

ゲノムと進化

森下 真一

東京大学 大学院新域創成科学研究科
情報生命科学専攻

理学部 生物情報科学科

「※:このマークが付してある著作物は、第三者が有する著作物ですので、同著作物の再使用、同著作物の二次的著作物の創作等については、著作権者より直接使用許諾を得る必要があります。」

様々な階層でおこる進化

- 塩基の置換、挿入、削除
ダーウィンの自然選択説
木村の中立説
- 領域の挿入、削除
トランスポゾン
- 全ゲノム重複
染色体の再編成
- 例：HOX遺伝子
体節構造を誘導する転写因子
- 哺乳類では4つのクラスターが存在

著作権の都合により、
ここに挿入されていた画像を削除しました。

Molecular Biology of the Cell - Fifth Edition
Garland Science (2008)
Figure 22-46

	HOX A1										
ヒト	GACAATGCAAGAATGA	ACTCCTTCTGGAATACCC	-	-	-	CATA					
チンパンジ	GACAATGCAAGAATGA	ACTCCTTCTGGAATACCC	-	-	-	CATA					
マウス	GACAATGCAAGAATGA	ACTCCTTTCTGGAATACCC	-	-	-	CAT	C				
ラット	GACAATGCAAGAATGA	ACTCCTTTCTGGAATACCC	-	-	-	CAT	C				
イヌ	GACAATGCAAGAATGA	GCTCCTTCTGGAATACCC	-	-	-	CAT	C				
ニワトリ	GACAAT	ACTAGGATGA	ACTCCTTCTT	AGAGTAT	GC	-	-	-	AATT	T	
ミドリフグ	-ACAATGC	CACAATGA	GCA	AGCTTCTT	AGATTACTC	-	-	-	TGTG		
ゼブラフィッシュ	GA	AGATGACACAATGA	GCA	CA	TTCTT	AGATT	TTT	TCGTCC	CATA		
翻訳 ●————→											
mRNA中は T は U	同義的置換		Met	Asn	Ser	Phe	Leu	Glu	Tyr	Pro	Ile
			ATGA	ACTCCTTCTGGAATACCC						ATA	
						AGCTTTT	AGAGTAT			ATC	
	非同義的置換										ATT
			Ser	Thr			Asp	Phe		Val	
			AGC	ACA			GAT	TTT			GTG

† Kasahara and Morishita , 2006, Large-scale Genome Sequence Processing, Imperial College Press, p.246.

❖ Kasahara and
 Morishita, 2006,
 Large-scale Genome
 Sequence Processing,
 Imperial College
 Press, p.246.

- 有害な変異は自然選択により除去される（ダーウィンの自然選択説 1859年）
- DNAには生存にとって有利な変異だけが残るのではなく、むしろ影響のない中立的な変異が支配的 中立説（木村資生(もとお) 1968年）

HOX A1

ヒト	GACAATGCAAGAATGAAC	TCCTTCCTGGAATACCC	- - - CATA
チンパンジ	GACAATGCAAGAATGAAC	TCCTTCCTGGAATACCC	- - - CATA
マウス	GACAATGCAAGAATGAAC	TCCTTTCTGGAATACCC	- - - CATC
ラット	GACAATGCAAGAATGAAC	TCCTTTCTGGAATACCC	- - - CATC
イヌ	GACAATGCAAGAATGA	GCTCCTTCCTGGAATACCC	- - - CATC
ニワトリ	GACAATACTAGGATGAAC	TCCTTCTTAGAGTATGC	- - - AATT
ミドリフグ	-ACAATGCCACAATGAG	CAGCTTCCTTAGATTACTC	- - - TGTG
ゼブラフィッシュ	GAAGATGACACAATGAG	CACATTCTTAGATTTCGTCC	CATA

翻訳 ● →

ヒト	GACAATGCAAGAATGAAC	TCCTTCCTGGAATACCC	- - - CATA
ゼブラフィッシュ	GAAGATGACACAATGAG	CACATTCTTAGATTTCGTCC	CATA
フグ	-ACAATGCCACAATGAG	CAGCTTCCTTAGATTACTC	- - - TGTG
ゼブラフィッシュ	GAAGATGACACAATGAG	CACATTCTTAGATTTCGTCC	CATA

化石記録と分子時計

1962年

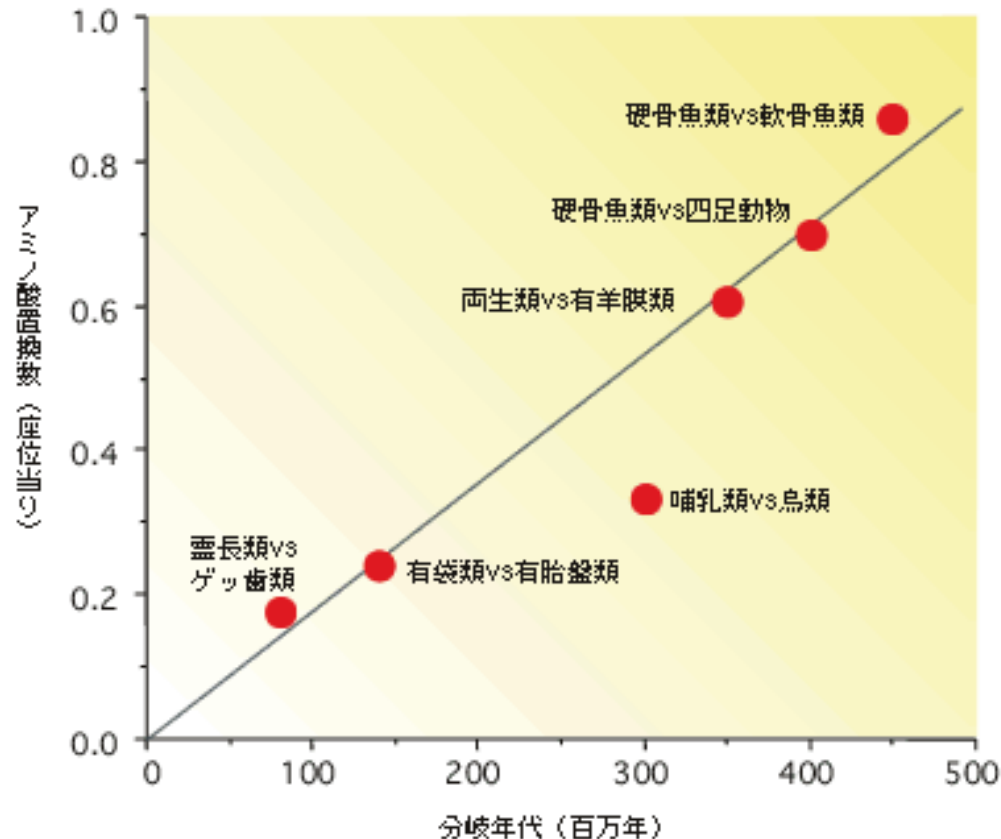
ポーリング ズッカーカンドル

- ヘモグロビン α 鎖中の141個の
アミノ酸の置換数を調査
- 化石から分かる分岐時期と置換率は
高く相関
- 置換速度はほぼ一定であることを
示唆
⇒置換率から分岐年代を測定

現在の解釈では。。

- 分子時計は必ずしも正確でない
- 系統によって変異の速度は変動し、
一定ではないため

	ゴリラ	ウマ	イヌ	イモリ	コイ
ヒト	1	18	23	62	68



宮田隆先生「進化の話」より

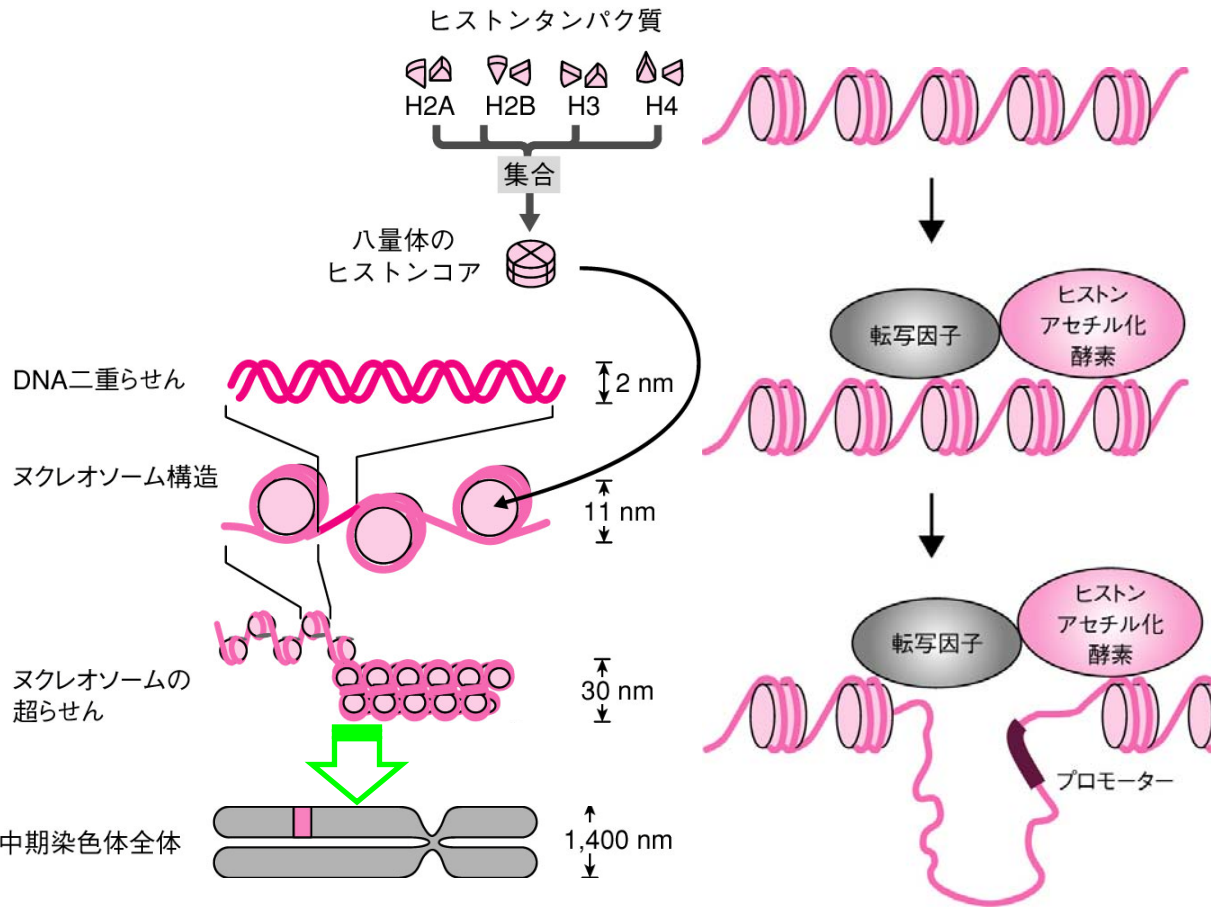


<http://www.brh.co.jp/katari/shinka/shinka09.html>

ミトコンドリアDNAの利用

- ほとんど母系由来 家系をたどりやすい (※ 父系由来もある)
- 総塩基数 約16,500個
- ヒトとチンパンジ (約500万年前に分岐)
ミトコンドリアDNAの遺伝子上で約9%のちがい
(核DNAの遺伝子上では約1%)
数万年スケールの分岐年代測定に威力
- 1987年 アラン・ウィルソン
147人のミトコンドリアの系統樹
14ー29万年前のアフリカ女性が祖先 (ミトコンドリア・イブ説)
- 1991年 アルプスで発見された約5000年前のミイラ
(アイスマン)

クロマチン構造，転写，進化



ヒストンH3 N-ARTKQTARK[●]STGGK[●]APRK[●]QLATK[●]AARK[●]SAP.....-C

2 4 9 10 14 17 18 23 26 27 28

ヒストンH4 N-[○]SGRGK[○]GGK[○]GLGK[○]GGAK[○]RHRK[○]VLRDNIQG.....-C

1 3 5 8 12 16 20

ヒストンH2A N-[○]S.....K[○].....K[○].....^UK.....-C

1 5 9 119

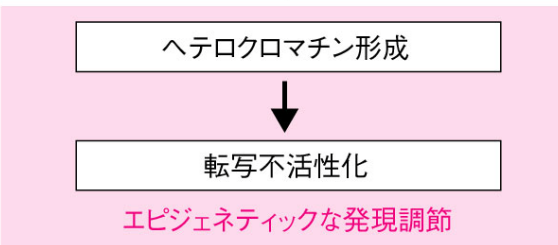
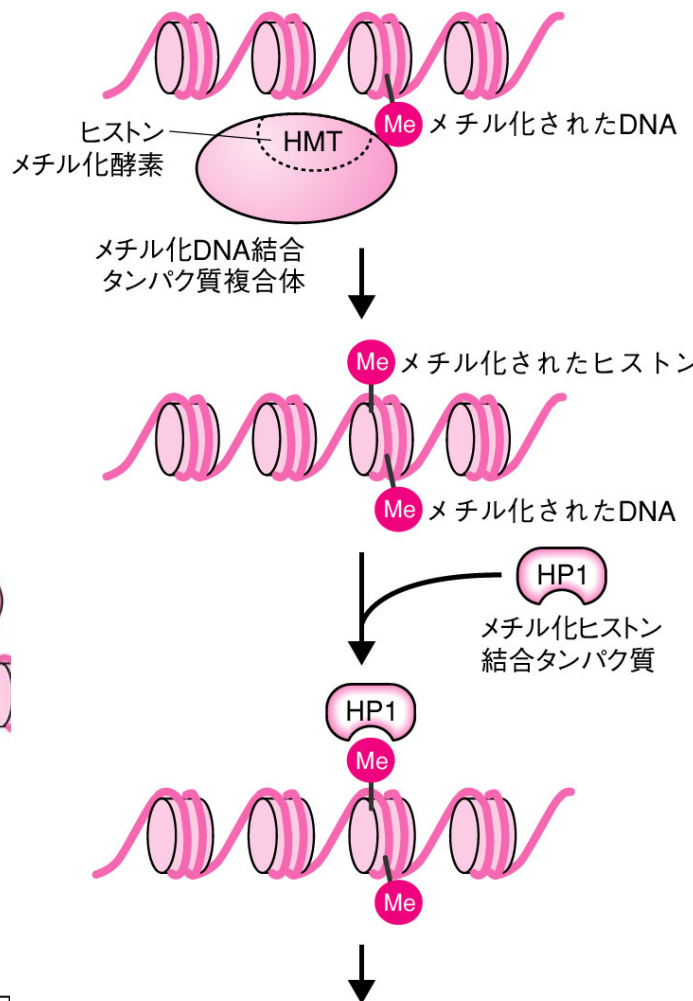
ヒストンH2B N-.....K[○].....K[○].....K[○].....^UK.....-C

