

# ゲノムの樹 いきものつながり

さまざまな生物のDNA情報をつかって、  
系統樹を作ってみよう

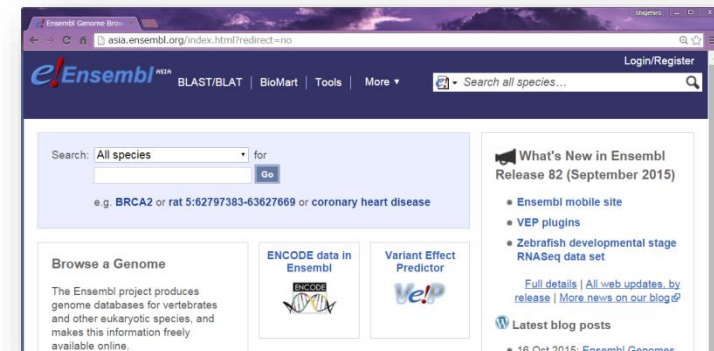
理研CLST 分子配列比較解析ユニット  
(ユニットリーダー 工樂 樹洋)

# DNAをしらべる研究



DNA解析技術の急速な進歩によって、  
大量のDNA情報がえられるようになった

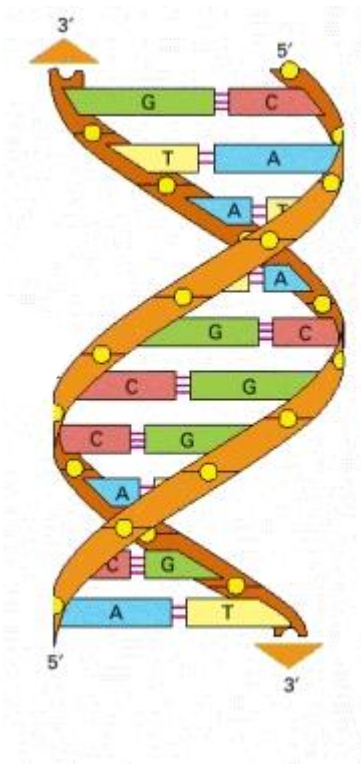
DNA情報は、インターネット上の  
データベースからダウンロードできる



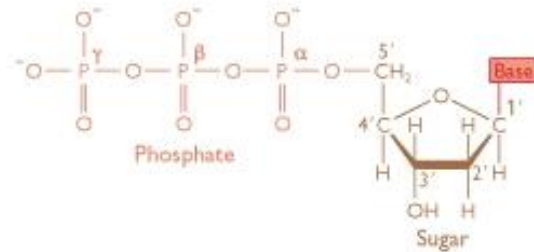
コンピュータやプログラミングをつかって、  
まるで実験をするように、生物の遺伝子の研究が可能に

# DNAをつくっている部品「塩基」

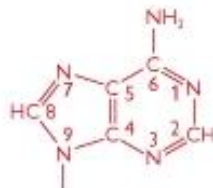
二重らせん構造



ヌクレオチド



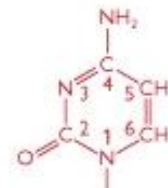
4 種類の塩基



Adenine (A)

アデニン

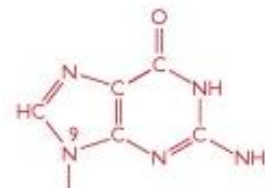
A



Cytosine (C)

シトシン

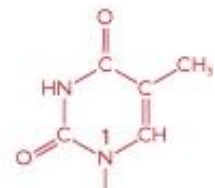
C



Guanine (G)

グアニン

G



Thymine (T)

