

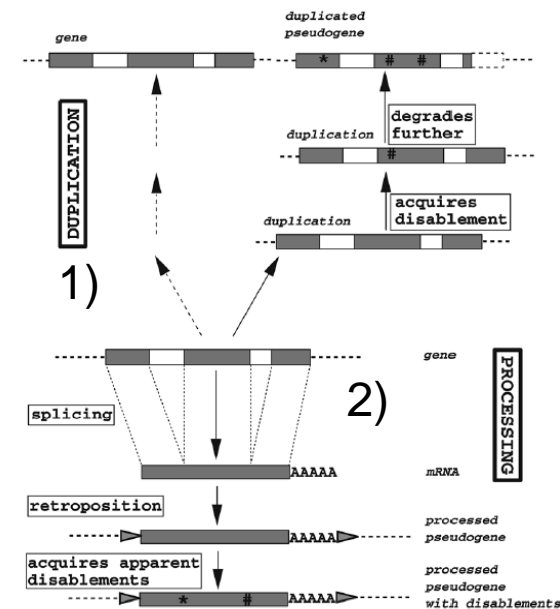
# 遺伝子重複から生物の進化を考える

**キーワード： ゲノム進化 遺伝子重複 冗長性 機能分化 多様性**

人間文化創成科学研究科 生命情報学系 分子進化学 金子 聡子

E-mail: kaneko.satoko@ocha.ac.jp TEL:03-5978-2034

生物の設計図であるゲノムの中には、重複によってできた配列が多く含まれています。よく似た配列が複数存在することによって引き起こされる現象に注目し、進化的な観点から研究を行っています。



遺伝子重複には2つのタイプがあります。

1) 遺伝子構造の全てを含む領域が重複する。

近傍に存在することが多い。そのため、組換えの際など配列の交換が起きる。また、転写調節領域を伴う場合には、新しくできた配列も遺伝子としての機能を保つことができるため、どちらか一方に変異が蓄積することにより、これまでの遺伝子を失うリスク無しに新しい機能を獲得できる。

2) mRNAが逆転写されて、ゲノムに再統合される。

ゲノム中に散在している。その数は転移因子の活性と相関がある。タンパクをコードする配列のみが重複するため、偽遺伝子化することが多い。しかし、転写され、もとなつた遺伝子を安定化させるという報告もある。

それぞれの特徴を踏まえて、重複した遺伝子の進化過程を再現することにより、その動態を解明し、遺伝子重複が生物の進化に及ぼす影響を考えています。

(Harrison et al. 2002 J. Mol. Biol. 318:1155-1174, Figure 2.)