

07



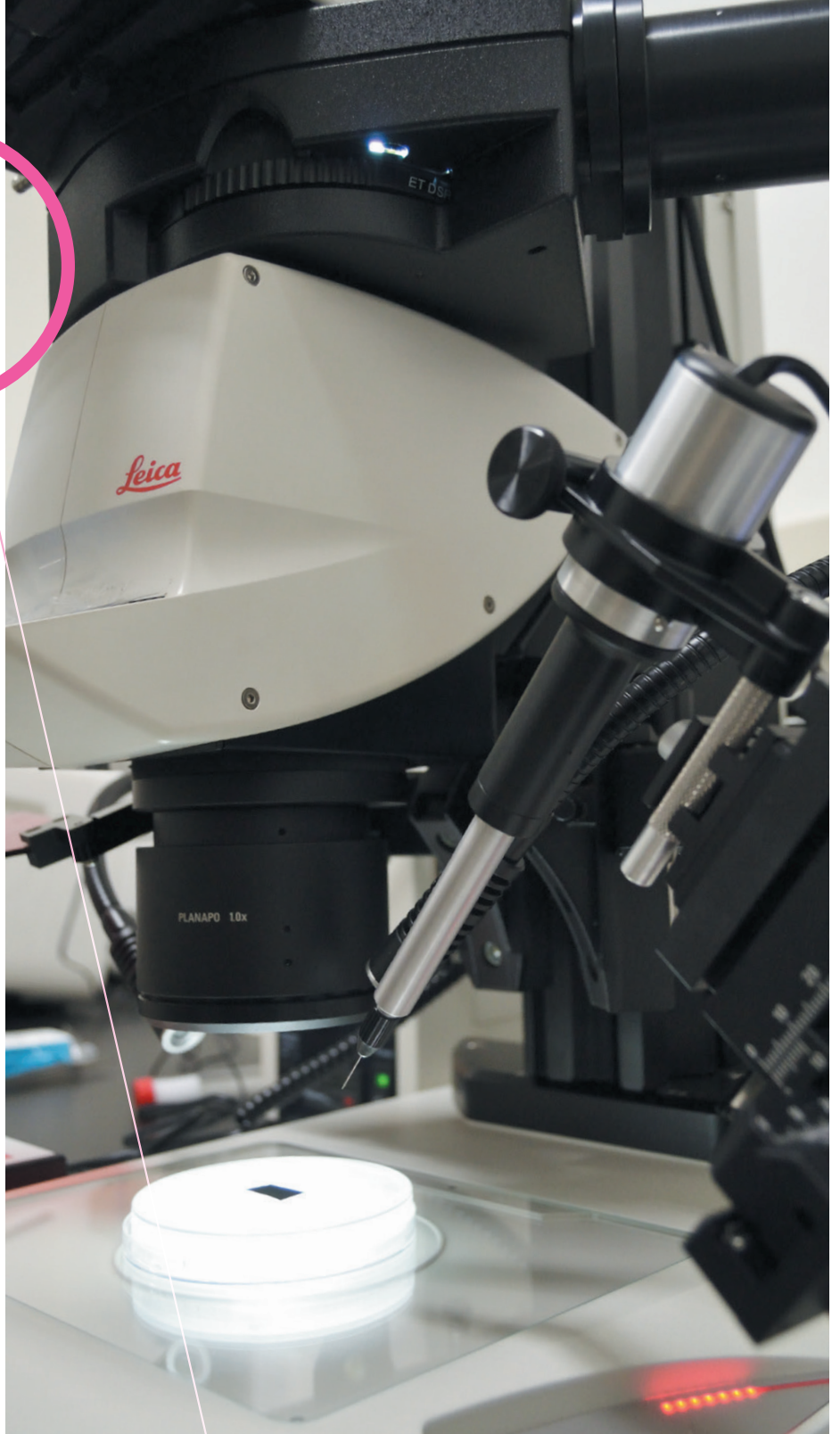
進化 ゲノミクス分野

生物の進化を
ゲノム情報で紐解く

シーケンシング技術の発展によってゲノム配列や遺伝子発現などのデータが急速に蓄積していく中、膨大な情報から如何にして生物が持つ面白さを見出すのが重要となってきています。私たちは、こうした大規模な生命情報を利用して生物が持つ形質の遺伝的基盤を理解し、その進化過程の解明を目指しています。特に、ゲノム上で重複した遺伝子に着目し、病気や生態的特性との関連について研究しています。また、プラナリアのような再生能力の高い生物を用いた再生関連遺伝子の機能解析にも取り組んでいます。

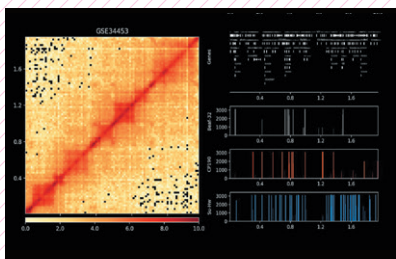
Lab. DATA

ゲノミクス、分子進化、パイオインフォマティクス
牧野能士 教授
横山隆亮 講師
<https://www.lifesci.tohoku.ac.jp/evolgenomics>



在学生

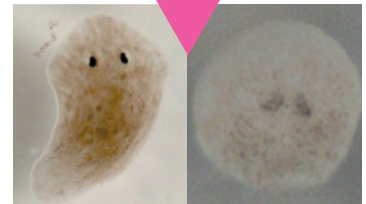
Interview



学部4年
山田 実優

一本の染色体は、端から端まで均質な構成という訳ではありません。様々なDNA結合タンパク質やエピジェネティック修飾といった多彩で動的な環境の中に個々の遺伝子は組み込まれています。私は特に、染色体が取る3次元構造(TAD)と遺伝子発現の関係に興味を持ち、進化的な側面から研究を行なっています。

topics



プラナリアは切断しても全身を再生することができます(左)。RNAi法により再生に関わる遺伝子の機能を阻害すると、プラナリアは再生できなくなります(右)。