

染色体領域の組み合わせ最適化による祖先ゲノム構造の推定

中谷洋一郎¹

概要：初期脊椎動物（円口類や顎口類）は進化の過程で複雑な形態や機能を獲得した。これは全ゲノム重複によって可能になったと考えられているが、円口類や顎口類に起きた全ゲノム重複は数億年前の事象であるため、系統樹上の位置や重複回数までは未解明だった。これまでに多くの生物種でゲノム解読が進んだことで、それらのゲノムを比較して祖先ゲノム構造を推定することが可能になった[1][2]。具体的には、まず、ヒトゲノム等の染色体領域をシンテニーブロックと呼ばれる染色体断片に分割する。次に、染色体断片の組み合わせ最適化により、重複遺伝子の分布を祖先状態に近づけることで、全ゲノム重複後のゲノム構造を推定する[1]。このような解析手法により初期円口類・顎口類のゲノム構造を推定し[2]、脊椎動物のゲノム構造進化を明らかにした結果、祖先ゲノム構造が現在のヒトゲノム中のコピー数多型などにも影響している可能性が示唆された。本発表では祖先ゲノム再構成手法の概要を紹介し、今後の課題についても議論したい。

[1] Y. Nakatani, H. Takeda, Y. Kohara, and S. Morishita, Reconstruction of the Vertebrate Ancestral Genome Reveals Dynamic Genome Reorganization in Early Vertebrates, *Genome Res* 17, 1254 (2007).

[2] Y. Nakatani, P. Shingate, V. Ravi, N. E. Pillai, A. Prasad, A. McLysaght, and B. Venkatesh, Reconstruction of Proto-Vertebrate, Proto-Cyclostome and Proto-Gnathostome Genomes Provides New Insights into Early Vertebrate Evolution, *Nat Commun* 12, 1 (2021).

¹ 大阪大学