5 12 15 20 120

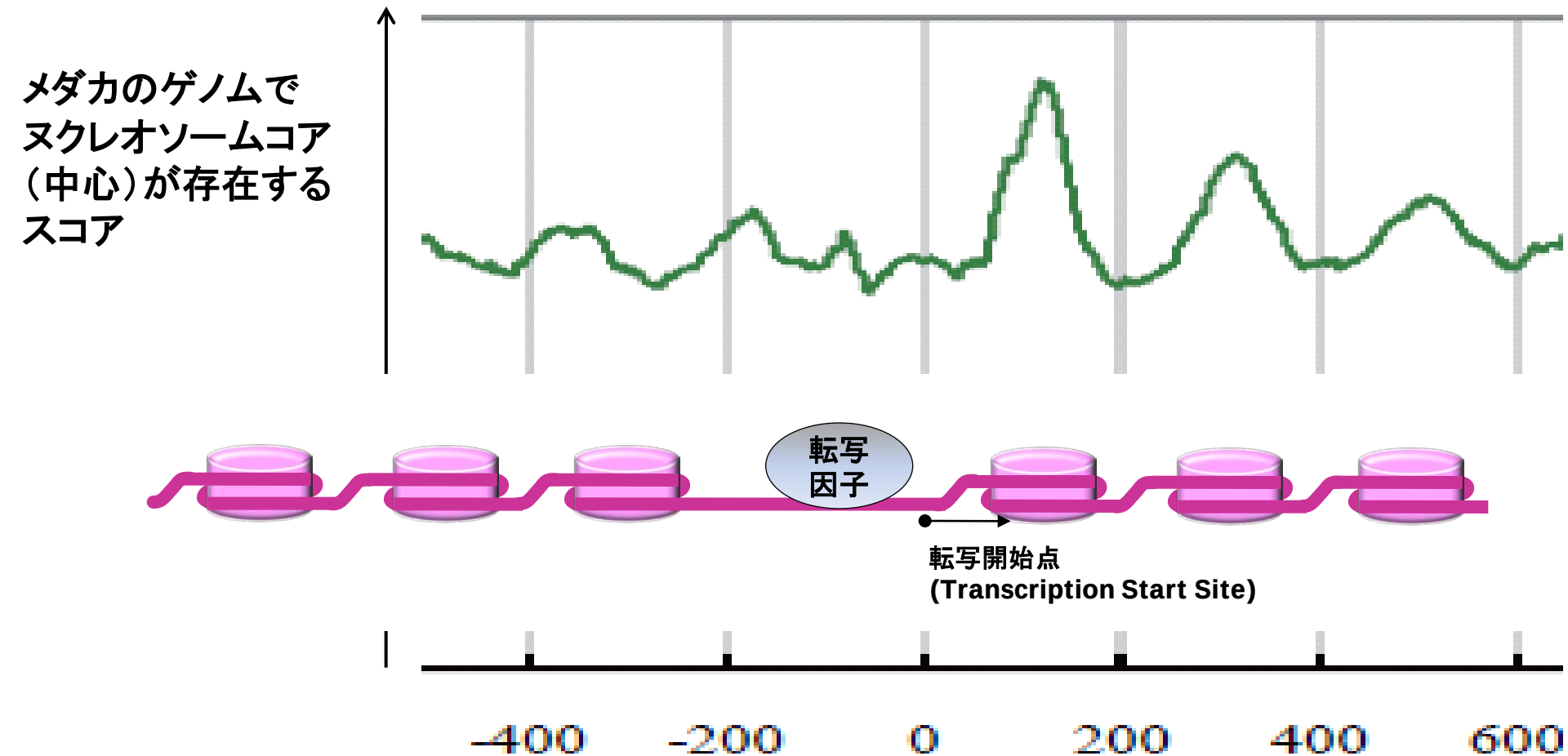
K: リシン
R: アルギニン
S: セリン

●: メチル化
○: アセチル化
○: リン酸化
U: ユビキチン化

DNAのメチル化とエピジェネティクス



クロマチン構造, 転写, 進化

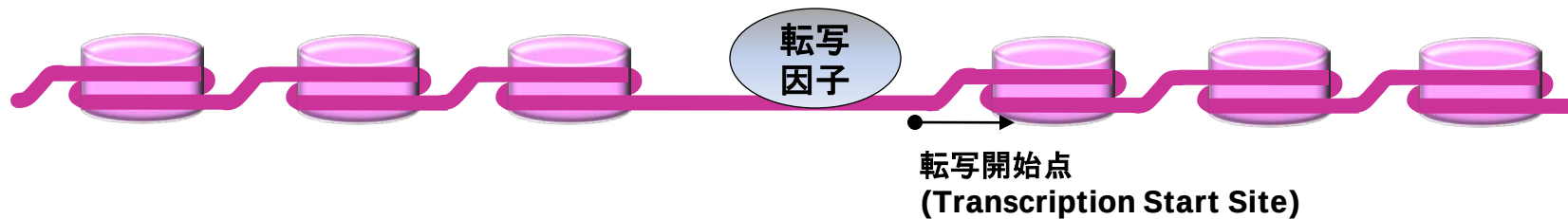


クロマチン構造, 転写, 進化

2種類のメダカ
のゲノムを比較

3.0%
2.5%
2.0%

塩基置換率



挿入削除率

0.5%
0.0%

>1bp indel
1bp indel

-400 -200 0 200 400 600



古生代 Paleozoic						中生代 Mesozoic			新生代 Cenozoic
カンブリア紀	オルドビス紀	シルル紀	デボン紀	石炭紀	ペルム紀	三畳紀	ジュラ紀	白亜紀	パレオセン ネオセン

500 400 300 200 100 0

百万年前
millions of years ago

重複による進化

大野 乾(すすむ)

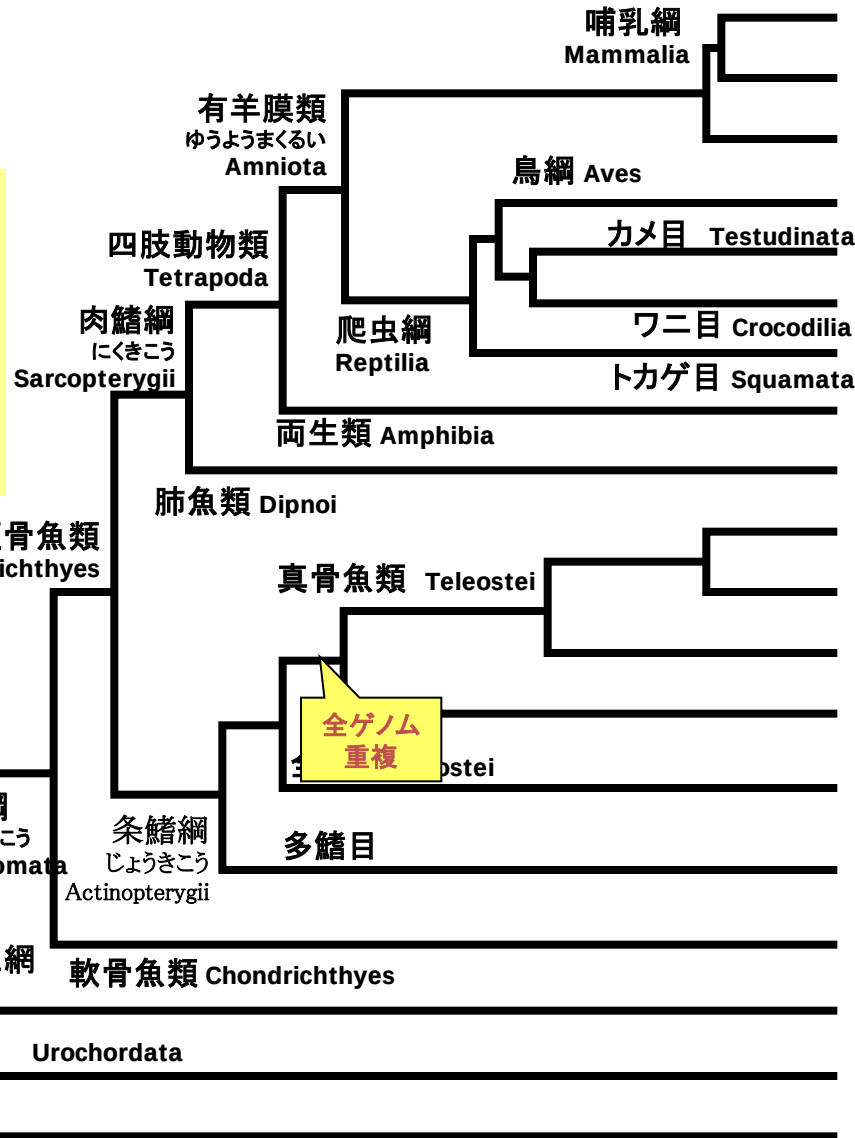
*Evolution by
Gene Duplication*
1970

Enrichment of genes
Neo-functionalization
Sub-functionalization
Mostly functionless
due to mutations

全ゲノム
重複

全ゲノム
重複

全ゲノム
重複



ヒト, チンパンジー

マウス, ラット

犬

ニワトリ

カメ

ワニ

トカゲ, ヘビ

カエル

シーラカンス, 肺魚

トラフグ

ミドリフグ

メダカ

ゼブラフィッシュ

チョウザメ, ガーボウフィン

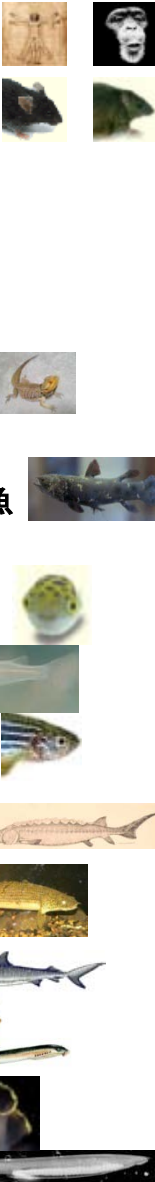
ポリプテレス

サメ, エイ

ヤツメウナギ

ホヤ

ナメクジウオ



古生代 Paleozoic						中生代 Mesozoic			新生代 Cenozoic
カンブリア紀	オルドビス紀	シルル紀	デボン紀	石炭紀	ペルム紀	三畳紀	ジュラ紀	白亜紀	パレオ オ ジ ン

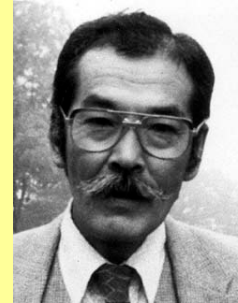
500 400 300 200 100 0

百万年前
millions of years ago

重複による進化

大野 乾(すすむ)

*Evolution by
Gene Duplication*
1970



Enrichment of genes
Neo-functionalization
Sub-functionalization
Mostly functionless
due to mutations

全ゲノム
重複

全ゲノム
重複

脊椎動物
Vertebrata

顎口上綱
がっこうじょう
Gnathostomata

無顎口上綱
Agnatha

尾索動物、被囊類
ひのうし

頭索動物 Cephalochordata

著作権の都合により、
ここに挿入されていた画像を削除しました。

Molecular Biology of the Cell - Fifth Edition
Garland Science (2008)
Figure 22-46

