

平成 22 年 4 月 16 日現在

研究種目：若手研究（A）

研究期間：2007～2010

課題番号：19681020

研究課題名（和文） 遺伝子重複による新規機能獲得遺伝子の同定

研究課題名（英文） Detecting neofunctionalized genes

研究代表者 印南 秀樹

（総合研究大学院大学・葉山高等研究センター・准教授）

研究者番号：90444140

研究分野：複合新領域

科研費の分科・細目：基礎ゲノム科学

キーワード：ゲノム進化・再編

1. 研究計画の概要

本研究の目的は、ゲノムが遺伝子重複により新規機能遺伝子を獲得するときの、進化メカニズムの一般的法則を理解することにある。そして、その結果をもとに、新規機能遺伝子をゲノム中から探し出し、それらに対して集団遺伝及び分子進化解析を行うことにより、ゲノム進化のメカニズムの解明を目指す。

2. 研究の進捗状況

提案したモデリング及び理論解析は終了した。現在、その応用段階にある。

3. 現在までの達成度

②おおむね順調に進展している。

（理由）

当初の計画が十分に練られたものであったため、おおむね順調である。期待通りの成果も上がりつつある。

4. 今後の研究の推進方策

今後も予定通りに行い、最終的に100%の達成度に達する。

5. 代表的な研究成果

（研究代表者、研究分担者及び連携研究者には下線）

〔雑誌論文〕（計21件）全て査読有り

1. Takuno, S., and H. Innan, 2008. Evolution of complexity in miRNA mediated gene regulation systems. Trends in Genet. 24: 57-59.

2. Takahasi, K., and H. Innan, 2008. Inferring the process of human-chimpanzee speciation. Encyclopedia of Life Sciences.
3. Teshima, KM., and H. Innan, 2008. Neofunctionalization of duplicated genes under the pressure of gene conversion. Genetics 178: 1385-1398.
4. Gao, L.-z., and H. Innan, 2008. Non-independent domestication of the two rice subspecies, *Oryza sativa* subsp. *indica* and subsp. *japonica*, demonstrated by multilocus microsatellites. Genetics 179: 965-976.
5. Than, C., R. Sugino, H. Innan, and L. Nakhleh, 2008. Efficient inference of bacterial strain tree from genome-scale multi-locus data. Bioinformatics 24:i123-i131.
6. Takahasi, K. R., and H. Innan, 2008. The direction of linkage disequilibrium: a new measure based on ancestral-derived status of segregating alleles. Genetics 179: 1705-1712.
7. Innan, H., and Y. Kim, 2008. Detecting local adaptation using the joint sampling of polymorphism data in the parental and derived populations. Genetics 179: 1713-1720.
8. Mano, S., and H. Innan, 2008. The Evolutionary Rate of Duplicated Genes under Concerted Evolution. Genetics 180: 493-505.
9. Takuno, S., T. Nishio, Y. Satta and H.

- Innan, 2008. Preservation of a pseudogene by gene conversion and diversifying selection. *Genetics* 180: 517-531.
10. Osada, N., and H. Innan, 2008. Duplication and gene conversion in the *Drosophila melanogaster* genome. *PLoS Genet.* 4: e1000305.
 11. Takahashi, Y., K. M. Teshima, S. Yokoi, H. Innan and K. Shimamoto, 2009. Variations in *Hd1* proteins, *Hd3a* promoters, and *Ehd1* expression levels contribute to diversity of flowering time in cultivated rice. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA.* 106:4555-4560.
 12. Gojobori, J., and H. Innan, 2009. Potential of fish opsin gene duplications to evolve new adaptive functions. *Trends Genet.* 25:198-202.
 13. Teshima, K. M., and H. Innan, 2009. mbs: modifying Hudson's ms software to generate samples of DNA sequences with a biallelic site under selection. *BMC Bioinformatics* 10: 166.
 14. Innan, H., 2009. Population genetic models of duplicated genes. *Genetica* 137:19-37.
 15. Nakhleh, L., D. Ruths, and H. Innan, 2009. Gene trees, species trees, and species networks. In "Meta-analysis and Combining Information in Genetics", edited by R. Guerra and D. Allison. Chapman & Hall.
 16. Takuno, S., and H. Innan, 2009. Selection to maintain paralogous amino acid differences under the pressure of gene conversion in the heat shock protein genes in yeast. *Mol. Biol. Evol.* 26: 2655-2659.
 17. Innan, H., and F. Kondrashov, 2010. The evolution of gene duplications: classifying and distinguishing between models. *Nat. Rev. Genet.* 11: 97-108.
 18. Hiwatashi, T., Okabe, H., Tsutsui, T., Hiramatsu, C., Melin, A. D., Oota, H., Schaffner, C. M., Aureli, F., Fedigan, L. M., Innan, H., and S. Kawamura, 2010. An explicit signature of balancing selection for color vision variation in New World Monkeys. *Mol. Biol. Evol.* 27: 453-464.
 19. Mansai, S. P., and H. Innan, 2010. The power of the methods for detecting interlocus gene conversion. *Genetics* 184: 517-527.
 20. Arguello, J. R., Zhang, Y., Kado, T., Fan, C., Zhao, R., Innan, H., Wang, W., Long, M., 2010. Recombination yet inefficient selection along the *Drosophila melanogaster* subgroup's fourth chromosome. *Mol. Biol. Evol.* 27: 848-861.
 21. Kijima, T. E., and H. Innan, 2010. On the estimation of the insertion time of LTR retrotransposable elements. *Mol. Bio. Evol.* 27:896-904.
- [学会発表] (計 9 件)
1. 手島 康介、印南 秀樹、自然選択の影響を受けた DNA 配列を生成する Coalescent シミュレーションプログラムの開発、遺伝学会、2009/9/17、信州大学
 2. 五條堀 淳、印南 秀樹、硬骨魚におけるオプシン遺伝子の重複とその適応的役割、遺伝学会、2009/0/17、信州大学
 3. 木島 隆之、印南 秀樹、LTR レトロトランスポゾンの転移時期の推定に対する遺伝子変換の影響、遺伝学会、2009/9/17、信州大学
 4. 角 友之、印南 秀樹、交叉と遺伝子変換による組換え率の推定法、遺伝学会、2009/9/18、信州大学
 5. 萬歳 明香、印南 秀樹、遺伝子変換の検出方法の比較、遺伝学会、2009/9/18、信州大学
 6. Innan, H., K. Teshima, N. Osada、Signature of neofunctionalization of duplicated genes under the pressure of gene conversion、SMBE, 2008/6/6, Barcelona
 7. Innan, H., Coevolution of duplicated genes. BGRS, 2008/6/25, Novosibirsk, Russia
 8. Innan, H., Detecting gene conversion between duplicated genes. PAG 2009, 2009/1/10, San Diego
 9. 印南 秀樹、相互作用のあるときの 2 遺伝子座モデルとその応用、遺伝学会、2008/9/4、名古屋大学
- [その他]
ホームページ
<http://www.sendou.soken.ac.jp/esb/innan/InnanLab/>