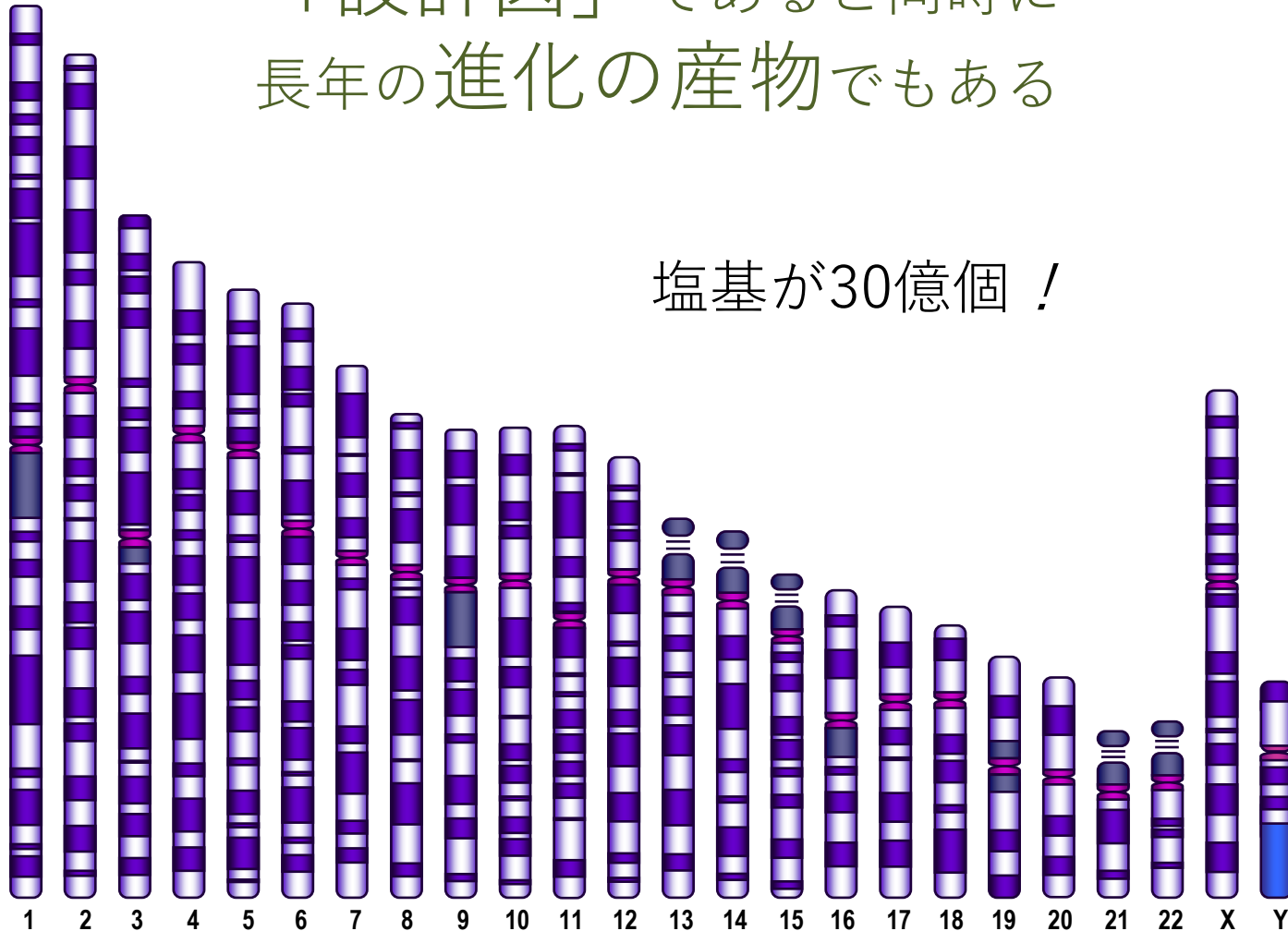
チミン

T

# ヒトゲノム

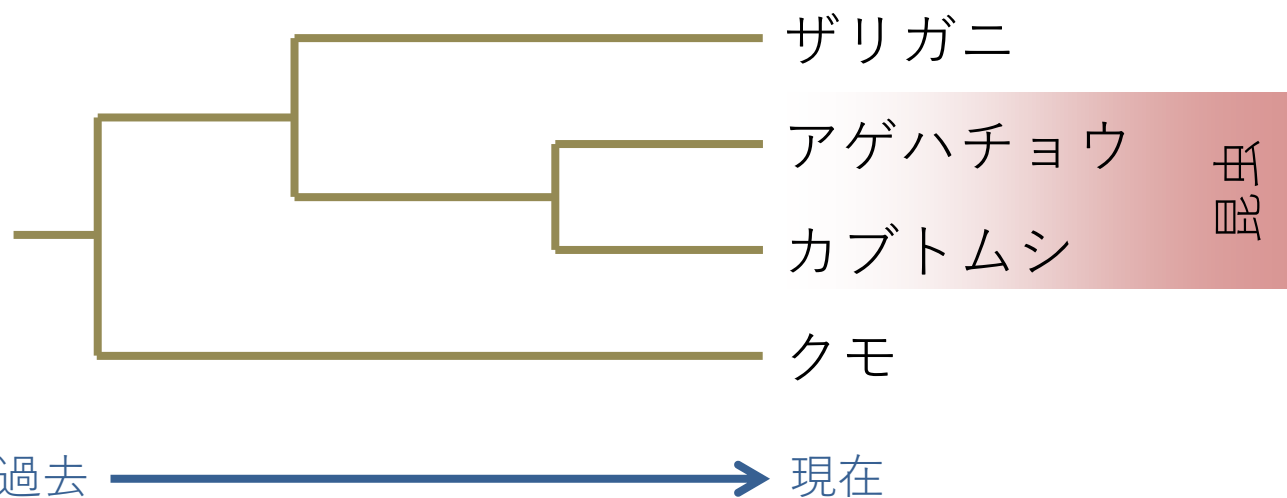
は私たちの生命活動の  
「設計図」であると同時に  
長年の進化の産物でもある