ヒト, チンパンジ



マウス、ラット



犬



ニワトリ



カメ



ワニ



トカゲ、ヘビ



カエル



シーラカンス, 肺魚



トラフグ



ミドリフグ



メダカ



ゼブラフィッシュ



チョウザメ, ガー
ボウフィン



ポリプテレス



サメ, エイ



ヤツメウナギ



ホヤ

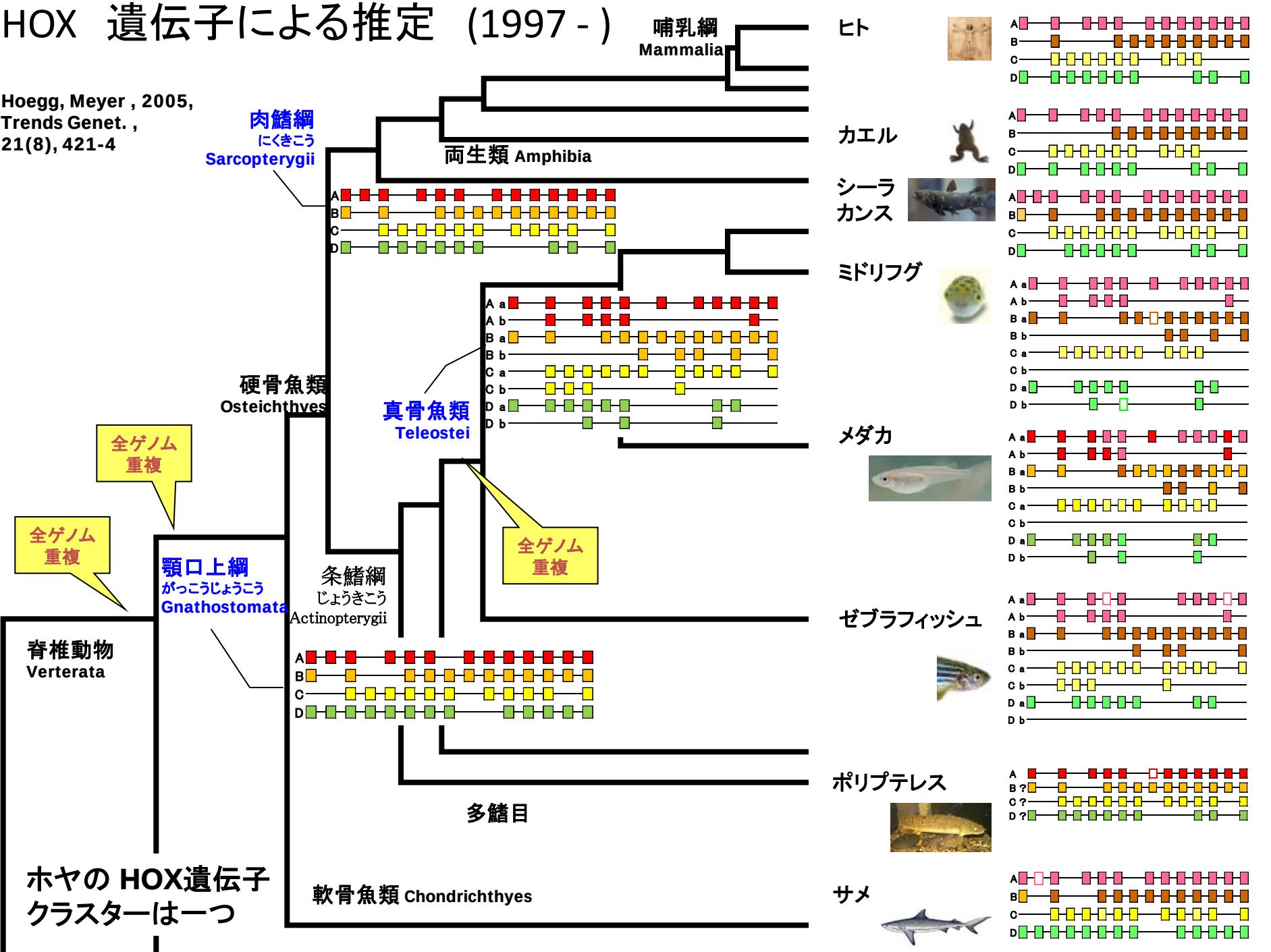


ナメクジウオ



HOX 遺伝子による推定 (1997 -)

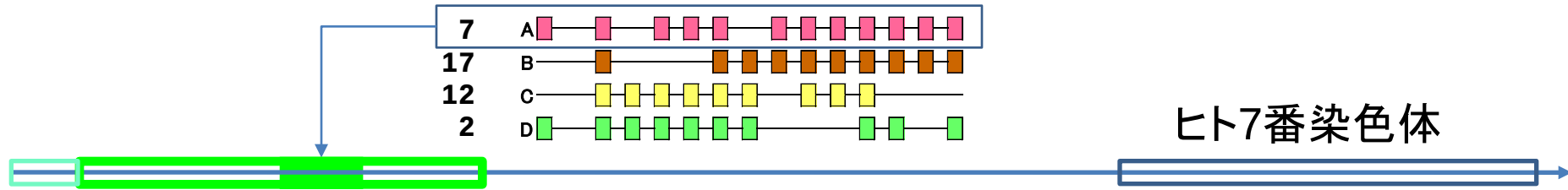
Hoegg, Meyer , 2005,
Trends Genet. ,
21(8), 421-4



全ゲノム重複を立証できるか？

- ヒトゲノムでHOX遺伝子がクラスター化している領域は 30万塩基対 以下
- ヒトゲノム全体（約30億塩基対）の
数百分の1
- ゲノム全体を比較

脊椎動物祖先での2回の全ゲノム重複の痕跡を探す



ヒト7番染色体上の遺伝子と配列が類似する遺伝子
(パラログ)を各染色体中で探し、点を打った図

著作権の都合により、
ここに挿入されていた画像を削除しました。

Nakatani et al., 2007 , Genome Res., 17, 1254-1265
supplemental research data

著作権の都合により、
ここに挿入されていた画像を削除しました。

Nakatani et al., 2007 , Genome Res., 17,
1254-1265
supplemental research data

著作権の都合により、
ここに挿入されていた画像を削除しました。

Nakatani et al., 2007 , Genome Res., 17,
1254-1265
supplemental research data

ヒト7番染色体上の遺伝子と配列が類似するメダカの遺伝子
(オルソログ)を各染色体中で探し、点を打った図

著作権の都合により、ここに挿入されていた画像を削除しました。

Nakatani et al., 2007,
Genome Res., 17, 1254-1265
Figure4

脊椎動物
Vertebrata
(10本)

Kasaahra M et al. *Nature* 447, 714-719 (2007)
Nakatani Y et al. *Genome Res* 17(9), 1254-1265 (2007).

顎口上綱
がっこうじょうこう
Gnathostomata
(40本)

硬骨魚類
Osteichthyes
(31本)

有羊膜類
ゆうようまくるい
Amniota
(26本)

全ゲノム
重複

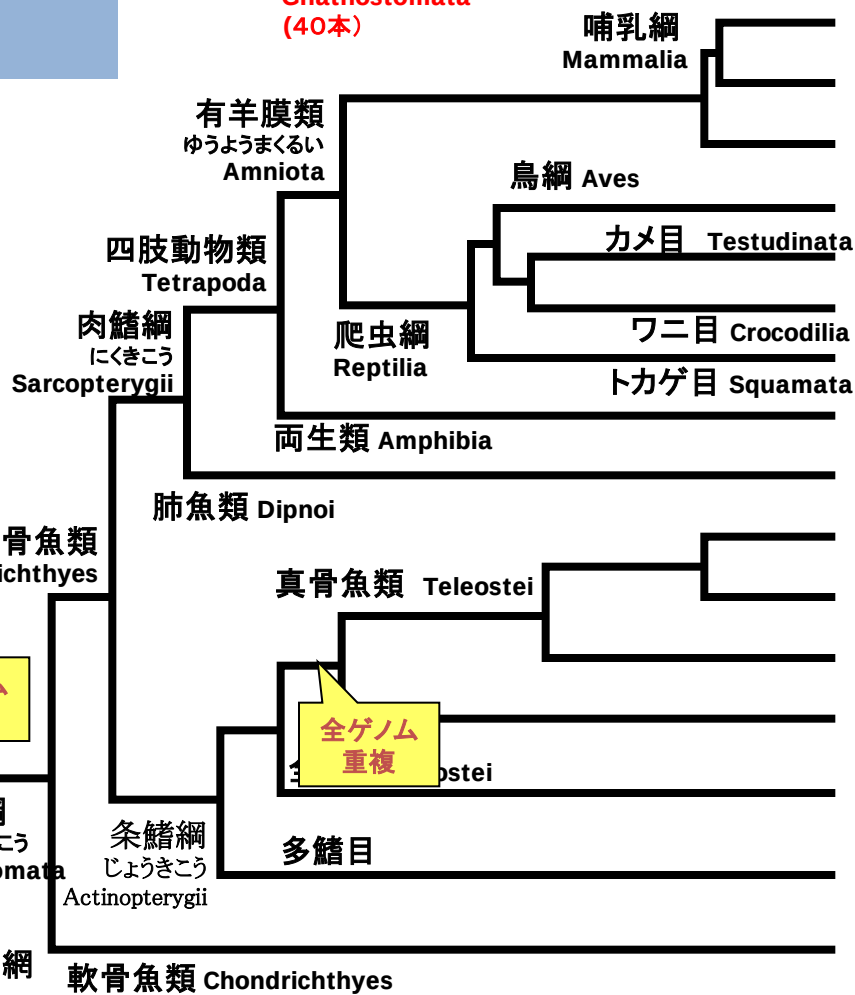
全ゲノム
重複

全ゲノム
重複

脊索動物
Chordata

尾索動物、被嚢類ひのうい Urochordata

頭索動物 Cephalochordata



ヒト, チンパンジ

マウス, ラット

犬

ニワトリ

カメ

ワニ

トカゲ, ヘビ

カエル

シーラカンス, 肺魚

トラフグ

ミドリフグ

メダカ

ゼブラフィッシュ

チョウザメ, ガー,
ボウフィン

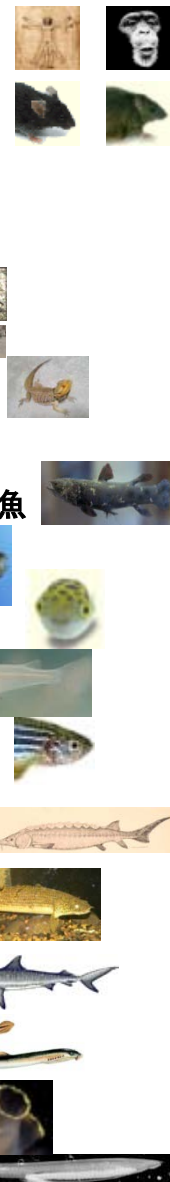
ポリプテレス

サメ, エイ

ヤツメウナギ

ホヤ

ナメクジウオ

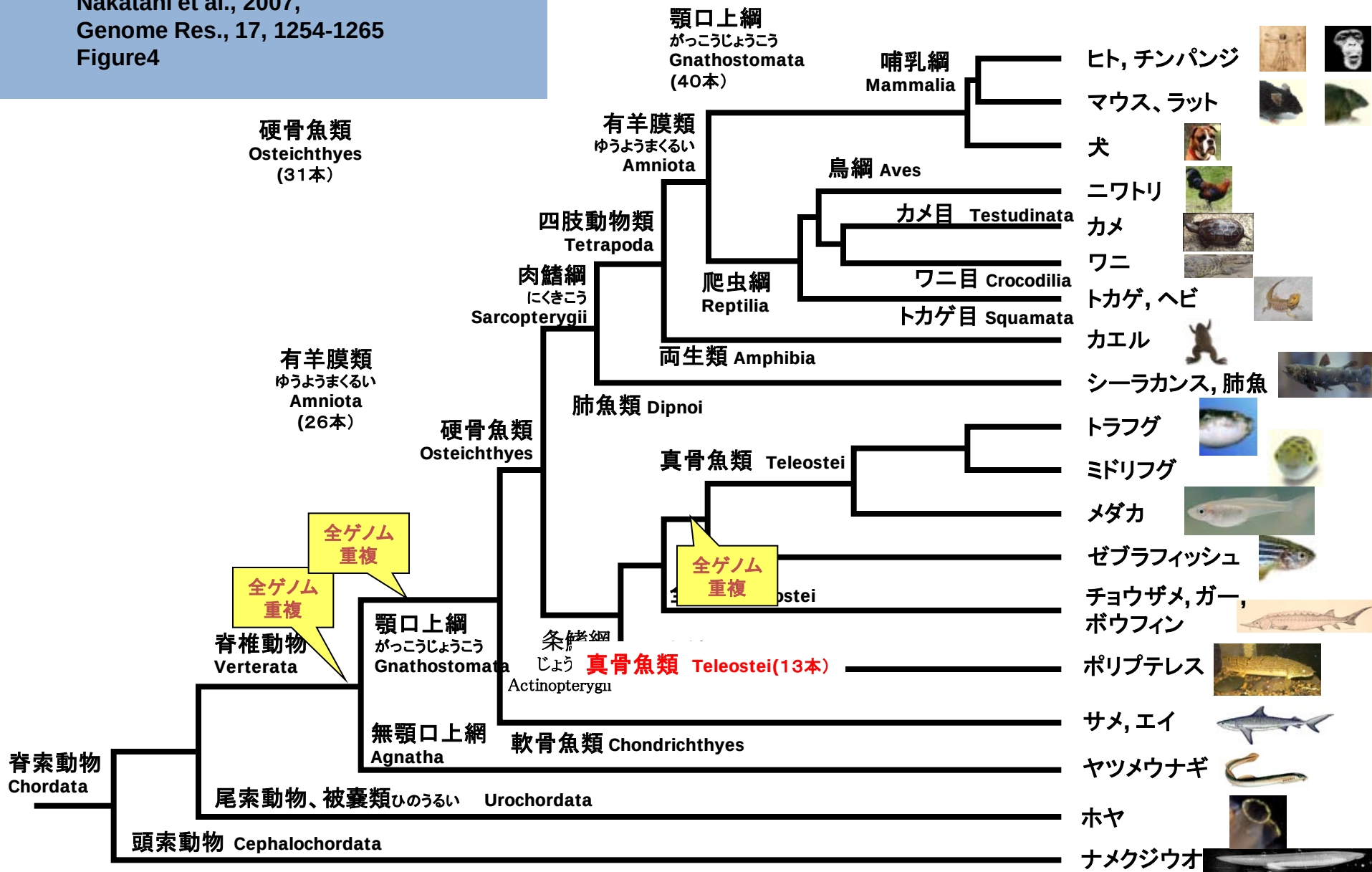


著作権の都合により、ここに挿入されていた画像を削除しました。

Nakatani et al., 2007,
Genome Res., 17, 1254-1265
Figure4

脊椎動物
Vertebrata
(10本)

Kasaahra M et al. *Nature* 447, 714-719 (2007)
Nakatani Y et al. *Genome Res* 17(9), 1254-1265 (2007).



