

「生物多様性ゲノム学への招待：現代の DNA シークエンスの愉しみに浸る」

工樂 樹洋 博士

国立遺伝学研究所 ゲノム・進化研究系 教授

最新の技術を活用すれば、新規ゲノム情報の読み取りにおいて、こだわって性質の異なる複数のライブラリを調製する必要や、正常に完了するかわからないアセンブリの計算を数週間かけて待つ必要はないという。ならば、何にこだわるのが賢明だろうか？本セミナーでは、演者の体験も織り交ぜて、PacBio HiFi ロングリードを用いた脊椎動物のゲノム解析について紹介する。2018 年より開始した Earth BioGenome Project (EBP)は、この技術を中心に据えて、記載された地球上のすべての真核生物について全ゲノム配列を 10 年間でカタログ化することを目指している。演者は、この EBP の傘下で、脊椎動物の進化を紐解くうえで重要な系統的位置を占めながらも情報が乏しい軟骨魚類(サメ・エイ・ギンザメ)に注目した Squalomix プロジェクトを率い、全ゲノム解析を進めている。今後ほかの各々の生物群で、同様の取り組みから特段の前触れなくゲノム情報が公開されるであろう。本セミナーでは、EBPについても紹介し、生物学的発見に向けての「競争」の過程で、ゲノム情報整備の「協働」を活用する可能性についても議論する。