塩基が30億個！



# 系統樹の読み取り方

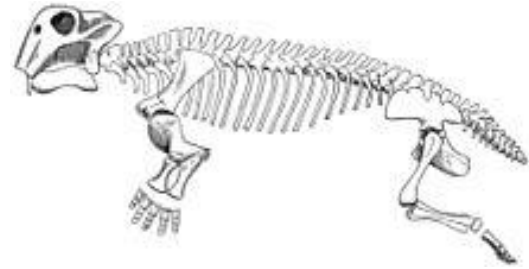
節足動物のばあい



系統樹はDNA情報なしでもつくられてきた

しかし、

形や行動などをくらべて、どのくらい似ているかを評価するのはむずかしい



それに対して、

ATCGCTAGCTAGC  
CTCGATAGCAAGC  
AGCGCTACCTTGC

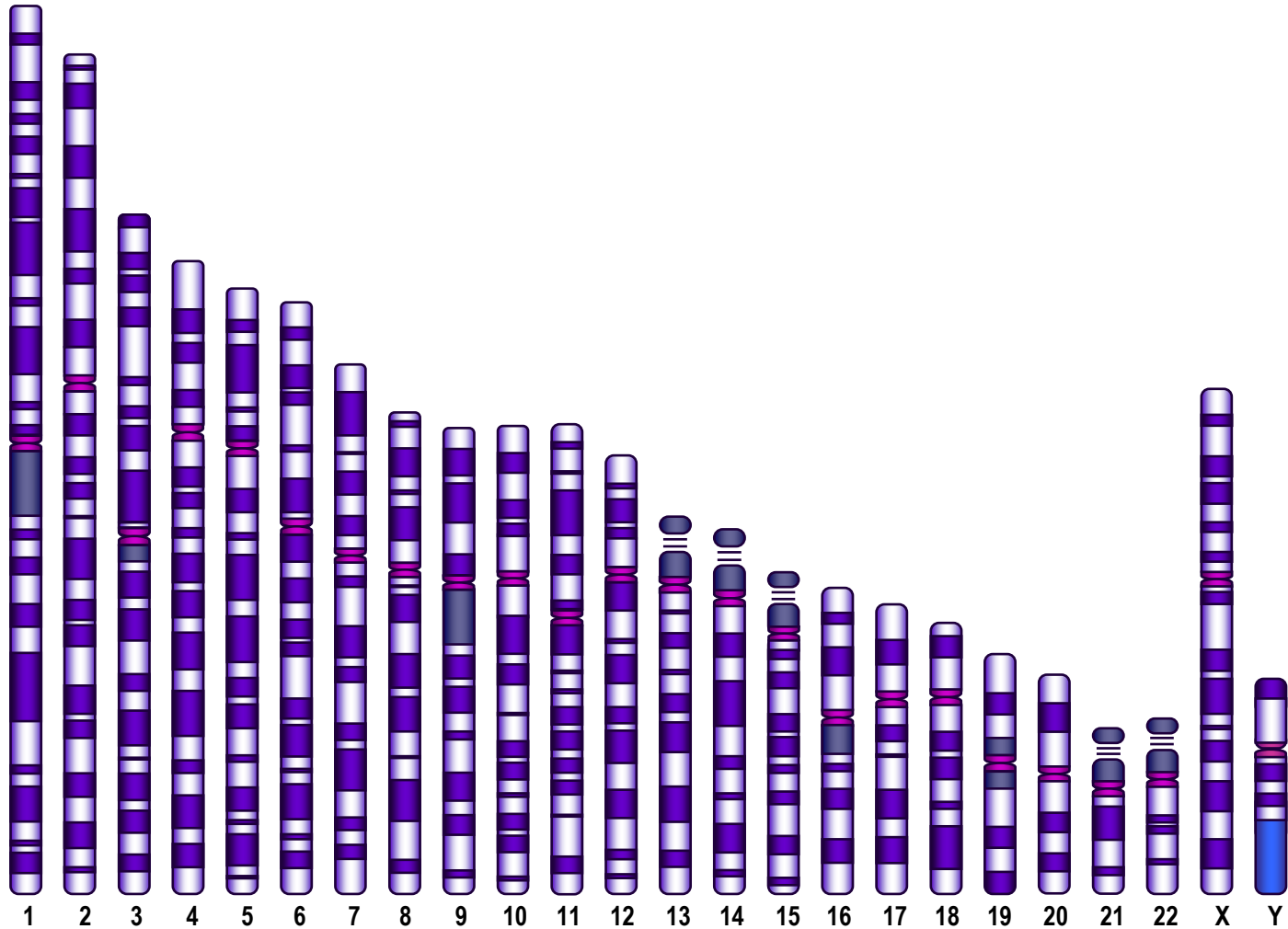
DNAをくらべて、どのくらい似ているかを  
定量的にしらべるのは比較的やりやすい