著作権の都合により、ここに挿入されていた画像を削除しました。

**Molecular Biology of the Cell - Fifth Edition
Garland Science (2008)
Figure 4-14**

学術俯瞰講義
「いのち」のシステムを解き明かす

ゲノムと進化

～人類への道～

斎藤 成也

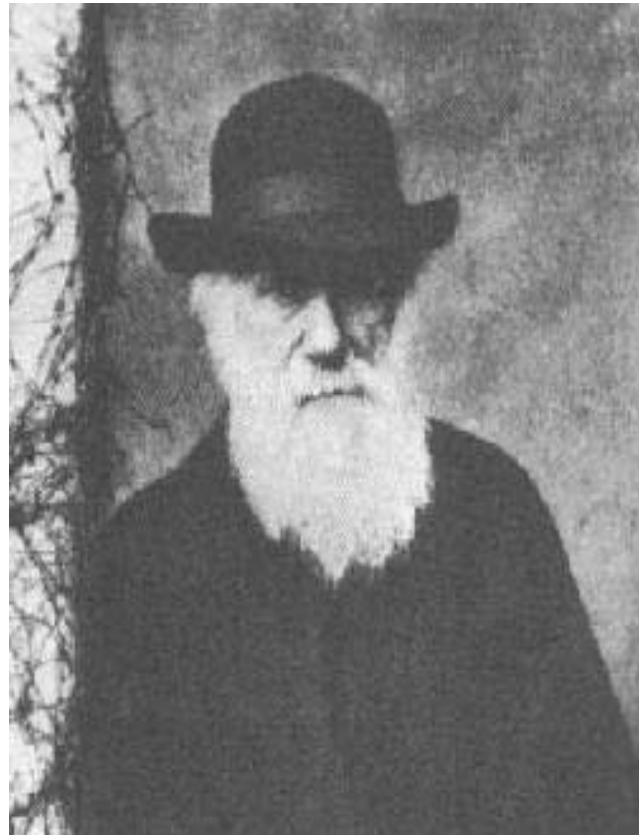
国立遺伝学研究所



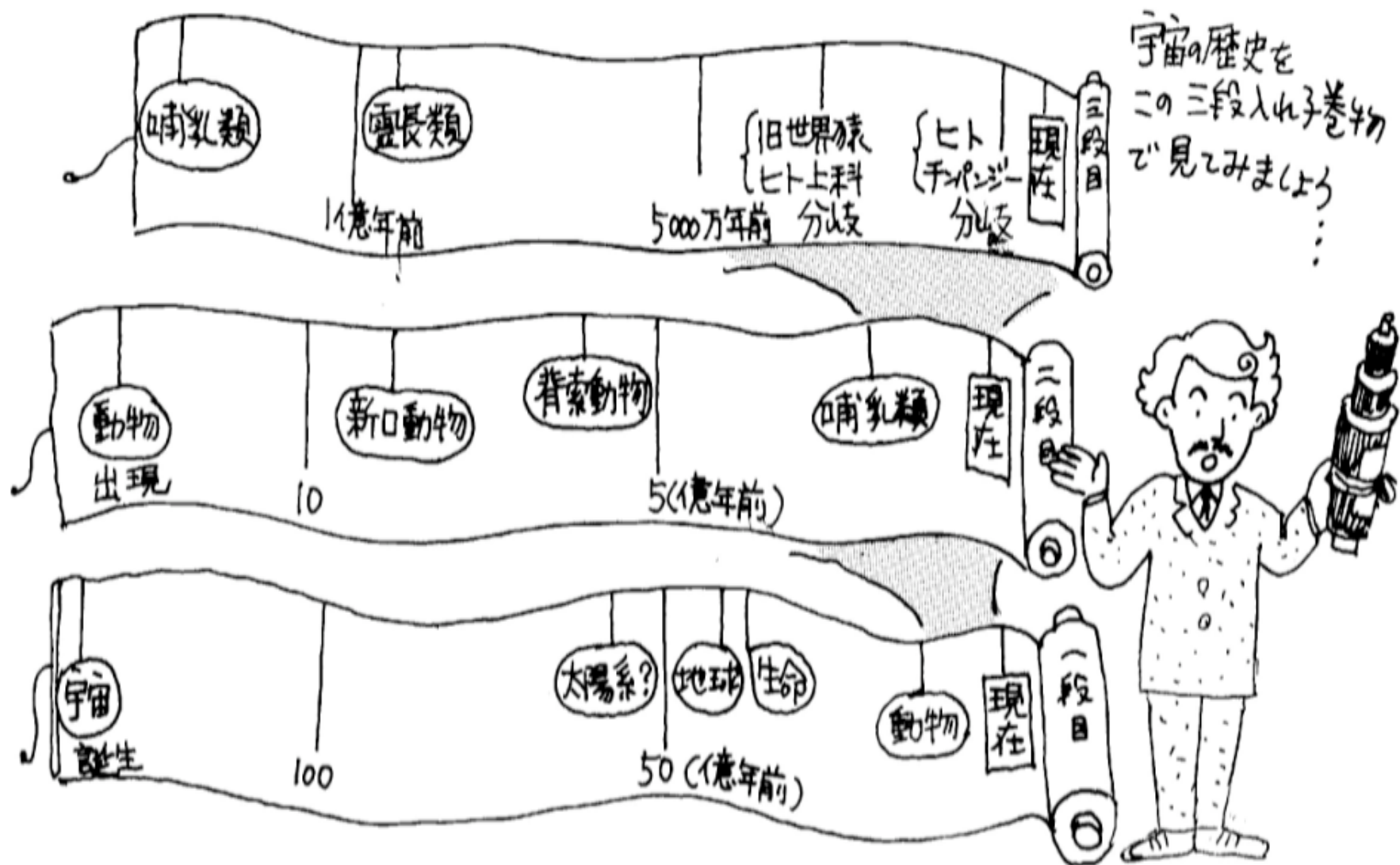
科学紀元9年4月22日
東京大学駒場キャンパス第18号館ホール

「※: このマークが付してある著作物は、第三者が有する著作物ですので、同著作物の再使用、同著作物の二次的著作物の創作等については、著作権者より直接使用許諾を得る必要があります。」

チャールズ・ダーウィン (1809年～ 1882年)

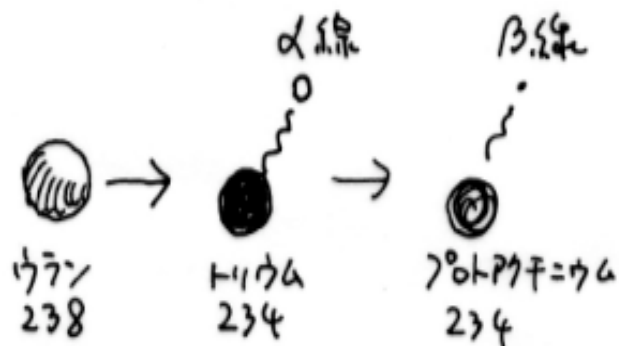


生命と宇宙の歴史 三巻物

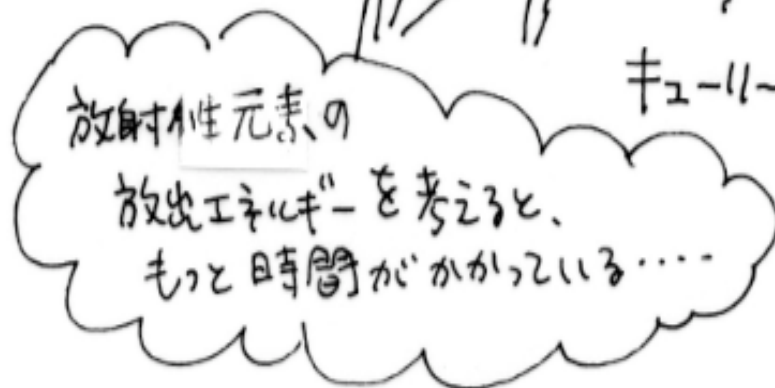




ケルビン卿



キュリー夫妻



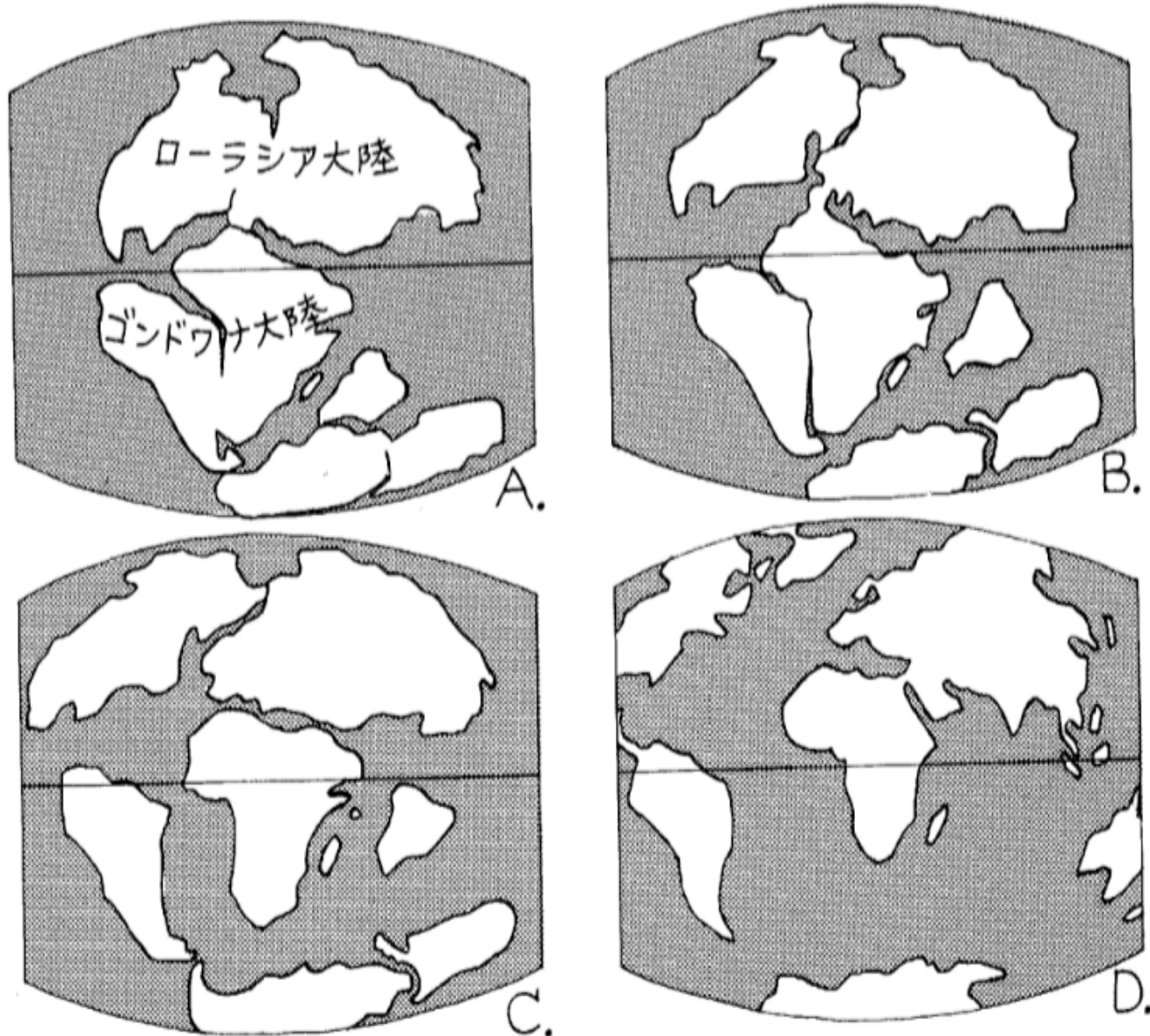
斎藤 成也

『絵でわかる人類の進化（絵でわかるシリーズ）』

講談社、2009年。

イラスト: 安富佐織

大陸移動～過去2億年の変遷～

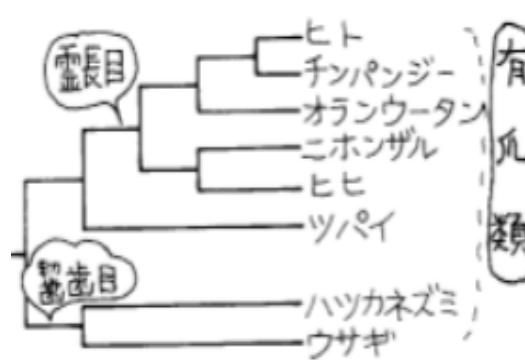


≠

斎藤 成也『絵でわかる
人類の進化（絵でわか
るシリーズ）』
講談社、2009年。

イラスト: 安富佐織

哺乳類の系統関係 (過去1億年の歴史)



