東北大学大学院生命科学研究科

生命科学セミナー

メダカをモデルとした遺伝・環境・エピゲノム統合解析基盤の構築



写真：基礎生物学研究所

講師

成瀬 清 先生

基礎生物学研究所
バイオリソース研究室
特別協力研究員



2026
12 / 11 金

13:30 - 14:30

講演言語：日本語

会場 **生命科学研究科 プロジェクト総合研究棟 1F講義室**
片平キャンパス D-4

講演要旨

メダカ（Oryzias latipes）は、脊椎動物における表現型可塑性および遺伝—環境相互作用（G×E）の解明に適したモデル生物である。本種は広範な温度耐性（4〜40 °C）や塩分適応能を示し、高い環境適応機構を備えるとともに、実験動物としての優れた操作性を有する。特に際立った近交弱勢耐性を活かし、単一の野生集団に由来する80系統からなる近交系パネル「Medaka Inbred Kiyosu Karlsruhe（MIKK）」が確立され、全系統の全ゲノム配列決定（WGS）が完了している。さらに、東アジア広域から40年以上にわたり収集・維持されてきた100系統以上の野生由来系統についても全ゲノム解読を完了した。野生由来系統は、系統内ホモ接合性の高さ（近交係数 F>0.75）と系統間の顕著な遺伝的多様性（SNP多型率 >4%）を併せ持ち、ゲノムワイド関連解析（GWAS）や量的形質遺伝子座（QTL）マッピングによる高精度な定量遺伝学的アプローチを可能にする。

加えて、高効率なCRISPR/Cas9ゲノム編集系および先端的エピゲノム解析技術の統合により、同定された候補多型や遺伝子制御ネットワークの機能実証・因果性検証が迅速に遂行できる。これら遺伝的多様性パネル、環境応答能、逆遺伝学的ツール群の融合は、遺伝型・環境因子・エピゲノム動態の包括的理解を可能にし、進化生物学、集団遺伝学、生物医学を架橋する強力な統合研究プラットフォームを提供する。

詳細・アクセス

https://is.gd/XrTBoj

お問い合わせ

東北大学大学院生命科学研究科 分子行動分野
竹内秀明
hideaki.takeuchi.a8@tohoku.ac.jp
022-217-6218