

第 64 回システム自然科学研究科セミナー

大量ゲノム解析からみた生物の多様性と進化の 研究の今後について

—眼の起源と進化の研究を例として—

五條堀 孝 先生 (国立遺伝学研究所 副所長・教授)

11 月 15 日 (月) 10:45~11:30

※再度時間変更致しました

4 号館 3 階 大講義室

近年、ゲノムや遺伝子発現に関する塩基配列データの産生能力が飛躍的に進歩した。これは、次世代型シーケンサーという塩基配列決定装置の急速な進展によるものである。特に、ヒトゲノム 1000 人プロジェクトや脊椎動物ゲノム 1 万種プロジェクトに見られるように、生物集団内の遺伝的多様性解析や各種生物のゲノム解析の規模が大幅に拡大してきている。一方、ノーベル賞受賞者のシドニー・ブレンナー博士の「Low input, high throughput, and no output」という警告の言葉のように、データ産生が超大量になされる中でそこからの知的発見を可能とするようなデータ解析などが滞っている状況が存在する。これは、塩基配列データが大量に存在するとき、まず行われる解析は、目的が何であれ、「比較」解析が中心となる。この比較解析は遺伝情報の比較解析であるので、進化的な思索が基本になれば、どんな統計解析やソフトウェア開発も表層だけのものになってしまう危惧がある。逆にいえば、進化的解析の最大チャンスが訪れてきたといっても過言ではない。このような状況を概観し、当研究室で進めている眼などの感覚器や神経系の起源や進化の研究を例にとり、今後の進化研究の方向性を議論する。

世話人：鈴木 善幸