ローラシア



ローラシア

アフリカ ギン

南アメリカ

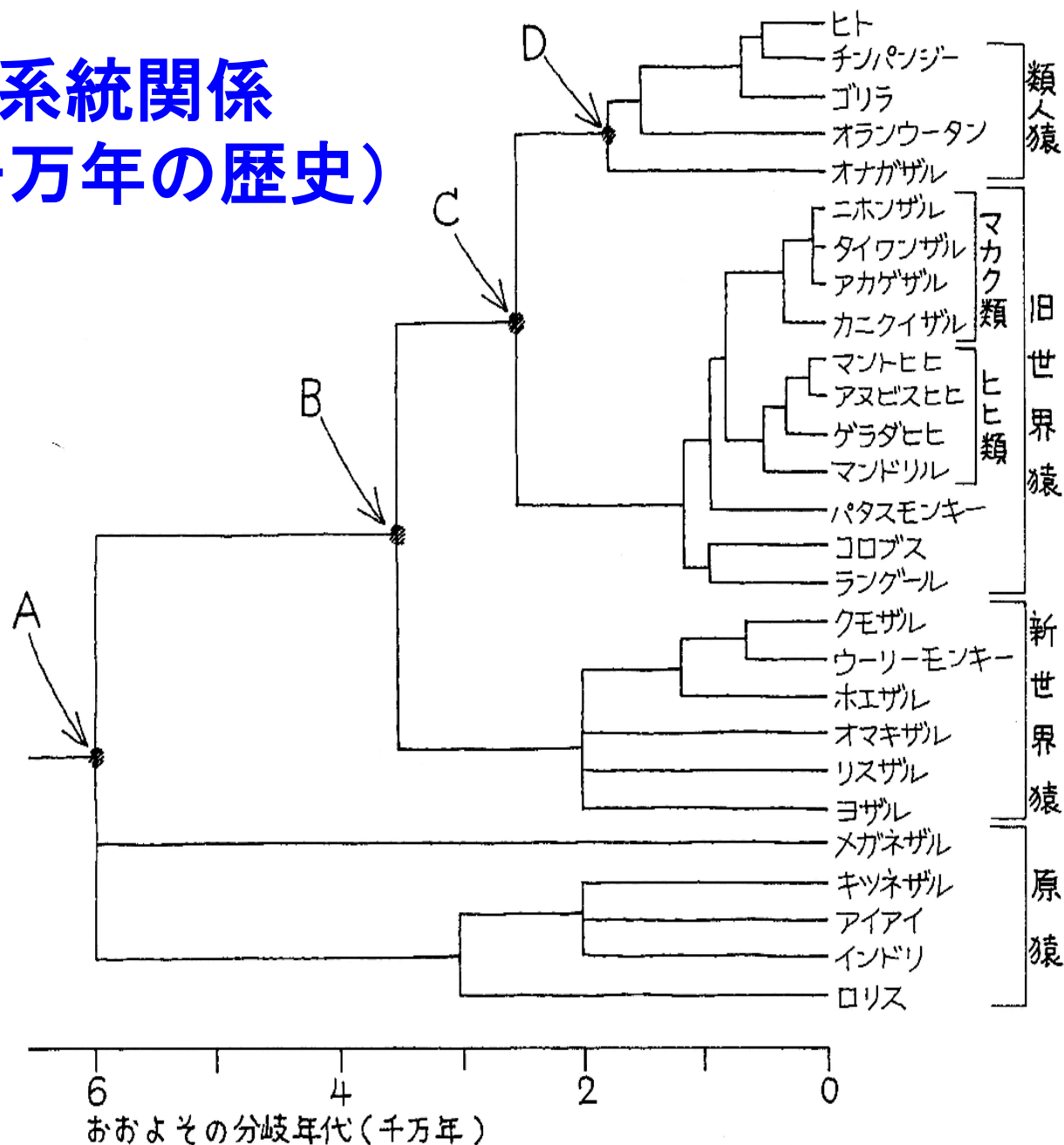
オーストラリア

オーストラリア

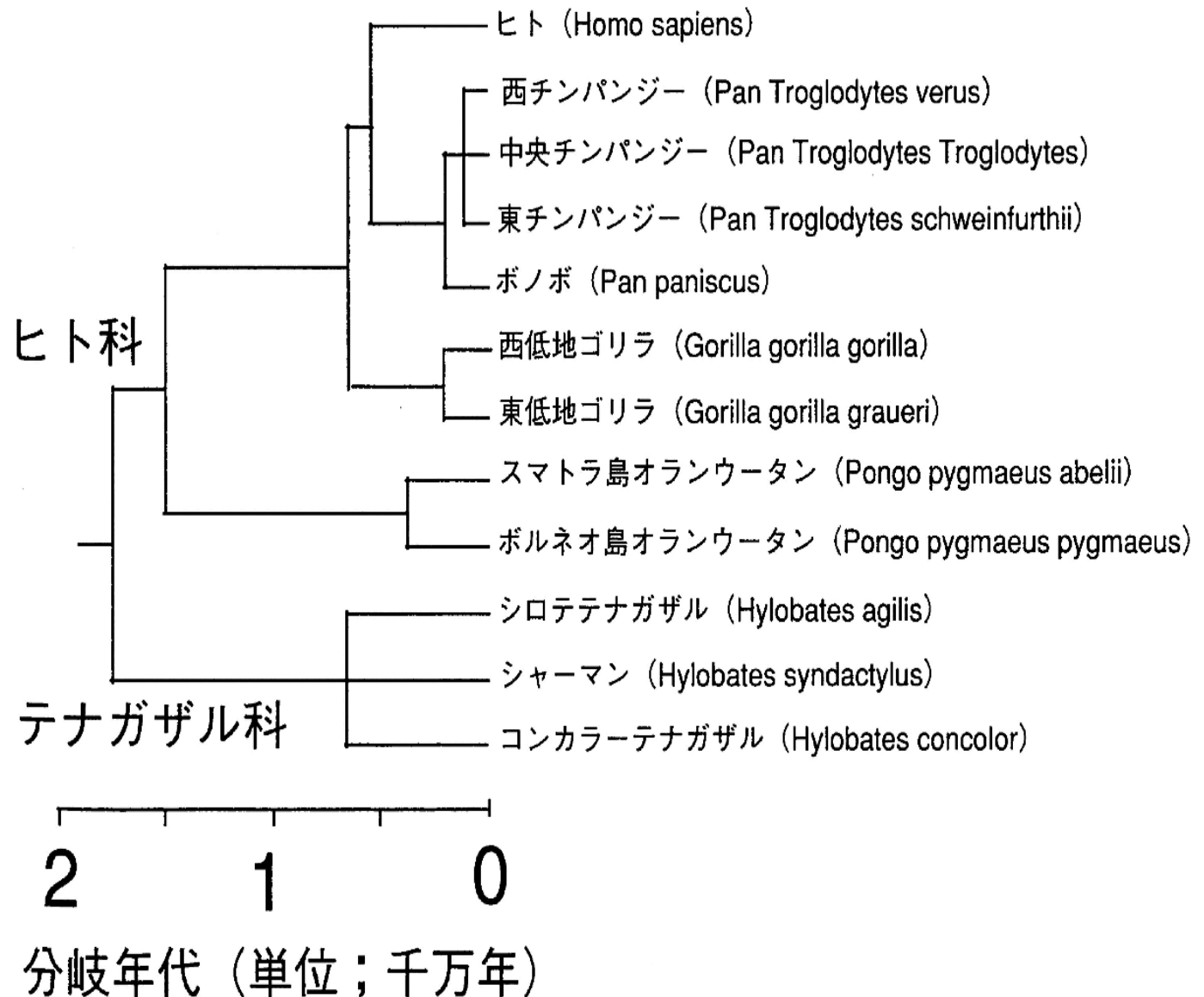
キ

斎藤 成也『絵でわかる
人類の進化(絵でわかる
シリーズ)』講談社、
2009年。

霊長類の系統関係 (過去5千万年の歴史)

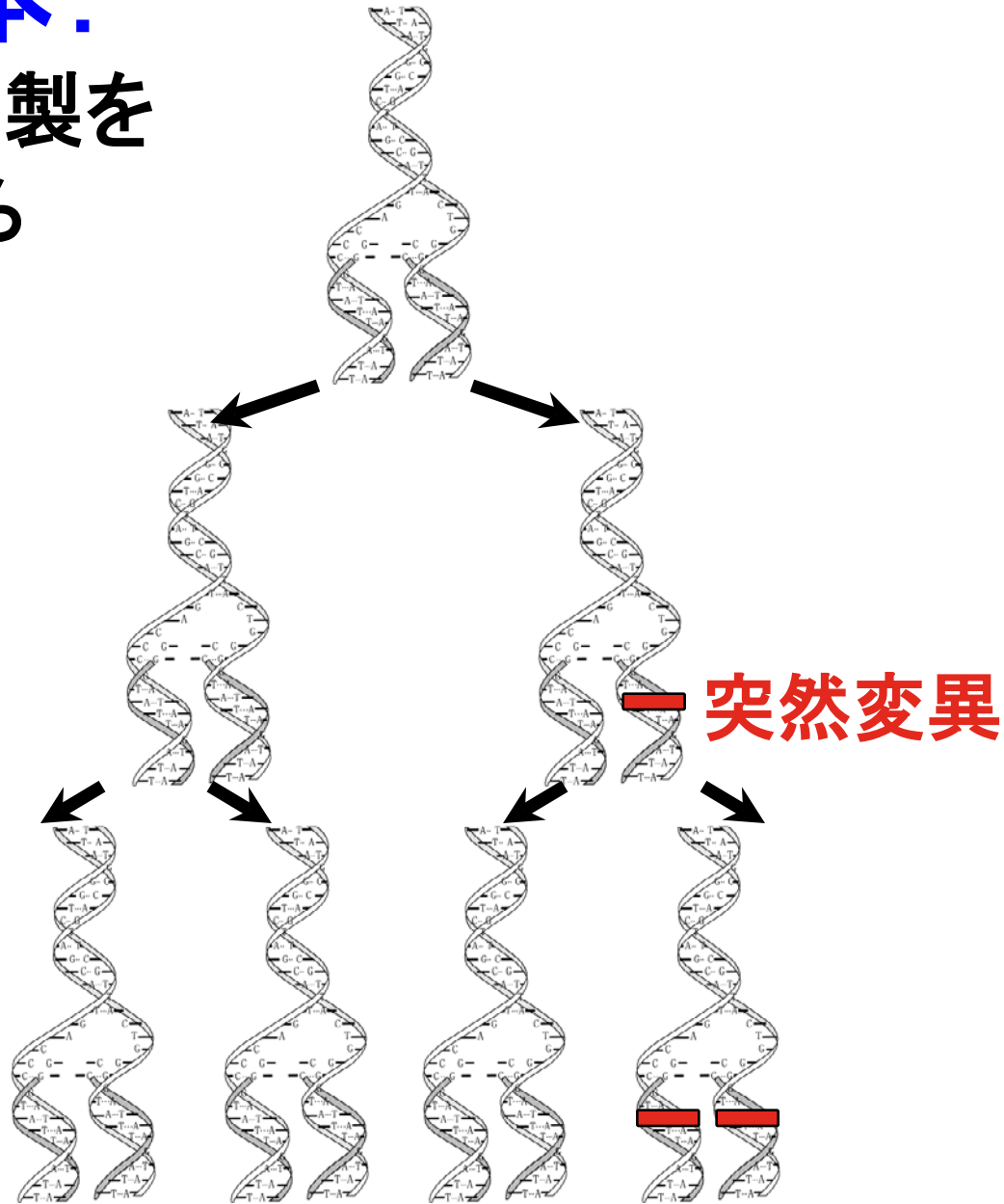


ヒト上科の系統関係 (過去2000万年の歴史)



進化の根本:

