

大きなゲノムをたくさんの種類で比較して可視化する



展示責任者

榊原 康文

慶應義塾大学理工学部
生命情報学科

最近では、さまざまな生物のゲノムが解読されています。私たちヒトやチンパンジーといった動物のゲノムや、イネなどの植物ゲノム、それから結核や肺炎などのさまざまな病気を引き起こす病原菌のゲノムも解読されています。

それぞれのゲノムは長い長い文字の並びで、その中にはいろいろな機能を実現するための遺伝子がたくさん書き込まれています。私たちが作っているMurasakiというソフトウェアを使うと、コンピュータの上で何種類もの生物のゲノムを並べて比較することができます。ゲノムを並べて比べてみると、たとえばヒトにあってチンパンジーにない遺伝子を調べたり、いろいろな細菌を比べて、病気を引き起こす仕掛けを明らかにしたり、葉の作り方を研究したり、そういったことができます。ゲノム上の文字の並びは右の図1のように、よく似た生物でも少しずつ違っており、遺伝子の並びの順番が大きく変わったりしている場所もあります。Murasakiは図2のように、ゲノム配列の似ている部分を線で結ぶことで、ゲノム間の関係を見えるようにしてくれます。ゲノムひろばの展示コーナーでは、実際にコンピュータを操作して、さまざまな生物のゲノムを比べて見ていただけます。

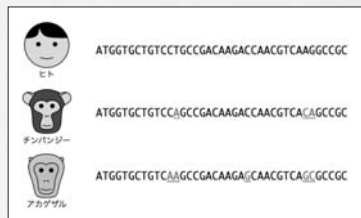


図1

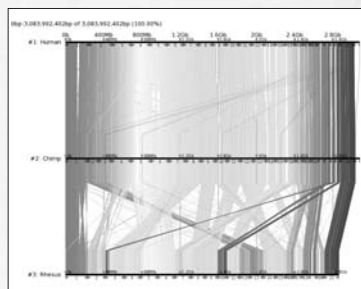


図2

ヒト特有の複雑な脳のはたらきを支える遺伝子はどのように進化してきたのだろうか？



展示責任者

柴田 弘紀

九州大学生体防御医学研究所

さまざまな生物の形やその能力は、自然選択によって形成されてきたことは、「進化」という現象として、よく知られています。同じく生物であるわれわれヒトが持つ「心」や「知性」などの特性も、同様に自然選択によって形成されてきた脳の機能と考えられます。しかしヒトの進化の過程において、「心」や「知性」の発達に自然選択がどのように関与したのか、またその自然選択の直接の対象となった個々の遺伝子が何であるのかは、まだ全くわかっていません。ヒトの脳内ではたくさんの情報伝達が行われています。その主要な要素に、グルタミン酸伝達系があり、数多くのタンパク質とその遺伝子が関与しています。このうちのグルタミン酸受容体(図)は、記憶や精神疾患の発症に関与しているとされ、脳内の情報処理に特に重要な役割を果たしているとされています。私たちはこのグルタミン酸受容体に注目し、ヒトとチンパンジーでその遺伝子配列を比較しています。脳で重要な働きを持つ遺伝子において、ヒトだけに見られる配列や、ヒトだけに働いた自然選択を見つければ、ヒトの脳機能を発達させてきた自然選択を解明できると考えています。

