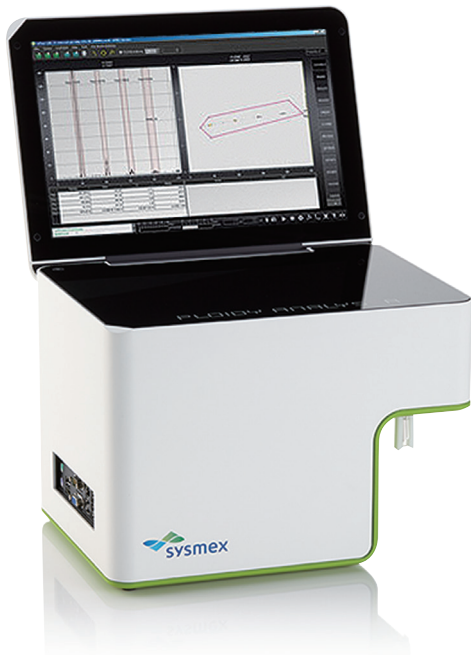


User Report



理化学研究所 生命機能科学研究センター
分子配列比較解析ユニット

ユニットリーダー 工樂 樹洋
技師 門田 満隆
研究員 宇野 好宣

使用機種：CyFlow Ploidy Analyser

主な用途：脊椎動物のゲノムサイズ(核ゲノムDNA量)の推定

1. はじめに

神戸にある理化学研究所生命機能科学研究センターの分子配列比較解析ユニットでは、次世代シーケンスをはじめ、DNAとタンパク質の配列情報の取得と解釈に関わる様々な技術を培ってきた。その対象は、生命科学の主流であるヒト、そしてマウスなどの伝統的な実験動物から、重要でありながら分子情報の乏しい生物まで多様である。最近では、爬虫類の中で実験動物としてのポテンシャルが高い種の全ゲノムシーケンス解析の報告¹⁾や、ゲノム配列の評価方法の提案²⁾を行った実績がある。

超並列DNA解析技術の進歩により、大規模配列情報取得のハードルは確実に下がったといっていよう。一方で、取得した大規模データを鵜呑みにせず、データ内容の妥当性に正当な評価を与えることの重要性は増え続けるばかりである。そういった評価のニーズに対し、核ゲノムDNA量測定は、配列情報に依存せずに、取得すべきデータのサイズ、いわば到達目標を示してくれる究極的に唯一の方法であるといえる。

2. 研究内容について

当研究室では、脊椎動物の進化の初期に我々ヒトの祖先から分岐し、独特の多様化を果たした生物群として、軟骨魚類板鰓類(サメ・エイ類)についての研究も行っている。サメ・エイ類は、水産学上の興味は小さいが、一部の種は上位捕食者として生態学的に重要な位置を占めている。さらに、長寿命や発電などの形質も注目されている。近年では、危険生物としてよりも、保全対象とみなす機運が高まっており、海洋環境のバロメーターと言われることもある。しかし、サメ類がどのように生まれ、育ち、死んでいくのかについては未だ不明な点が多い。

サメ類については、これまで包括的なゲノム解析の報告は皆無であったが、ごく最近になって、当研究室により卵生種イヌザメとトラザメの全ゲノム解析が行われたばかりである³⁾。この研究においては、既存ゲノム情報が断片的であった現生で最大の魚類ジンベエザメのゲノム配列の改善も行われた。脊椎動物のなかでも、最もゲノム・遺伝子の情報整備が遅れていたサメ類の分子研究は今後加速するに違いない。