DNAが自己複製を
繰り返しながら
突然変異を
蓄積してゆく



微小な突然変異のいろいろ

塩基の置換

もとの塩基配列：A C C T **A** T T T T G C T G



新しい塩基配列：A C C T **G** T T T T G C T G

塩基の挿入

もとの塩基配列：A C C T A T T T T G C T G



新しい塩基配列：A C C **A G T** T A T T T T G C T G

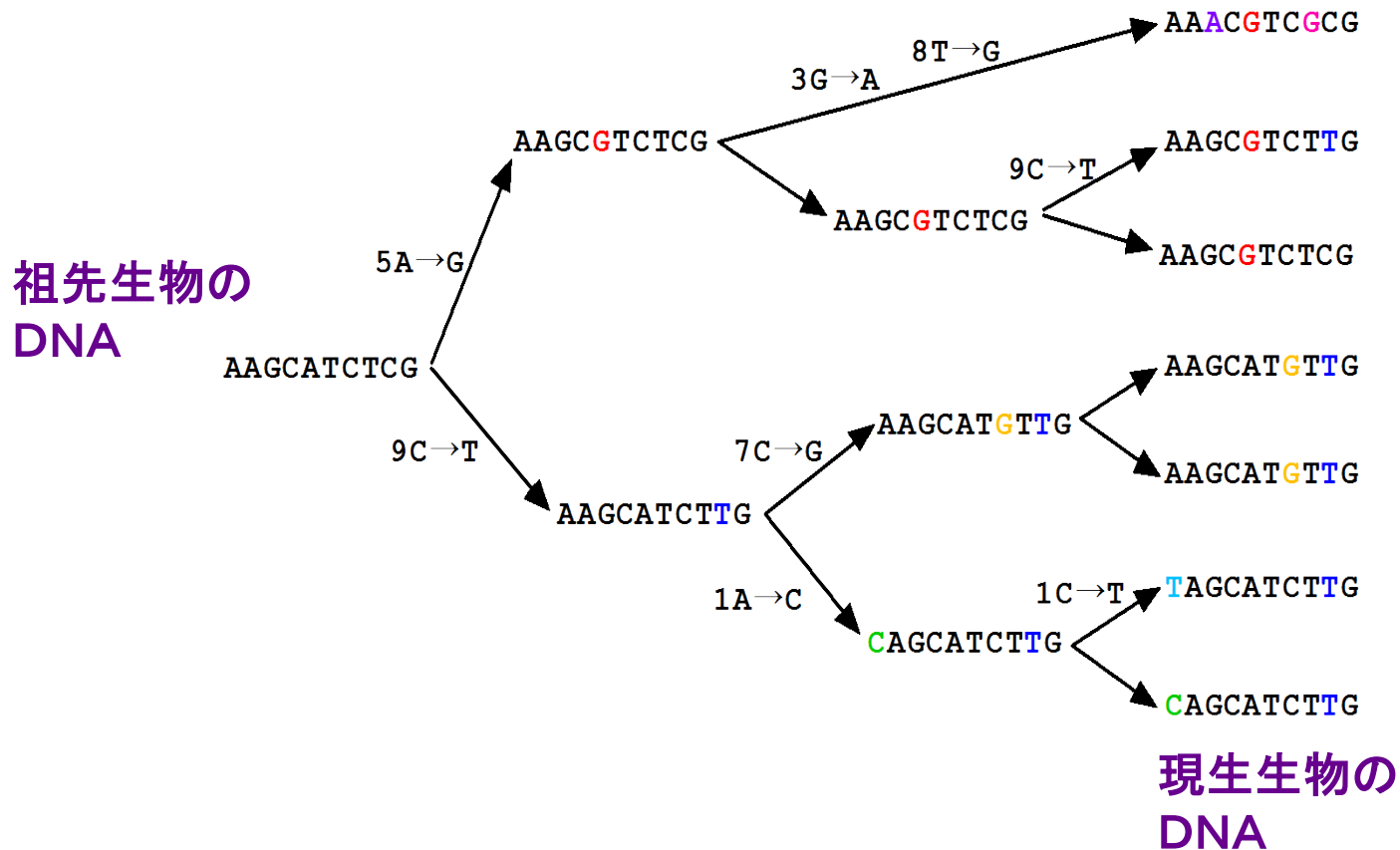
塩基の欠失

もとの塩基配列：A C C T A T T **T T** G C T G



新しい塩基配列：A C C T A T T G C T G

DNAに突然変異が蓄積して行く様子









モノ(物質)と コト(情報)

「アテネの学堂」部分
(ラファエロ作)

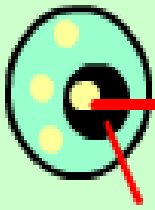
左側: プラトン
右側: アリストテレス

ゲノム(genome)とは？

- 遺伝子 (gene) + 染色体 (chromosome) = ゲノム (genome); 1920年 (ハンス・ヴィンクラー)
- 機能的定義: 生命体の生活に必須な最小の遺伝子セット; 1930年代 (木原均)
- 構造的定義: 自己複製体の持つ塩基配列のなかの最大の単位; 2004年 (斎藤成也)