生命の進化の歴史は  
DNA情報をつかって再現できる

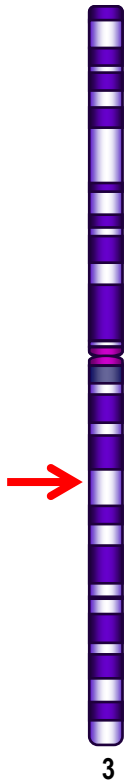
さまざまな生物のDNA情報をつかって、  
系統樹を作ってみよう

# 膨大なDNA情報の中から





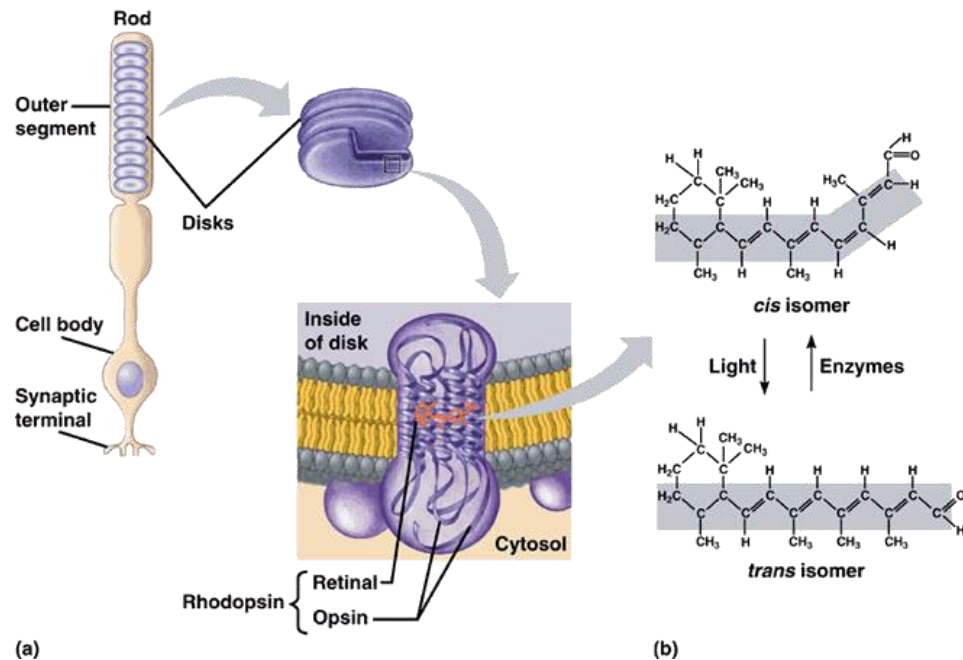
# 膨大なDNA情報の中から



# ロドプシンという遺伝子に注目

もうまく かんたい

脊椎動物において、網膜の桿体細胞で機能し、明暗視をつかさどる



# ヒトの ロドプシン遺伝子のDNA情報

AGAGTCATCCAGCTGGAGCCCTGAGTGGCTGAGCTCAGGCCTTCGCAGCATTCTTGGGTGGGAGCAGCCA  
CGGGTCAGCCACAAGGGCCACAGCCATGAATGGCACAGAAGGCCCTAACTTCTACGTGCCCTTCTCCAAT  
GCGACGGGTGTGGTACGCAGCCCCCTTCGAGTACCCACAGTACTACCTGGCTGAGCCATGGCAGTTCTCCA  
TGCTGGCCGCCTACATGTTTCTGCTGATCGTGCTGGGCTTCCCCATCAACTTCCTCACGCTCTACGTCAC  
CGTCCAGCACAGAAGCTGCGCACGCCTCTCAACTACATCCTGCTCAACCTAGCCGTGGCTGACCTCTTC  
ATGGTCCTAGGTGGCTTCACCAGCACCCCTCTACACCTCTCTGCATGGATACTTCGTCTTCGGGCCCCACAG  
GATGCAATTTGGAGGGCTTCTTTGCCACCCTGGGCGGTGAAATTGCCCTGTGGTCCTTGGTGGTCCTGGC  
CATCGAGCGGTACGTGGTGGTGTGTAAGCCCATGAGCAACTTCGCTTCGGGGAGAACCATGCCATCATG  
GGCGTTGCCTTCACCTGGGTATGGCGCTGGCCTGCGCCGCACCCCCACTCGCCGGCTGGTCCAGGTACA  
TCCCCGAGGGCCTGCAGTGCTCGTGGAATCGACTACTACACGCTCAAGCCGGAGGTCAACAACGAGTC  
TTTTGTCTATCTACATGTTCTGTGGTCCACTTCACCATCCCCATGATTATCATCTTTTTCTGCTATGGGCAG  
CTCGTCTTCACCGTCAAGGAGGCGCTGCCAGCAGCAGGAGTCAGCCACCACACAGAAGGCAGAGAAGG  
AGGTCACCCGCATGGTCATCATCATGGTCATCGCTTTCCTGATCTGCTGGGTGCCCTACGCCAGCGTGGC  
ATTCTACATCTTCACCCACCAGGGCTCCAACTTCGGTCCCATCTTCATGACCATCCCAGCGTTCCTTTGCC  
AAGAGCGCCGCCATCTACAACCCTGTCTATATCATGATGAACAAGCAGTTCGGAACTGCATGCTCA  
CCACCATCTGCTGCGGCAAGAACCCTGAGGTGACGATGAGGCCTCTGCTACCGTGTCCAAGACGGAGAC  
GAGCCAGGTGGCCCCGGCCTAAGACCTGCCTAGGACTCTGTGGCCGACTATAGGCGTCTCCCATCCCCCTA  
CACCTTCCCCCAGCCACAGCCATCCCACCAGGAGCAGCGCCTGTGCAGAATGAACGAAGTCACATAGGCT  
CCTTAATTTTTTTTTTTTTTTTTTAAGAAATAATTAATGAGGCTCCTCACTCACCTGGGACAGCCTGAGAAG  
GGACATCCACCAAGACCTACTGATCTGGAGTCCCACGTTCCCCAAGGCCAGCGGGATGTGTGCCCTCCT  
CCTCCCAACTCATCTTTCAGGAACACGAGGATTCTTGCTTCTGGAAGAGTGTCCAGCTTAGGGATAAG  
TGTCTAGCACAGAATGGGGCACACAGTAGGTGCTTAATAAATGCTGGATGGATGCAGGAAGGAATGGAGG  
AATGAATGGGAAGGGAGAACATATCTATCCTCTCAGACCCTCGCAGCAGCAGCAACTCATACTTGGCTAA  
TGATATGGAGCAGTTGTTTTCCCTCCCTGGGCCTCACTTCTCTCTATAAAATGGAAATCCCAGATC  
CCTGGTCCTGCCGACACGCAGCTACTGAGAAGACAAAAGAGGTGTGTGTGTGTCTATGTGTGTGTTTCA  
GCACTTTGTAAATAGCAAGAAGCTGTACAGATTCTAGTTAATGTTGTGAATAACATCAATTAATGTAAC  
AGTTAATTACTATGATTATCACCTCCTGATAGTGAACATTTTGAGATTGGGCATTGAGATGATGGGGTTT  
CACCCAACCTTGGGGCAGGTTTTTAAAAATTAGCTAGGCATCAAGGCCAGACCAGGGCTGGGGGTTGGGC  
TGTAGGCAGGGACAGTCACAGGAATGCAGAATGCAGTCATCAGACCTGAAAAACAACACTGGGGGAGGG  
GGACGGTGAAGGCCAAGTTCCTAATGAGGGTGAAGTTGGGCCTGGGGTCTCACCCCTAGTGTGGGGCCCC  
AGGTCCCGTGCCTCCCCCTTCCCAATGTGGCCTATGGAGAGACAGGCCTTCTCTCAGCCTCTGGAAGCCA  
CCTGCTCTTTTGTCTTAGCACCTGGGTCCCAGCATCTAGAGCATGGAGCCTCTAGAAGCCATGCTCACCC  
GCCCACATTTAATTAACAGCTGAGTCCCTGATGTCTCCTTATCTCGAAGAGCTTAGAAAACAAAGAGTGG  
GAAATTCACCTGGGCCTACCTTCCTTGGGGATGTTTATGGGCCCCAGTTTCCAGTTTCCCTTGCCAGACA  
AGCCCATCTTCAGCAGTTGCTAGTCCATTCTCCATTCTGGAGAATCTGCTCCAAAAGCTGGCCACATCT  
CTGAGGTGTGAGAATTAAGCTGCCTCAGTAACTGCTCCCCCTTCTCCATATAAGCAAAGCCAGAAGCTCT  
AGCTTTACCCAGCTCTGCCTGGAGACTAAGGCAAATTGGGCCATTAAAAGCTCAGCTCCTATGTTGGTAT  
TAACGGTGGTGGGTTTTGTTGCTTTTCACTCTATCCACAGGATAGATTGAAACTGCCAGCTTCCACCTG  
ATCCCTGACCCTGGGATGGCTGGATTGAGCAATGAGCAGAGCCAAGCAGCACAGAGTCCCCTGGGGCTAG  
AGGTGGAGGAGGCAGTCCTGGGAATGGGAAAAACCCCA

