

第15回 生物多様性研究センター勉強会

この勉強会は、名古屋市立大学大学院システム自然科学研究科に設置された生物多様性研究センターの活動のひとつとして、生物多様性について、遺伝子、進化、から生態、環境適応まで、多面的に勉強する目的で、研究、文献紹介(Journal Club)、初心者向けの基礎の説明、そして意見交換を含め、相互交流を計画しました。

勉強会が有意義なひとときとなりますよう、皆様の積極的なご参加とご協力をお願いいたします。

話題「比較染色体マッピングより明らかになった四肢動物におけるゲノム・染色体進化過程」

概要： 魚類や鳥類、哺乳類などの多くの種でゲノム配列が解読され、脊椎動物における遺伝連鎖群の保存性が明らかになりつつある。最近、ネッタイツメガエル (*Xenopus (Silurana) tropicalis*) ($2n = 20$) の全ゲノム配列が両生類で初めて解読されたが、塩基配列情報と染色体との対応はほとんどついておらず、それ以外の両生類でも染色体地図の報告は皆無であった。脊椎動物のゲノム進化を理解するうえで、系統的に魚類と羊膜類（爬虫類、鳥類、哺乳類）の間に位置する両生類のゲノム情報は重要であるにもかかわらず、これまで我々は、両生類と他の脊椎動物間や両生類の複数の種間における染色体の相同性やゲノム・染色体進化を詳細に論じることができなかった。そこで、FISH (Fluorescence *in situ* hybridization) 法を用いてアフリカツメガエル (*X. laevis*) 由来の EST クローンをネッタイツメガエルの染色体上にマッピングし、140 個の機能遺伝子からなる高精度染色体地図を作製した。次に、本研究で作製されたネッタイツメガエルの染色体地図と、メダカやニワトリ、ヒトのゲノム・染色体地図との比較解析、さらに先行研究で作製された 3 種の爬虫類（カメ目スッポン、ヘビ亜目シマヘビ、ワニ目シャムワニ）の染色体地図との比較解析によって、四肢動物と羊膜類の祖先核型と四肢動物におけるゲノム・染色体進化過程の推測を試みたので紹介していきたい。

日時 2月1日 (水) 19:00～
場所 名古屋市立大学大学院システム自然科学研究科
滝子 (山の畑) キャンパス 5号館2階 259号室
話題提供者 宇野 好宣氏
名古屋大学大学院生命農学研究科
応用分子生命科学専攻
応用遺伝・生理学講座 (動物遺伝制御学研究分野)