人間(ヒト)の染色体

ヒト



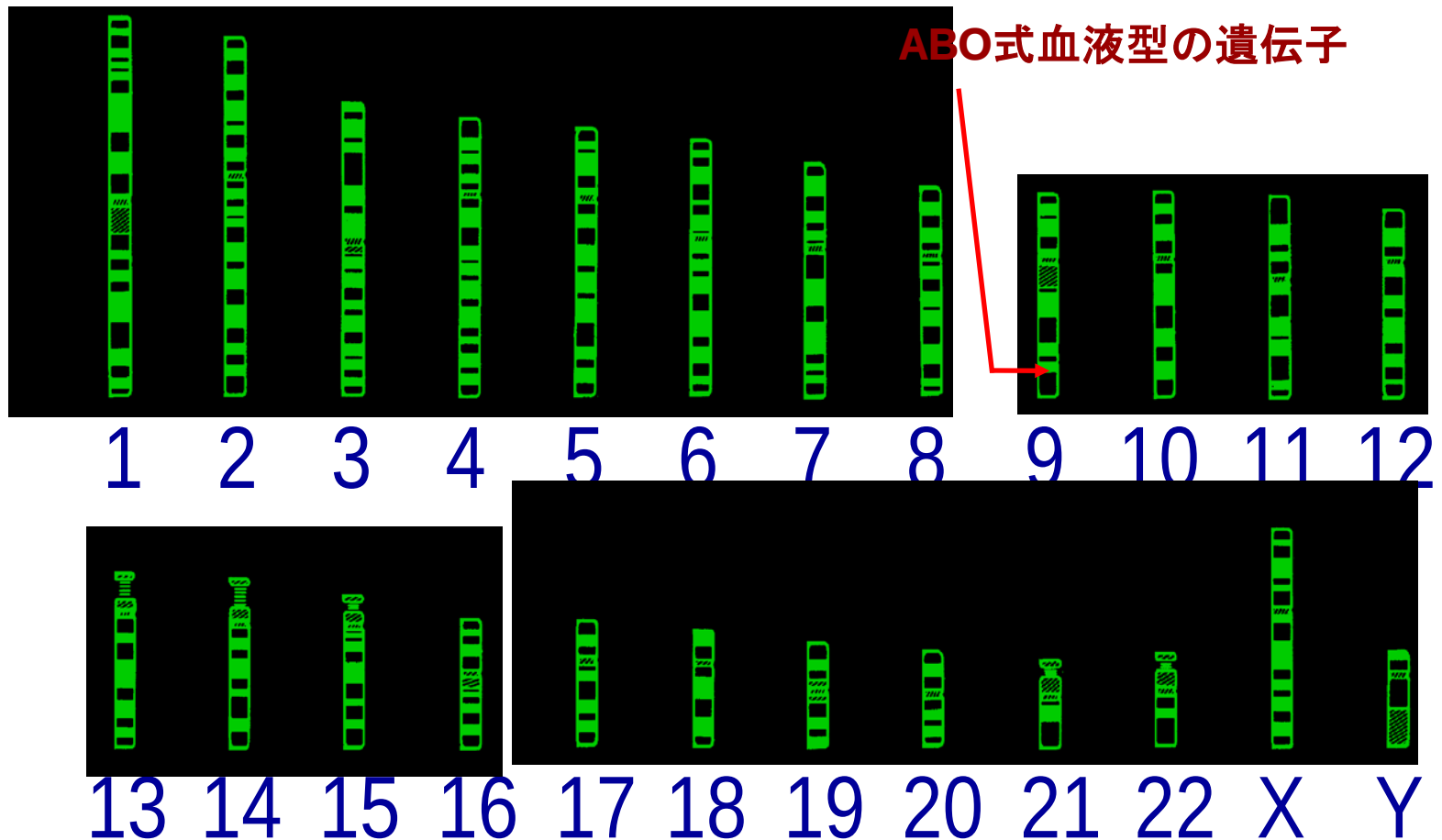
細胞の核



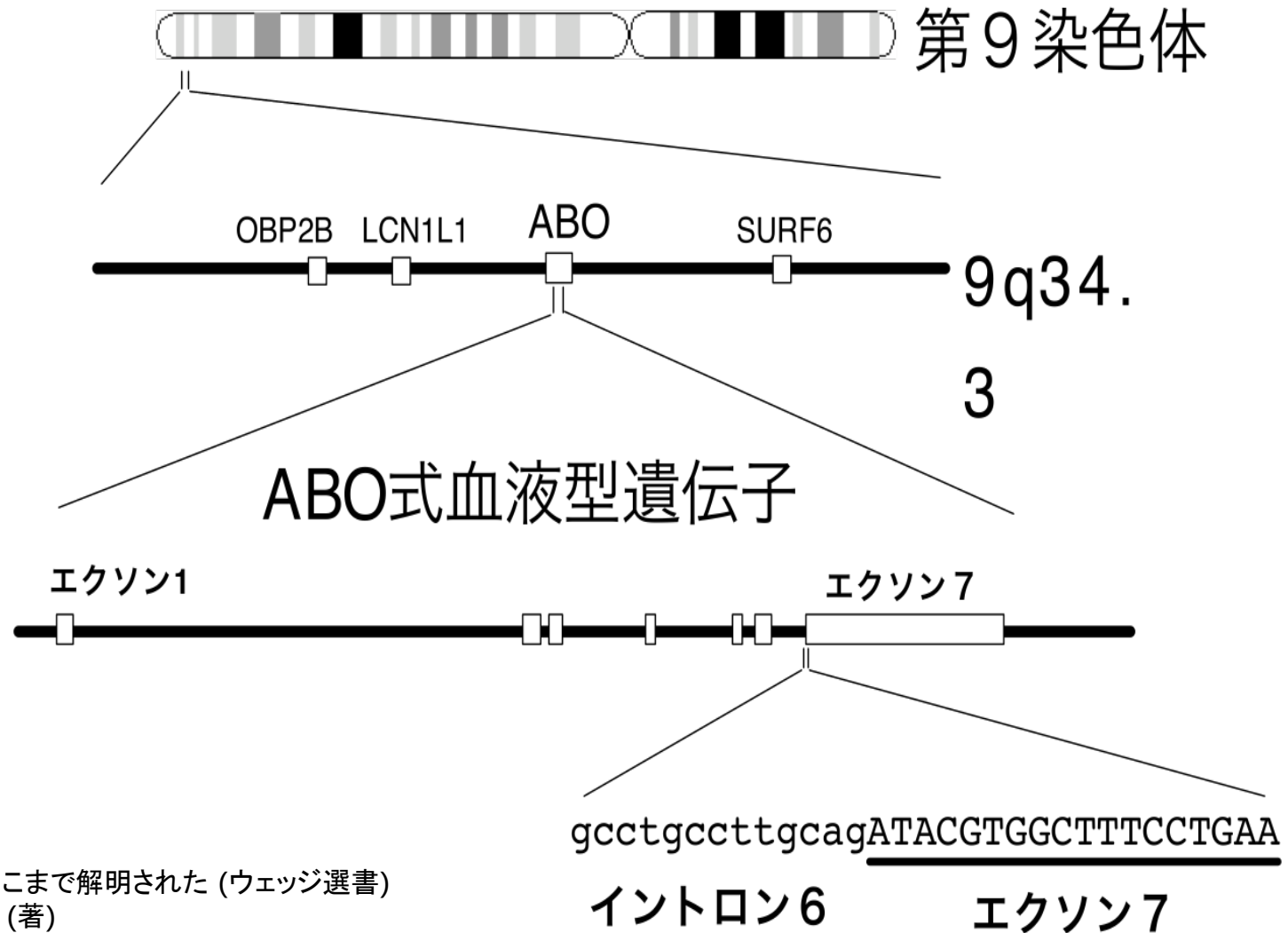
ヒトゲノム=30億塩基

= 22本の常染色体と2本の性染色体

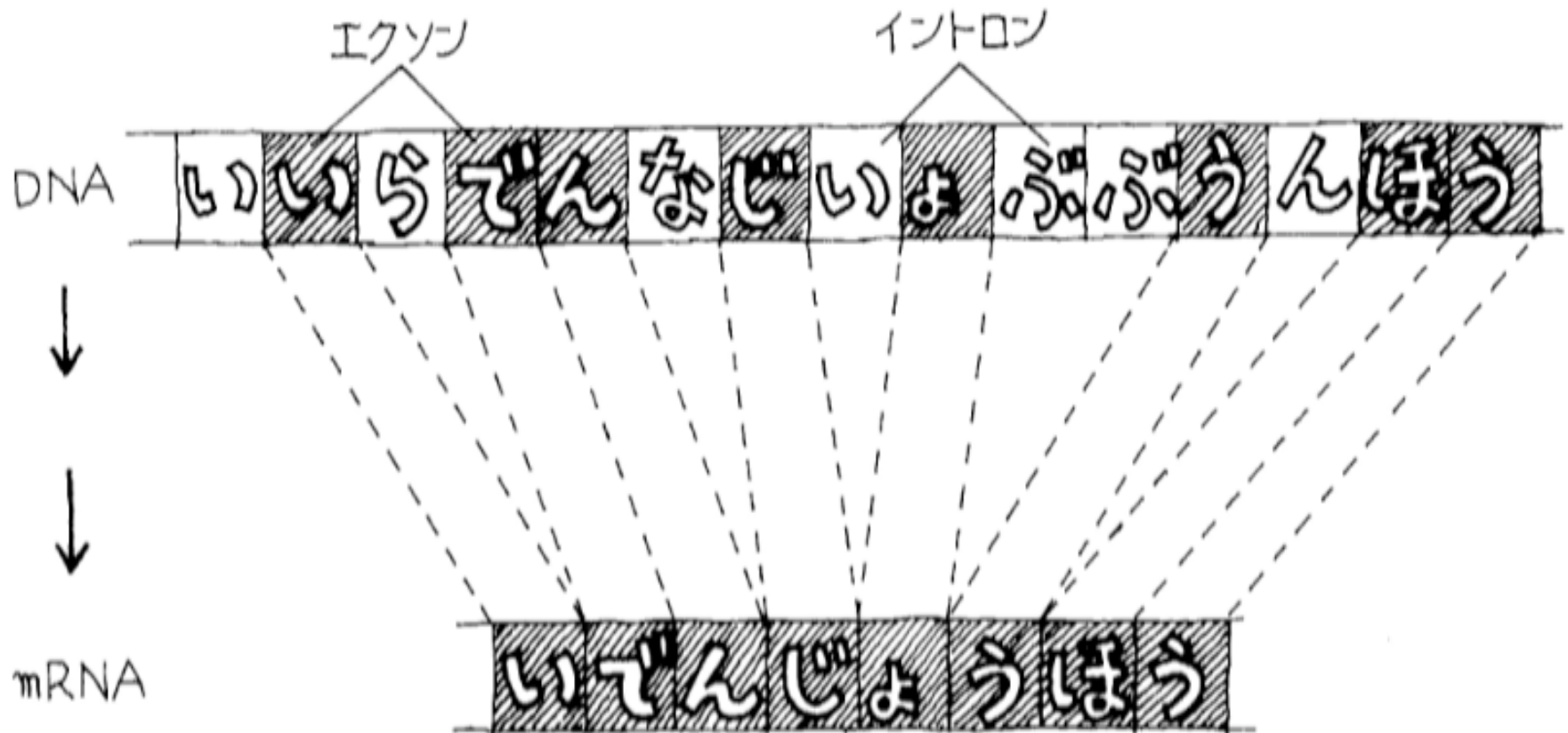
= 22000~50000個の遺伝子



染色体から塩基配列まで ～ABO式血液型遺伝子の場合～

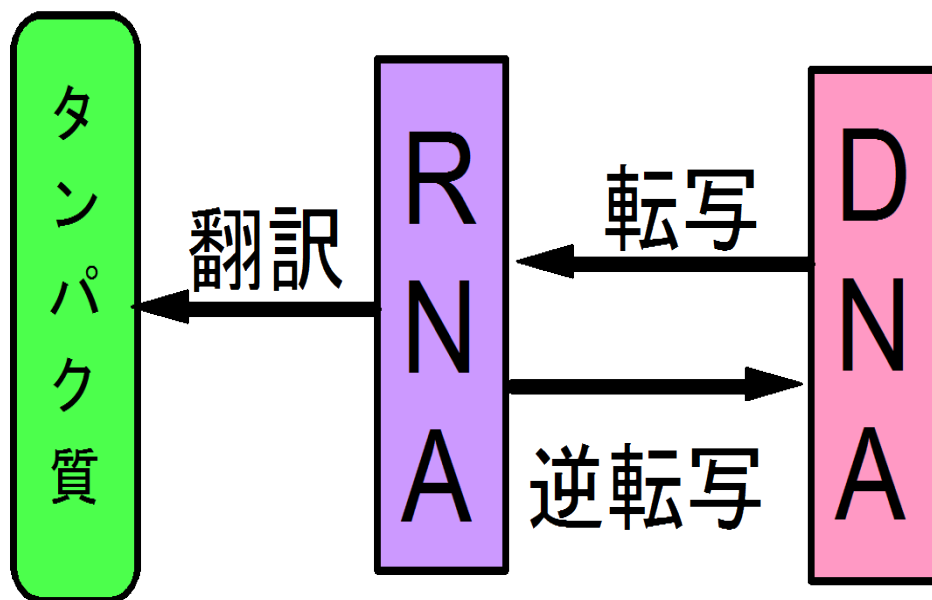


スプライシング(エクソンのつぎはぎ)



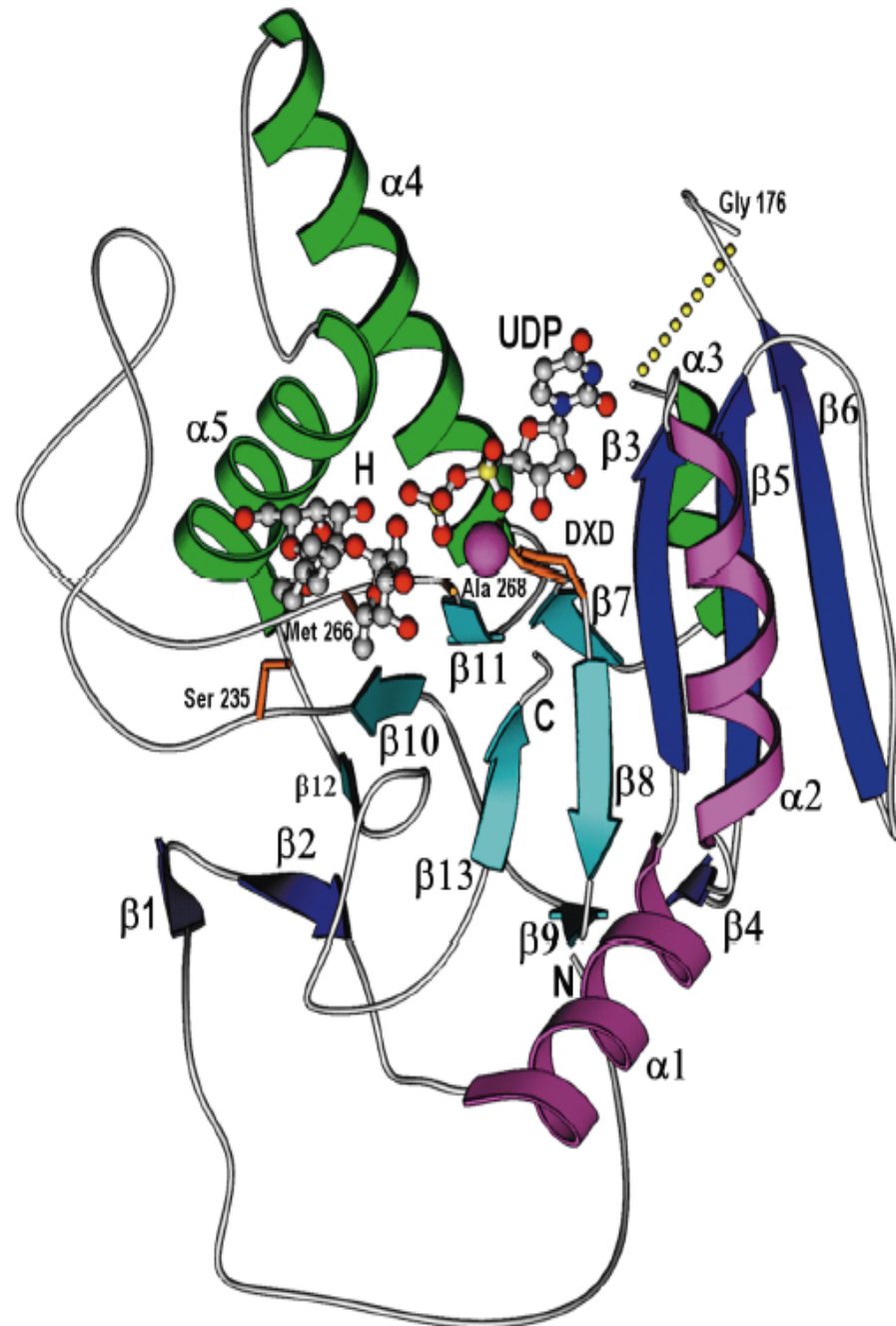
遺伝情報の流れる方向

(分子生物学のセントラルドグマ)



ABO式血液型酵素 の立体構造

(Paternaudeら 2002年)

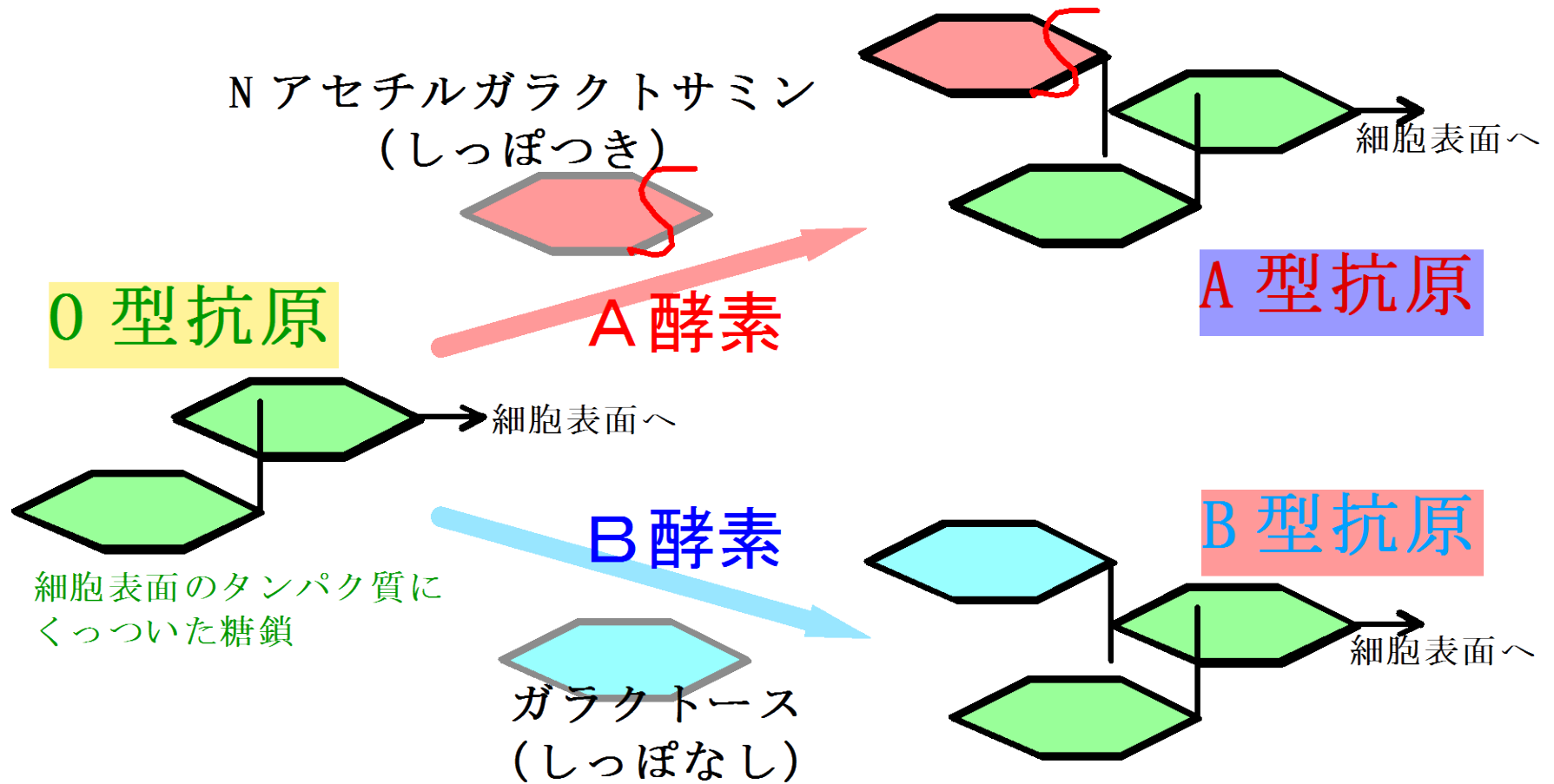


‡

Reprinted by permission from Macmillan Publishers Ltd:
Sonia I. Paternaude¹, et al.
Nature Structural Biology 9, 685 – 690, copyright (2002)

A B O 式血液型抗原の構造

A B O 式型の遺伝子は『糖転移酵素』を作る



0遺伝子における1塩基の欠失 (X) によって引き起こされたフレームシフト突然変異

塩基配列:

A	AAGGATGTCCTCGTGGTGACCCCTTGGCTGGCTCCCATTTGTCTGGGAGGGCACATTCAAC																								
B																									G
O																									G

タンパク質のアミノ酸配列:

A/B	K	D	V	L	V	V	T	P	W	L	A	P	I	V	W	E	G	T	F	N	
O	K	D	V	L	V	V		P	L	G	W	L	P	L	S	G	R	A	H	S	T

A転移酵素と B 転移酵素 の酵素活性の違いを与えている2個のアミノ酸の違い(+)と、それを引き起こすA遺伝子とB遺伝子2個の塩基の違い (!)