ここでは40文字だけに注目

ヒト **AGGCCCTAACTTCTACGTGCCCTTCTCCAATGCGACGGGT**

ここでは40文字だけに注目

ヒト **AGGCCCTAACTTCTACGTGCCCTTCTCCAATGCGACGGGT**

準備：何文字違うか数えてみよう

ヒト AGGCCCTAACTTCTACGTGCCCTTCTCCAATGCGACGGGT

イルカ GGGCCTGAACCTTCTACGTGCCTTTCTCTAACAAAGACAGGC

カバ GGGCCCGAACCTTCTACGTGCCTTTCTCCAACAAGACAGGC

きんぎょ GGGAGATATGTTCTACGTGCCTATGTCCAATGCCACTGGC

	ヒト	イルカ	カバ	きんぎょ
ヒト				
イルカ				
カバ				
きんぎょ				

準備：何文字違うか数えてみよう

ヒト **A**GGCC**T**AACT**T**CTAC**G**TGCC**T**TTCT**C**CAAT**T**GC**G**ACGGG**T**

イルカ GGGCC**T**GAAC**T**TCTAC**G**TGCC**T**TTCT**C**TAACAAGACAGGC

カバ GGGCCC**G**AAC**T**TCTAC**G**TGCC**T**TTCTCCAACAAGACAGGC

きんぎょ GGGAGATAT**G**TTCTAC**G**TGCC**T**ATGTCCAATGCCACTGGC

	ヒト	イルカ	カバ
イルカ			
カバ			
きんぎょ			

# 正解は

	ヒト	イルカ	カバ
イルカ	10		
カバ	8	2	
きんぎょ	12	14	13

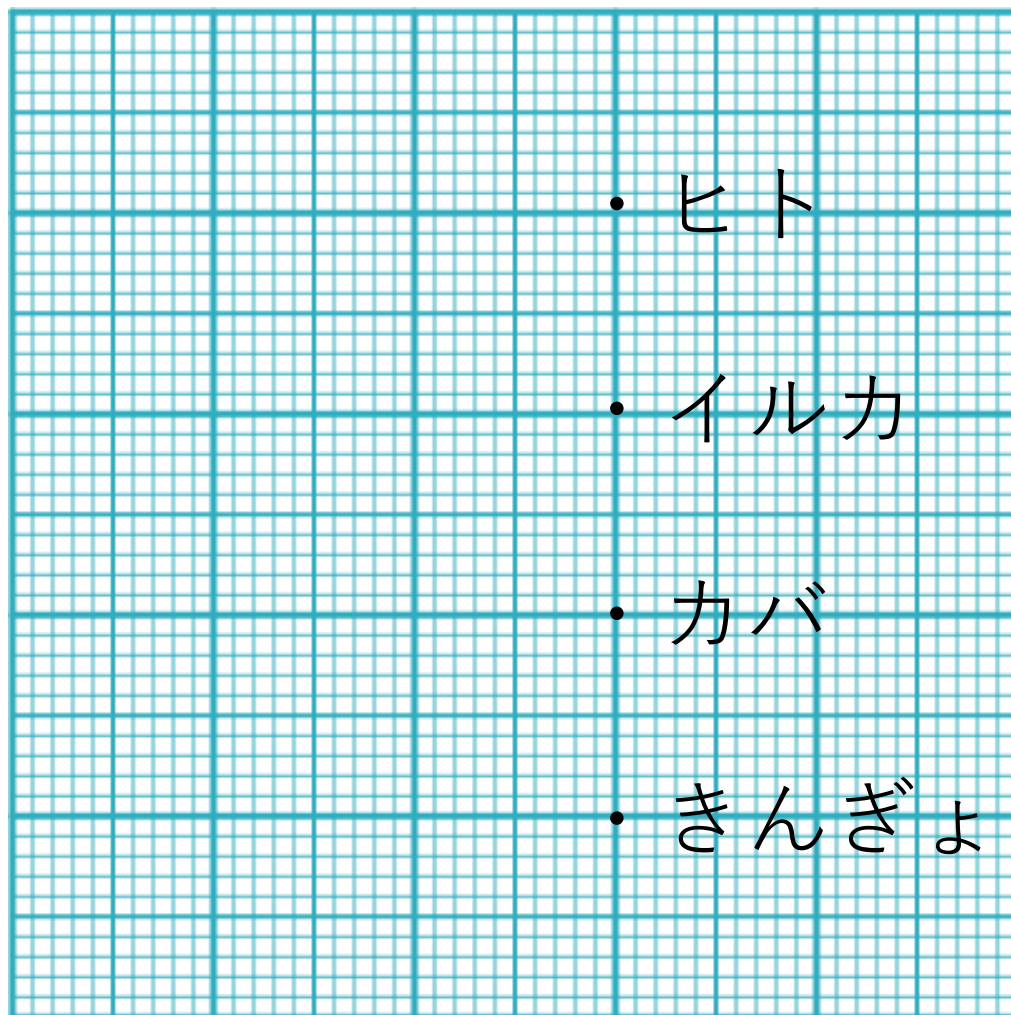


ここからが本番です

	ヒト	イルカ	カバ
イルカ	10		
カバ	8	2	
