分子進化学・集団遺伝学・自然人類学

遺伝的多様性からヒトの進化を解明する。

五條堀 淳 准教授
Jun Gojobori

研究キーワード
ヒト、進化、適応、遺伝的多様性、集団史

ヒト(アフリカで出現して、世界中へ拡散する

経歴

東京大理学部生物学科人類学課程卒。米国シカゴ大学 Visiting Student を経て、東京大学大学院理学系研究科・生物科学専攻修了。
東京大学大学院理学系研究科、総合研究大学院大学・先導科学研究科でのポスドク、総合研究大学院大学・先導科学研究科・助教を経て2016年より現職。

所属学会

日本人類学会、日本遺伝学会、日本人類遺伝学会、日本進化学会、日本分子生物学会

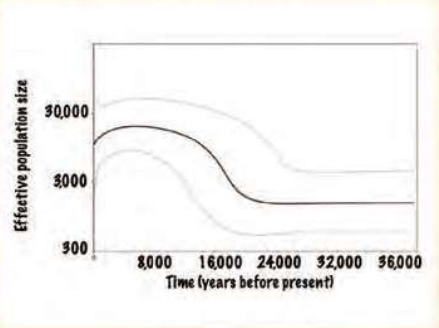
志望者へメッセージ

当研究室では、主にヒトを対象に分子進化学的手法と集団遺伝学的手法を用いて、その遺伝的多様性と成り立ちを研究しています。全ゲノム塩基配列決定から、確率・統計をベースにした進化の理論、コンピュータを使ったゲノム情報の扱いまで、研究に必要な様々な知識やテクニックを一緒に勉強しましょう。

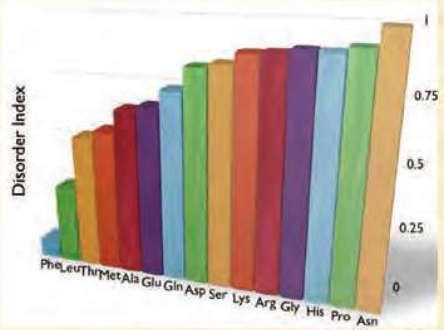
E-mail
gojobori_jun@soken.ac.jp
URL
http://researchmap.jp/jgojobor/

研究詳細 QR

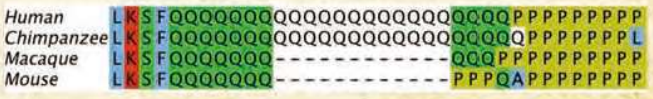
ヒトという種がどのように成り立ったのか？という疑問に対して、2つのアプローチを考えています。そのアプローチとは、「ヒトの種特異的形質の進化を理解する事」と、「アフリカに出現したヒトの世界への拡散の過程を理解する事」の2つです。これらの進化の過程を主に分子進化学的手法と集団遺伝学的手法を用いてDNAレベルで解析します。現在は遺伝子のモチーフの1つである単一アミノ酸リピートに着目して解析を行っています。単一アミノ酸リピートが原因となる遺伝病には、中枢神経系と骨格形成に病変が出るものが多く知られています。これらの病変はヒト特異的形質である脳の大容量化と直立2足歩行に関連する事から、単一アミノ酸リピートの進化がヒトの進化を理解するカギになりうると期待しています。また、日本国内や国外で様々な現代病を含む遺伝病の原因遺伝子のマーカーを探索するプロジェクトが進行中ですが、そこから生まれる大量のヒト遺伝的多型のデータを活用する事で、医学的データの人類進化学への還元を目指します。



ヒトの有効集団サイズの変化の例



単一アミノ酸リピートの不確定領域のなりやすさ



単一アミノ酸リピートの例

代表的な論文、著書等

❶ Kumiko V Nishiyama,Yoko Satta, Jun Gojobori (2020) Do Genes Associated with Dyslexia of Chinese Characters Evolve Neutrally? ***Genes*** 11(6), article # 658:1-17. doi: 10.3390/genes11060658

❷ Shigeru Saito, Gen Hamanaka, Narudo Kawai, Ryohei Furukawa, Jun Gojobori, Makoto Tominaga, Hiroyuki Kaneko, Yoko Satta (2017) Characterization of TRPA channels in the starfish Patiria pectinifera: involvement of thermally activated TRPA1 in thermotaxis in marine planktonic larvae ***Scientific Reports*** 7(1), article # 2173. doi: 10.1038/s41598-017-02171-8

❸ Jun Gojobori, Fuzuki Mizuno, Li Wang, Keisuke Onishi, Julio Granados, Celta Gomez-Trejo, Vctor Acuna-Alonzo, Shintaroh Ueda (2015) mtDNA diversity of the Zapotec in Mexico suggests a population decline long before the first contact with Europeans ***Journal of Human Genetics*** 60(9): 557-559. doi: 10.1038/jhg.2015.55

❹ Fuzuki Mizuno, Jun Gojobori, Li Wang, Keisuke Onishi, Saburo Sugiyama, Julio Granados, Celta Gomez-Trejo, Victor Acuna-Alonzo, Shintaroh Ueda (2014) Complete mitogenome analysis of indigenous populations in Mexico: its relevance for the origin of Mesoamericans ***Journal of Human Genetics*** 59(7): 359-367. doi: 10.1038/jhg.2014.35

❺ Jun Gojobori (2012) A commentary on the history of human populations in the Japanese Archipelago inferred from genome-wide SNP data with a special reference to the Ainu and the Ryukyuan populations ***Journal of Human Genetics*** 57(12): 753-754. doi: 10.1038/jhg.2012.121