

祖先型遺伝子配列を推定して祖先型生物の性質を推定する

Speculating the characteristics of ancestral organisms by analyzing the inferred ancestral gene sequence

山岸 明彦[1]

Akihiko Yamagishi[1]

[1] 東薬大・生命

[1] Dep. Mol. Biol., Tokyo Univ. Pharm. Life Sci.

現存する生物の遺伝子配列をもとに分子系統樹を作成することから生物の進化の様子を知ることが出来るようになった。作成された分子進化系統樹をもとに過去の生物の持っていた遺伝子の配列を推定することができる。配列推定の信頼度は現存する生物の遺伝子に、どの程度過去の遺伝子の記録が残されているかによっている。全生物の共通の祖先の遺伝子配列を完全に推定することは難しいが、部分的にならばかなり正確に推定することができる。推定した遺伝子の部分配列を現存する生物の遺伝子に組み込んで遺伝子を作成した。その遺伝子からタンパク質を作成してその性質を調べることから、全生物の共通の祖先の性質を推定した。これまでに調べたいいくつかの遺伝子の結果は、全生物の共通の祖先は超好熱菌であることを支持している。