



集団遺伝学

遺伝子レベルでの進化メカニズムを理論的に解明する。

印南 秀樹 教授
Hideki Innan

研究キーワード

集団遺伝学, 理論, ゲノム進化

$$\begin{aligned}
 &= (p_1 - p_2) - 2p_1(1-p_1) - 2p_2(1-p_2) + 2p_1(1-p_2) - 2p_2(1-p_1) \\
 &= 2p_1(1-p_1) - 2p_2(1-p_2) + 2p_1(1-p_2) - 2p_2(1-p_1) \\
 &= 2p_1(1-p_1) - 2p_2(1-p_2) + 2p_1(1-p_2) - 2p_2(1-p_1) \\
 &= 2p_1(1-p_1) - 2p_2(1-p_2) + 2p_1(1-p_2) - 2p_2(1-p_1)
 \end{aligned}$$

経歴

東京大学理学系研究科で博士課程終了(1999年)。米国ロチェスター大、南カリフォルニア大で博士研究員を経て、2002年にテキサス大ヒューストン校で Assistant Professor。2006年から総合研究大学院大学助教授、2018年から現職。米国財団 Alfred P. Sloan Award、日本学術振興会賞、日本学士院奨励賞受賞。

所属学会

日本遺伝学会

志望者へメッセージ

集団遺伝学は、進化のメカニズムを理論的に考える分野です。数式を用いて進化の法則を記述したり、進化のプロセスを、コンピュータシミュレーションを用いて再現したりします。また、最近は機械学習なども取り入れて、推定や予測を試みています。これらの研究を通して、論理的に考える能力を養います。この能力は、集団遺伝学者になる為に必須であるだけでなく、その他の研究分野、更にはビジネスや、投資、賭博にも大切なものです。

E-mail

innan_hideki@soken.ac.jp

URL

https://sites.google.com/view/innanlab
https://researchmap.jp/hinnan

研究詳細QR

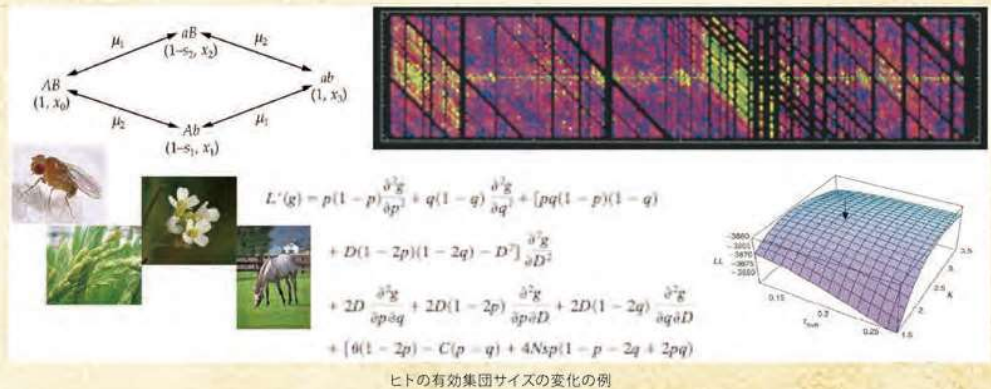


進化のメカニズムを遺伝学ベースに理論的に考えます。遺伝子が親から子に伝わる遺伝の法則は基本的に全生物で共通なため、汎用性の高い進化理論を構築することができます。その理論を様々なゲノムデータに適用することによって、実際にどのようにゲノムが進化をしているかを解明します。

特に、ダーウィンの言うような自然選択の力が、いつ、どこで(ゲノム中の)、どのように働いたか、そして、どのように現存する多様な生物種の形成に貢献したかを、明らかにしたいと考えています。



サラブレッドのゲノム研究 (プラストワンピース)



代表的な論文、著書等

- 1 Sakamoto, T., and H. Innan, (2019) The evolutionary dynamics of a genetic barrier to gene flow: from the establishment to the emergence of a peak of divergence. *Genetics* 212: 1383-1398. doi:10.1534/genetics.119.302311
- 2 Fawcett, J. A., and H. Innan (2016) High similarity between distantly related species of a plant SINE family is consistent with a scenario of vertical transmission without horizontal transfers. *Mol. Boil. Evol.* 33: 2593-2604 doi:10.1093/molbev/msw130
- 3 Innan, H., and F. Kondrashov, (2010) The evolution of gene duplications: classifying and distinguishing between models. *Nat. Rev. Genet.* 11: 97-108. doi:10.1038/nrg2689
- 4 Gao, L. Z., and H. Innan, (2004) Very low gene duplication rate in the yeast genome. *Science* 306:1367-1370. doi:10.1126/science.110 2033
- 5 Innan, H., (2003) A two-locus gene conversion model with selection and its application to the human RHCE and RHD genes. *PNAS.* 100: 8793-8798. doi:10.1073/pnas.1031592100