

第9回

理研 CLST

原 雄一郎 博士

## 全ての分類群で対等な比較ゲノム解析を

～シーケンシングファシリティが提供する脊椎動物ゲノム配列リソース

私は、シーケンシングファシリティを担う研究室に所属し、いくつかの脊椎動物ゲノム配列の新規決定に携わってきた。最初に、小規模な体制ながら高品質なゲノム配列の作成を目指す、私たちの研究室の取り組みを紹介する。続いて、私が中心となって行った、ソメワケササクレヤモリゲノム解読、およびその配列情報を活用した遺伝子進化解析を紹介する。ソメワケササクレヤモリは、とくに発生学において実験動物として有用な特徴をもつ爬虫類である。ゲノム情報を活用できる実験動物としてソメワケササクレヤモリを確立することにより、マウスとニワトリのみの比較では見えてこなかった羊膜類の形態形成の進化が明らかになると期待される。さらに、哺乳類と鳥類で独立に失われたが爬虫類には保持される遺伝子から見出された、「欠失しやすさ」をもたらすゲノムに内在する特徴をもとに、遺伝子の運命を決める要因について議論する。



1月19日（金） 16:30-18:00

琉球大学 亜熱帯島嶼科学拠点研究棟 3F セミナー室

※ ご参加・聴講は自由です（事前申し込み不要）

皆様のご来聴を歓迎いたします。

お問い合わせ先：熱帯生物圏研究センター 矢口甫 [hjiroo@gmail.com](mailto:hjiroo@gmail.com)

主催：戦略的研究プロジェクトセンター ゲノミクス解析支援チーム