もちろんコンピューターで処理するんだけど、この処理の仕組みを分かりやすく紹介するよ。



## D12 メダカゲノムが語る脊椎動物の発生と進化



バイオインフォマティクスが  
切り拓く生命科学

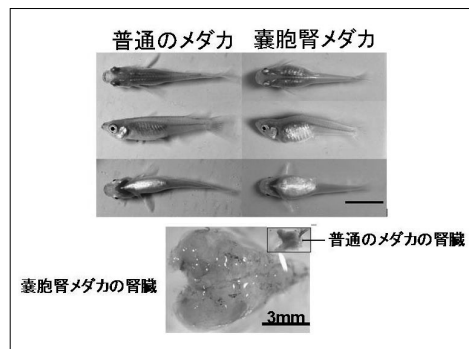
展示責任者 武田 洋幸 / 成瀬 清

展示責任者所属 東京大学大学院理学系研究科生物科学専攻

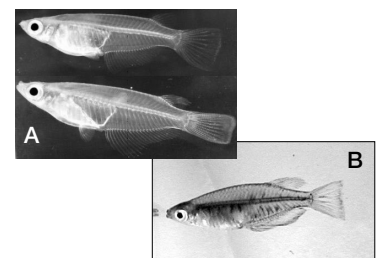
ニホンメダカを含むメダカ属は東南アジアを中心に南アジアから東アジアまで広く分布しています。日本のメダカはその中でも最も北に分布する種です。メダカは日本生まれのモデル動物として生物学の広汎な分野で用いられてきました。すでに、東京大学、国立遺伝学研究所、国立情報学研究所等の共同研究により、メダカゲノムの全貌が明らかにされました。メダカでは動物の発生やヒトの疾病に関連した重要な突然変異体が多数得られています。メダカゲノムの概要配列が明らかになることでこれら突然変異体を用いた研究が加速しています。一方、メダカ近縁種に目を向けますと、多様な環境に適応した「アジアのメダカ」という

姿が見えてきます。たとえばジャワメダカと言われる種はマングローブ林を住み処として海水に良く適応していますが、マルモラータスメダカは水深300mを越える淡水の断層湖のみに棲息しており、海水適応能力はほとんどあり

ません。性決定様式も種によって大きく異なるようです。メダカゲノムの情報をメダカ近縁種へと応用することで、環境適応や種分化(進化)を塩基配列レベルで解析できるようになると私たちは期待しています。



(図1) ヒトの疾患モデル 腎臓が肥大する遺伝性疾患(囊胞腎)を発症するメダカ突然変異体



(図2) (A) ジャワメダカ(海水に良く適応した海棲種) (B) マルモラータスメダカ(スラバシ島(インドネシア)の断層湖の棲息する淡水適応種)