きんぎょ	12	14	13

ここからが本番です

方眼紙に基準点を書きましょう



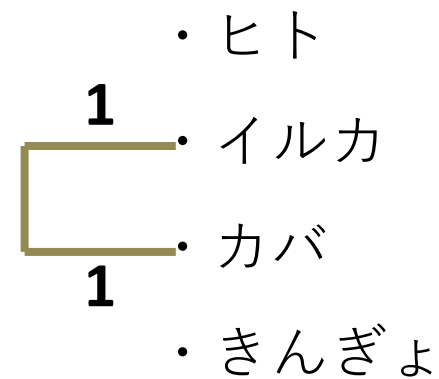
ステップ1：最も小さい数を「2」で割る

	ヒト	イルカ	カバ
イルカ	10		
カバ	8	2	
きんぎょ	12	14	13

$$2 \div 2 = 1$$

→ イルカとカバをつなぐ枝の長さが「1」

→ イルカとカバをつなぐ枝の長さが「1」



## ステップ2：組んだペアを合体させる（数は平均に）

		ヒト	イルカ	カバ
合体	イルカ	10		
	カバ	8	2	
	きんぎょ	12	14	13

合体

ステップ2：組んだペアを合体させる（数は平均に）

合体後

	ヒト	イルカ+カバ
イルカ+カバ	9	
きんぎょ	12	13.5

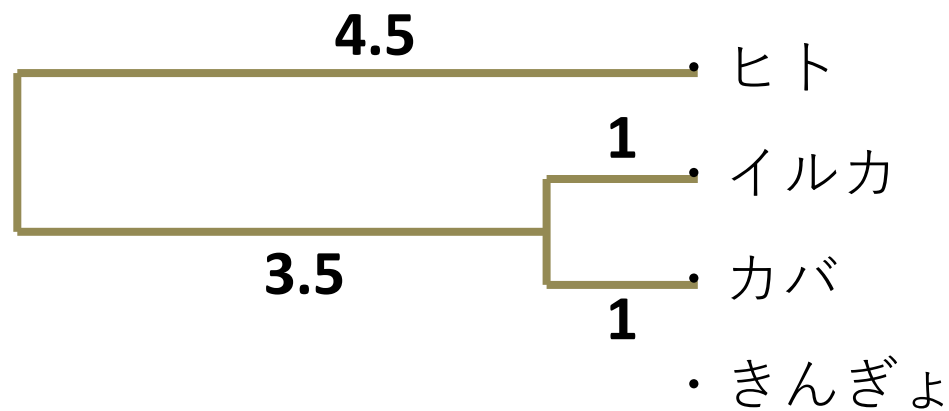
ふたたび、最も小さい数を「2」で割る

	ヒト	イルカ+カバ
イルカ+カバ	9	
きんぎょ	12	13.5

$$9 \div 2 = 4.5$$

→ ヒトと（イルカ+カバ）をつなぐ枝の長さが「4.5」

→ ヒトと（イルカ＋カバ）をつなぐ枝の長さが「4.5」





ふたたび、組んだペアを合体させる（数は平均に）

	ヒト	イルカ+カバ
イルカ+カバ	9	
きんぎょ	12	13.5

合体

ふたたび、組んだペアを合体させる（数は平均に）

合体後

	ヒト+イルカ+カバ
きんぎょ	12.75

さいごに、のこった数を「2」で割る

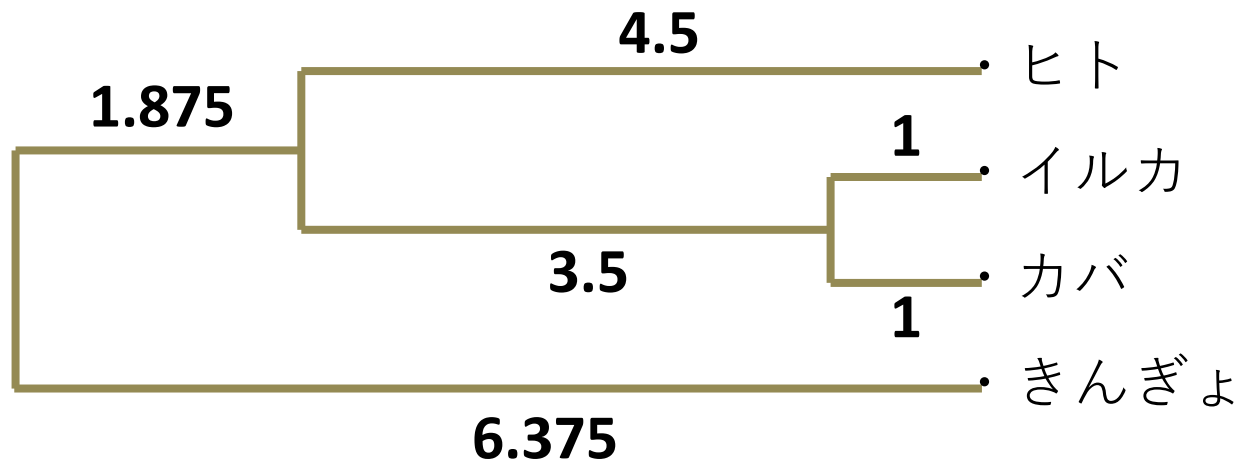
	ヒト+イルカ+カバ
きんぎょ	12.75

$$12.75 \div 2 = 6.375$$

→ (ヒト+イルカ+カバ) ときんぎょを  
つなぐ枝の長さが「6.375」

情報をまとめ、系統樹に

