

## コンピュータを使って、いきものの形からゲノムを読み解く



展示責任者

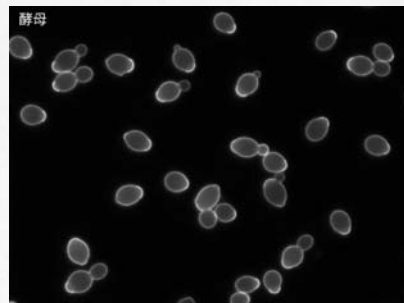
森下 真一

東京大学大学院  
新領域創成科学研究科

いきものの形って本当に色々だね。人間、犬、スズメ、カエル、トンボなどの動物。桜、タンポポ、コケなどの植物。目には見えない様々な微生物。ゲノムはいきものの設計図なんだから、こんな色々な形を決めているのも、それぞれのいきもののゲノムなんだろうね。

だけど、人間だけを見ても、結構色々あるよね。顔はみんな違う、背の高い人低い人、太っている人痩せている人。もちろん、食事や生活習慣の影響はあるだろうけど、基本はゲノムが決めているんだろうね。じゃあ、逆にいきものの形を調べれば、ゲノムについてわかる事もありそうよね。

そこで、森下研究室では、酵母という微生物とハエの翅の形をコンピュータを使って調べて、その形の情報からゲノムをもっとよく理解するという研究をしているんだ。ゲノムをもっとよく理解するとは、まだわかっていない遺伝子の働きを推定すること。今日は、コンピュータでいきものの形を調べる方法と、形の情報から遺伝子の働きを推定する方法の両方を紹介するよ。



## カイコのゲノムと変異体から昆虫の不思議を解き明かす



展示責任者

嶋田 透

東京大学大学院  
農学生命科学研究科

伴野 豊

九州大学大学院農学研究院  
遺伝子資源開発センター

昆虫の種の数は100万を超えると推定され、現在、地球上でもっとも繁栄している生物群であると言えます。地球上のあらゆる環境に適応するために、昆虫は発育や休眠・食性・行動・外部形態などの特性を多様化させてきました。

私たちの研究グループはカイコを材料として、これらの昆虫の「不思議」を解き明かそうとしています。人間によって高度に家畜化されているという点、古くから研究材料として用いられ多数の突然変異系統が保存されているという点から、カイコは非常に有用な研究材料であると言えます。例えば、カイコをその野生種であるクワコと比較することで、カイコの家畜化の歴史を紐解くことができます。また、カイコの豊富な遺伝資源を利用することで、斑紋・食性・休眠・発育・形態といった、昆虫が見せる多彩な生命現象の分子基盤についての理解を深めることができます。

カイコの分子遺伝学はこれまで大きく立ち遅れていましたが、カイコゲノムが解読されたことで、その状況は一変しました。このゲノムひろばでは、カイコの豊富な遺伝資源を紹介するとともに、カイコゲノムからいかに昆虫の進化を読みとることができるのかを紹介いたします。

カイコには多数の突然変異が存在し、形態形成や行動を遺伝子レベルで解析することができる。また野生種であるクワコとカイコを交雑することが可能であり、家畜化にかかわる遺伝子を探査することもできる

