

メダカから理解する表現型多様化の進化プロセス

5月15日 (月)
15:00~16:30

理学部A館 A222

北里大学 医学部 解剖学
北里大学大学院 医療系研究科 生体構造学

准教授 勝村啓史



地球上のあらゆる環境に拡散した私達ヒトは、地域集団を形成し様々な形質に違いを示す。近年のゲノム多様性解析により、ヒト地域集団間の形質の違いに関わる遺伝子多型が多数報告されているが、多型間の機能の違いや進化的意義の理解は未だ十分であるとは言えない。そこで私たちはヒトと同様に豊富な地域集団が存在し、それらが利用なメダカ (*Oryzias latipes*) をモデルとして、地域集団間でみられる表現型の違いに関わる遺伝子多型の機能やその進化プロセスを推定する研究を進めている。本講義では、日本列島由来のメダカ地域集団を用いた本研究アプローチの紹介に加え、現在取り組んでいる「表現型可塑性の遺伝的基盤と進化プロセスの解明」と「生息域拡大に関連する冒険遺伝子の探索」についても紹介したい。

(参考文献)

Katsumura T.*, Sato S., Yamashita K., Oda S., Gakuhari T., Tanaka S., Fujitani K., Nishimaki T., Imai T., Yoshiura Y., Takeshima H., Hashiguchi Y., Mitani H., Ogawa M., Takeuchi H., Oota H. (2020), DNA methylation site loss for plasticity-led novel trait genetic fixation. *bioRxiv*, doi: 10.1101/2020.07.09.194738

Katsumura T.*, Oda S., Mitani H., Oota H.* (2019), Medaka Population Genome Structure and Demographic History Described via Genotyping-by-Sequencing. *G3*, 9(1) 217-228 2019年

それぞれの拡散ルート(各矢印)

南部九州

北部九州

本州+四国