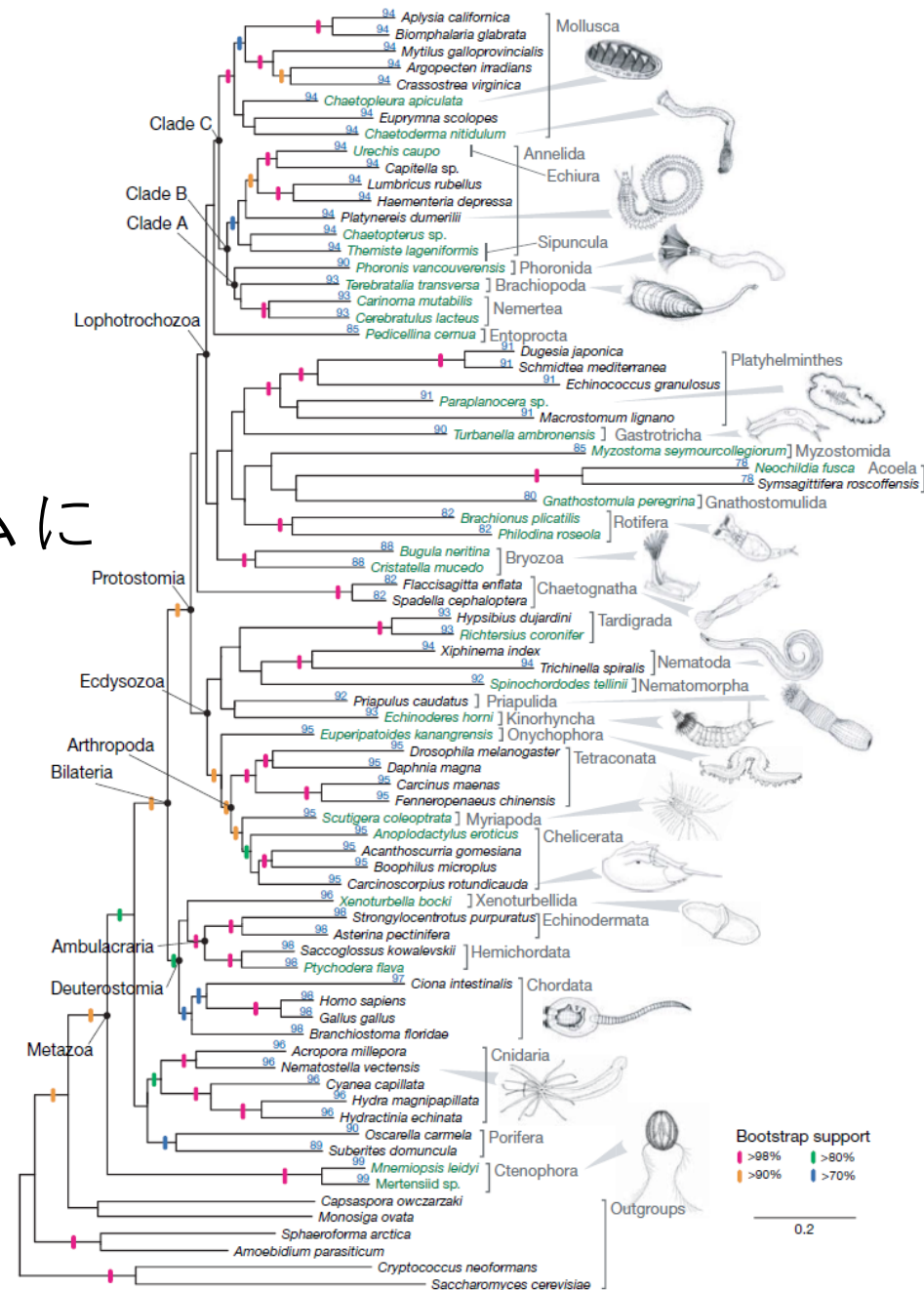
- イルカとカバをつなぐ枝の長さが「1」
- ヒトと（イルカ＋カバ）をつなぐ枝の長さが「4.5」
- （ヒト＋イルカ＋カバ）ときんぎょをつなぐ枝の長さが「6.375」



この系統樹のつくり方は  
平均距離法とよばれています

実際の研究では、

より細かなアルゴリズムに  
基づいた方法で、  
より多くの生物を含め、  
より長いDNAの情報を  
つかいます



さらに多くの生物を加えてみる

ヒト AGGCCCTAACTTCTACGTGCCCTTCTCCAATGCGACGGGT

サル AGGCCCTAACTTCTACGTGCCCTTCTCCAACGCGACGGGC

イヌ GGGCCCGAACTTCTACGTGCCCTTCTCCAACAAGACGGGT


イルカ GGGCCTGAACCTTCTACGTGCCTTTCTCTAACAAAGACAGGC

カバ GGGCCCGAACTTCTACGTGCCTTTCTCCAACAAGACAGGC

カモノハシ GGGCCAGGACTTTTACATCCCCATGTCCAATAAGACGGGC

きんぎょ GGGAGATATGTTCTACGTGCCTATGTCCAATGCCACTGGC

さっきのように、準備→ステップ1→ステップ2



	ヒト	サル	イヌ	イルカ	カバ	カモノハシ
サル						
イヌ						
イルカ						
カバ						
カモノハシ						
きんぎょ						

$$7 \times (7 - 1) \div 2$$

さっきのように、準備→ステップ1→ステップ2

	ヒト	サル	イヌ	イルカ	カバ	カモノハシ
サル	2					
イヌ	5	5				
イルカ	10	8	5			
カバ	8	6	3	2		
カモノハシ	12	12	10	11	10	
きんぎょ	12	12	15	14	13	14

