



# ゲノム集団遺伝学・生理進化学

食べ物と消化酵素の進化、毒物と解毒遺伝子の進化、社会性と精神疾患関連遺伝子の進化など、ヒトのゲノム進化は人の文化や社会により駆動されている。

颯田 葉子 教授  
Yoko Satta

## 研究キーワード

1000人ゲノムデータベース、出アフリカ、人類進化、乳糖分解酵素活性持続、チトクロームP450、精神疾患



時間・空間とゲノムの相互作用

## 経歴

学位取得後、免疫に関与する遺伝子の分子進化の研究を遂行した。その過程で、環境とゲノムの関わりについて興味を持ち、特に人の文化や社会がヒトのゲノムの進化に及ぼす影響に興味を持つようになった。現在は、食物、毒物、文化変容がヒトのゲノム進化に与えた影響に興味を持って研究を進めている。

## 所属学会

日本遺伝学会、日本進化学会、日本人類学会、日本霊長類学会、日本分子生物学会、日本免疫学会、Society of Molecular Biology and Evolution

## 志望者へメッセージ

ヒトの様々な民族のゲノムや古代ゲノムデータが入手可能であり、その進化を解析するために必要な方法が多数開発されている。材料と方法は揃っている。それらを使って、“どんな問い”を発することができかが、研究のキーになる。面白い問題と一緒に見つけ、その謎をといていきましょう。

## E-mail

satta@soken.ac.jp

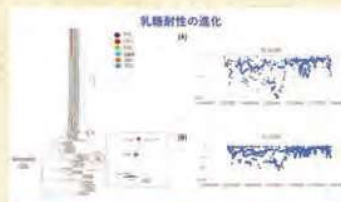
## URL

https://sites.google.com/site/sattalab

## 研究詳細QR



約6万年前の出アフリカ以後、世界に拡散した現生人類ホモ・サピエンスは多様な外的環境に適応するとともに、地域特異的な文化を発展させました。乳糖分解酵素や統合失調症関連遺伝子に見られるように、自ら生み出した文化という強い「内的環境」は、自然選択の新たな原因となり、類例を見ない進化をヒトゲノムに引き起こしました。このことは逆に、ゲノムに刻まれた自然選択のシグナルから、“文化駆動的”な進化(文化が自然選択圧となる進化)の痕跡を検出し得ることことを示しています。この痕跡を検出するために、(1)代謝酵素遺伝子群、(2)解毒酵素遺伝子群、(3)精神疾患関連遺伝子群の3つに焦点を当てて、進化学的な研究を進めています。特に解毒酵素遺伝子群の変異は、現代の生活では欠かせない香辛料やコーヒなどの嗜好品の代謝や、薬の代謝速度にも大きく関わってきています。この様な遺伝子群の歴史を明らかにすることは、我々の存在そのものを問うことにもつながっていきます。



乳糖分解酵素が成人になっても作られる変異 (TA) がどの様にして生れてきたかを示しています(左の図)。赤とオレンジで示した点はそれぞれ TA の T と A ですが、これらの変異が自然選択の標的になっていることを示しています(右の図)。



世界各地での4種類のプロモータータイプの頻度を示しています。CGCタイプが東アジアに多いことがわかります。このCGCと非CGCタイプの系統関係は右の図のようになっており、CGCタイプに自然選択が働いていることを示しています。



様々な動物種の解毒酵素遺伝子チトクロームP450のDタイプの系統関係を示しています。基本的に、CYP1からCYP4の4つのグループに分かれます。

## 代表的な論文、著書等

- 1 Fujito NT, Y. Satta, M. Hane, A. Matsui, K. Yashima, K. Kitajima, C. Sato, N. Takahata, T. Hayakawa, (2018) Positive selection on schizophrenia-associated ST8SIA2 gene in post-glacial Asia. *PLoS ONE* 13(7): e0200278. doi: 10.1371/journal.pone.0200278
- 2 Satta Y, W. Zheng, KV, Nishiyama, RL, Iwasaki, T. Hayakawa, NT. Fujito, N. Takahata, (2019) Two-dimensional site frequency spectrum for detecting, classifying and dating incomplete selective sweeps. *Genes and Genetic Systems*. 94:283-300. doi: 10.1266/ggs.19-00012
- 3 Satta Y, N. Takahata, (2020) Population genomics on the origin of lactase persistence in Europe and South Asia. *BioRxiv*. doi: 10.1101/2020.06.30.179432 Archivio (in press)
- 4 Iwasaki RL, K. Ishiya, H. Kanzawa-Kiriyama, Y. Kawai, J. Gojobori, Y. Satta, (2020) Evolutionary History of the Risk of SNPs for Diffuse-Type Gastric Cancer in the Japanese Population. *Genes*, 11(7), 775. doi: 10.3390/genes11070775
- 5 Lau Q, T. Igawa, H. Ogino, Y. Katsura, T. Ikemura, Y. Satta, (2020) Heterogeneity of synonymous substitution rates in the *Xenopus* frog genome. *PLoS ONE* 15(8): e0236515. doi: 10.1371/journal.pone.0236515.