

新潟脳神経研究会特別例会の御案内

日時：令和5年7月10日(月) 16:30～17:30

場所：脳研究所 統合脳機能研究センター 6階
中田記念ホール

生物多様性の起源にせまる：線虫の種分化遺伝学の確立

To Understand Origin of Biodiversity: Establishment of Speciation Genetics in Nematodes



国立遺伝学研究所
特任助教

吉田 恒太 先生

地球上にはなぜこんなにも多様な生物が存在するのか？生命 30 億年の歴史の中で、全ての生物は一つの共通祖先からわかれてきたと考えられている。一つの種が二つにわかれる過程である種分化が繰り返して起こってきたことで、生命の多様性が作り出されたのである。現在、種分化は、生殖的な隔離（雑種の不成立、致死、不稔）が段階的に蓄積する進化プロセスだと考えられている。しかしながら、実際にどのような遺伝的な変異がそのプロセスを駆動したのか、その全貌は明らかになっていない。種分化研究には、理論的系統比較解析、比較ゲノムデータ解析、ゲノム操作による実験的解析という異なったアプローチを統合して追求する必要がある。私はシクリッドやトゲウオなど古典的な種分化のモデル生物の分野横断的研究を行ってきたが、現代の種分化研究の大きな課題を克服するためには、より最先端のゲノム操作を可能とするモデル生物が必要であるという結論に至った。そこで私が着目したのが *Pristionchus*（プリスティオンクス）線虫である。*Pristionchus* 線虫は自由生活性の線虫で、*C. elegans* のように実験的利便性を兼ね備えながら、採集方法の確立により、近年急速に多くの新種が発見されており、種分化が最近起こった種も存在する。私はドイツのマックスプランク研究所で *Pristionchus* 線虫を使うことで、世界ではじめて線虫の種分化遺伝学研究プロジェクトを立ちあげ、近縁種のゲノム解析や遺伝学解析を行った。その結果、大規模な染色体の再編成が組み換え率の進化を引き起こし、生殖的隔離を種間で引き起こしていることを明らかにし、その結果は最近報告された(Yoshida *et al.*, 2023, *Nature Ecol. Evol.*)。また、その後の系統比較解析により、*Pristionchus* 線虫では同様の染色体再編成が頻繁に起こり、種分化の一般的な原因となっていることを示唆している。本発表では、*Pristionchus* 線虫の種分化遺伝学のこれまでの展開と展望とともに、進化系統解析の最近の新たな展開とその応用の可能性についても話していきたい。

どうぞ奮ってご参加ください。

(担当：脳研究所 脳病態解析分野/松井研究室)