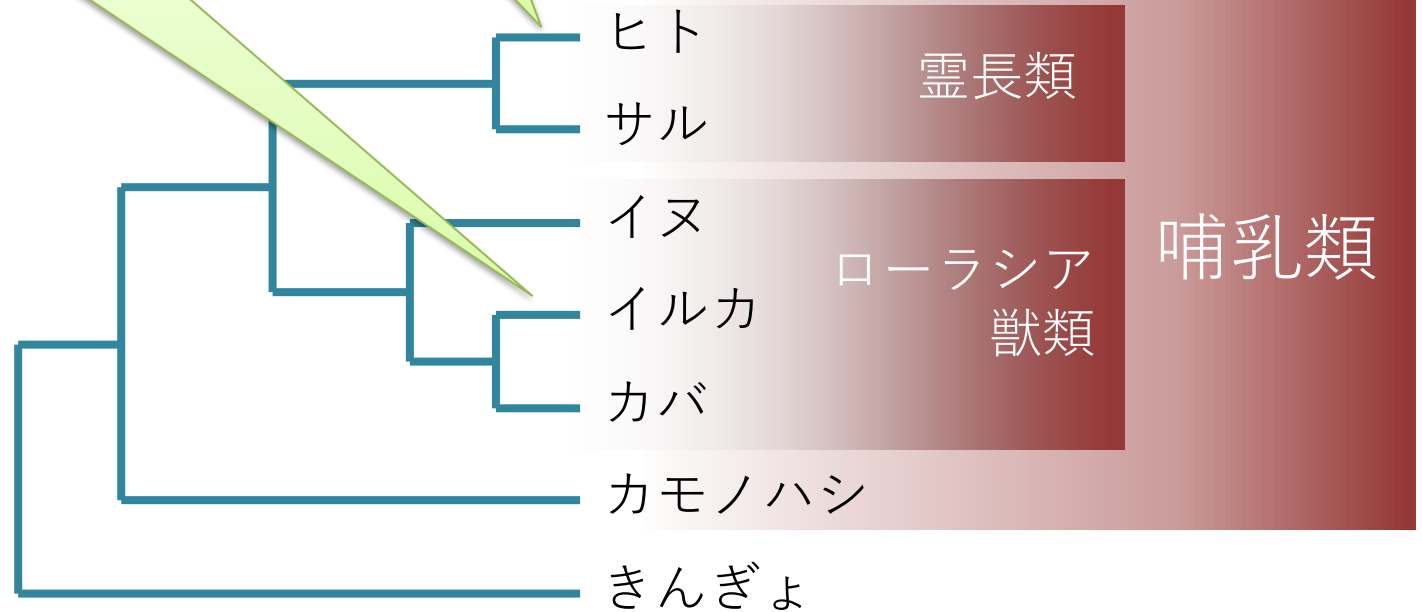


# より多くの生物をふくむ系統樹

どんな進化が読み取れるか？

ヒトはやはりサルから・・・

イルカは哺乳類！



# 教訓

形や行動だけではわからないことが  
DNAからわかる

遺伝子をみるかぎり、動物の中で  
ヒトが特別とは思えない！？

DNA解析では「プログラミング」  
がすごく便利

DNAの塩基のならび方だけでなく、いろんな  
遺伝子がいつ・どこで働くかもしらべられる

一緒にDNA情報・分子進化の研究をしてみませんか？

ご参加どうもありがとうございました

ロドプシン遺伝子のDNA情報の中の40文字に注目

ヒト **A**GGCC**C**T**A**AC**T**T**C**T**A**CG**T**GC**C**CT**T**C**T**CC**A**AT**G**CG**A**CGGG**T**

イルカ GGG**C**CT**G**AA**C**TT**C**T**A**CG**T**GC**C**TT**T**C**T**CT**A**CAAG**A**CA**G**GC

カバ GGG**C**CC**G**AA**C**TT**C**T**A**CG**T**GC**C**TT**T**C**T**CC**A**CAAG**A**CA**G**GC

きんぎょ GGG**A**GA**T**AT**G**TT**C**T**A**CG**T**GC**C**TA**T**GT**C**CAAT**G**CC**A**CT**G**GC

# ゲノムの樹 いきものつながり

さまざまな生物のDNA情報をつかって  
系統樹を作ってみよう

ヒト **A**GGCC**C**T**A**AC**T**T**C**T**A**CG**T**GCC**C**T**T**C**T**CC**A**A**T**GC**G**ACGGG**T**

サル **A**GGCC**C**T**A**AC**T**T**C**T**A**CG**T**GCC**C**T**T**C**T**CC**A**ACGC**G**ACGGG**C**

イヌ **G**GGCC**C**G**A**AC**T**T**C**T**A**CG**T**GCC**C**T**T**C**T**CC**A**AC**A**AGACGGG**T**

イルカ **G**GG**C**C**T**G**A**AC**T**T**C**T**A**CG**T**G**C**C**T**T**T**C**T**C**T**AAC**A**AGACAGG**C**

カバ **G**GGCC**C**G**A**AC**T**T**C**T**A**CG**T**G**C**C**T**T**T**C**T**CC**A**AC**A**AGACAGG**C**

カモノハシ **G**GG**C**C**A**GG**A**C**T**T**T**T**A**C**A**TCC**C**C**A**T**G**TCC**A**A**T**AAGACGGG**C**

きんぎょ **G**GG**A**G**A**T**A**T**G**T**T**C**T**A**C**G**T**G**C**C**T**A**T**G**T**CC**A**A**T**GCC**A**C**T**G**G**C

裏面のDNAのならば方の違いを、  
すべての生物の組ごとに数えると、  
右のようになる

ワークショップで説明した手順  
(ワークシートの裏面) にしたがって、  
ステップ1とステップ2を繰り返す。

	ヒト	サル	イヌ	イルカ	カバ	カモノハシ
サル	2					
イヌ	5	5				
イルカ	10	8	5			
カバ	8	6	3	2		
カモノハシ	12	12	10	11	10	
きんぎょ	12	12	15	14	13	14

でてきた  $\frac{\text{最小の数}}{2}$  を、枝の長さとして、  
次々に系統樹に書き足していく。

できた系統樹をみると、どの生物と  
どの生物がどういった関係にあるのか、  
また、いつごろ枝分かれしたのかを  
読み取ることができる。

- ・ヒトはたしかにサルに近い
- ・イルカは魚類ではなく、哺乳類の  
カバに近いグループの子孫である、  
など