遺伝子の塩基配列 :

A	GATTTCTACTACCTGGGGGGGTTCTTCGGGGGGTCGGTGCAAGAG																								
B								A																	C

酵素タンパク質のアミノ酸配列 :

A	D	F	Y	Y	L	G	G	F	F	G	G	S	V	Q	R
B	D	F	Y	Y	M	G	A	F	F	G	G	S	V	Q	R

(山本文一郎ら、Nature, 1990年)

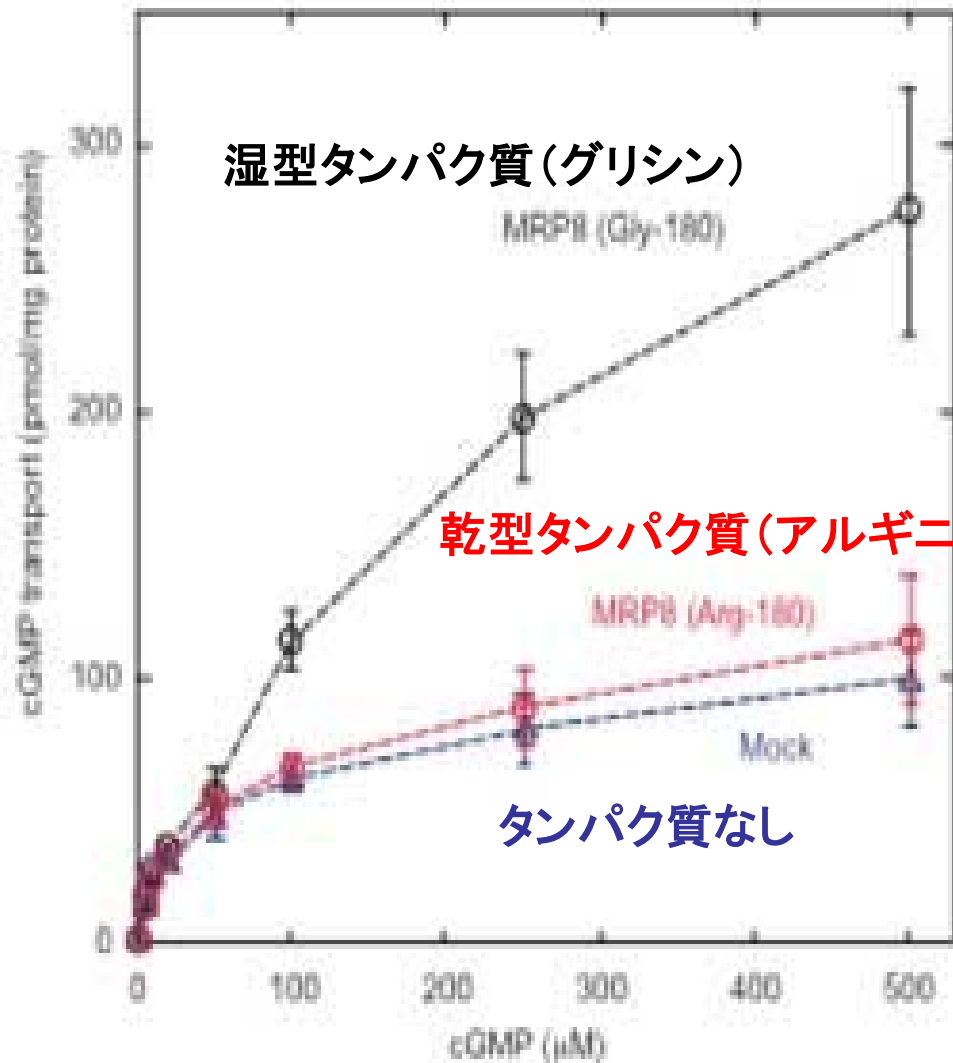
タンパク翻訳領域における 同義置換と非同義置換

同義置換: アミノ酸を変化させない
塩基置換(中立のみ)

非同義置換: アミノ酸を変化させる
塩基置換(中立+淘汰)

ABCC11遺伝子産物の機能の違いが 耳垢の違いの原因である

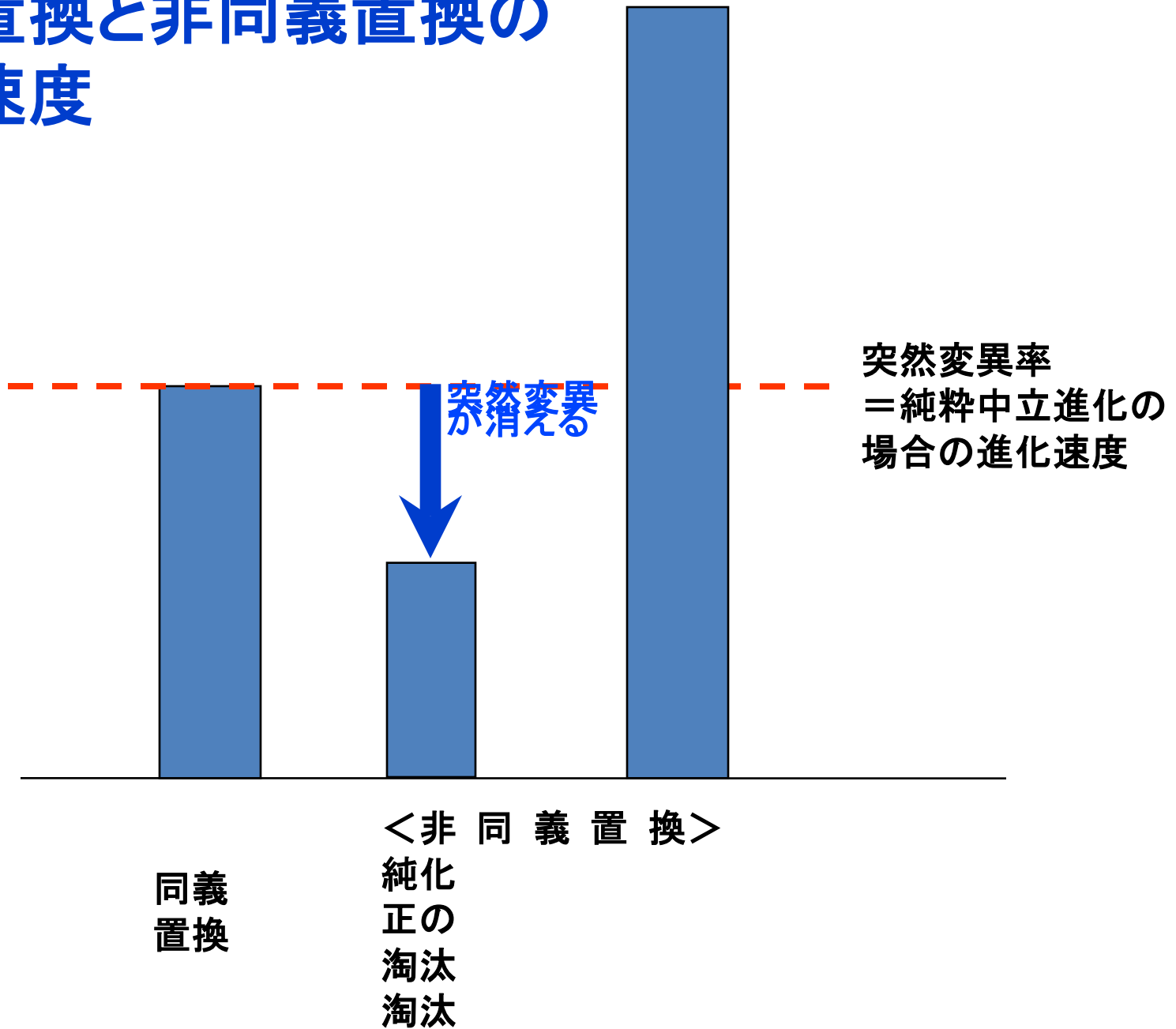
吉浦ら (2006) より



アミノ酸1個の変化で
湿型(機能あり)から
乾型(機能なし)
が生まれた

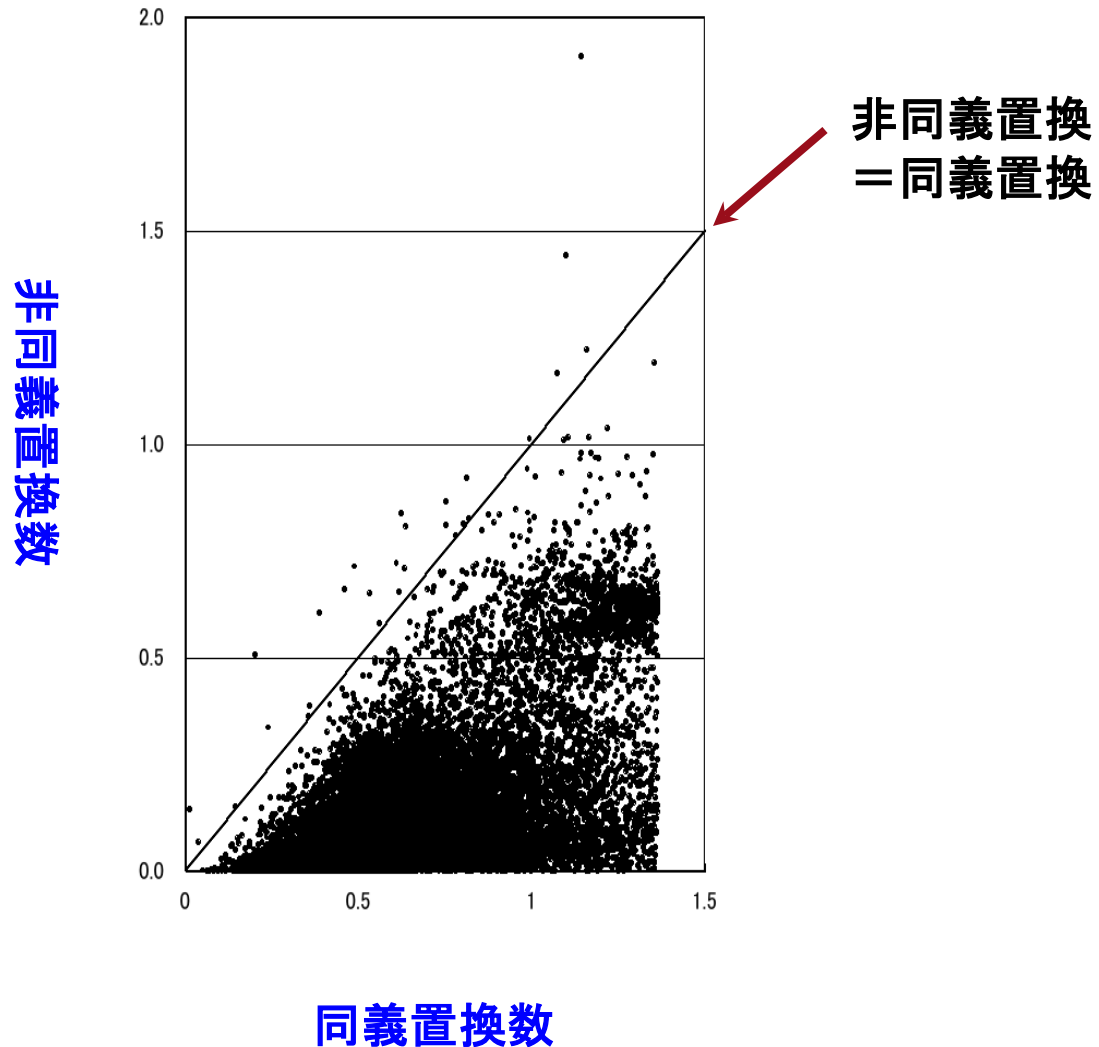
吉浦ら (2006)より

同義置換と非同義置換の 進化速度



ヒトとマウスの遺伝子を比較した時の 同義置換数と非同義置換数の関係

斎藤(2007)『ゲノム進化学入門』より



「ゲノム進化学入門」

斎藤成也 著

共立出版(2007)

ヒトゲノム全体 (32億塩基)

└─遺伝子とその関連領域(12億塩基)

└─遺伝子(4800万塩基) ← 全体のわずか1.5%

└─遺伝子の関連領域(11億5200万塩基)

└─遺伝子と遺伝子の間の領域(20億塩基)

└─散在反復配列(14億塩基)

└─長い散在反復配列LINE(6億4千万塩基)

└─短い散在反復配列SINE(4億2千万塩基)

└─その他の反復配列SINE(3億4千万塩基)

└─その他の遺伝子間領域(6億塩基)

└─マイクロサテライト(9千万塩基)

└─マイクロサテライト以外(5億1千万塩基)

ヒトゲノム全体 (32億塩基) **ほとんどがらくたDNA**

- └─遺伝子とその関連領域(12億塩基) **ほとんどがらくたDNA**

- └─**遺伝子(4800万塩基) ← 全体のわずか1.5%**

- └─遺伝子の関連領域(11億5200万塩基) **ほとんどがらくたDNA**

- └─遺伝子と遺伝子の間の領域(20億塩基) **ほとんどがらくたDNA**

- └─散在反復配列(14億塩基) **ほとんどがらくたDNA**

- └─長い散在反復配列LINE(6億4千万塩基) **ほとんどがらくたDNA**

- └─短い散在反復配列SINE(4億2千万塩基) **ほとんどがらくたDNA**

- └─その他の反復配列SINE(3億4千万塩基) **ほとんどがらくたDNA**

- └─その他の遺伝子間領域(6億塩基) **ほとんどがらくたDNA**

- └─マイクロサテライト(9千万塩基) **ほとんどがらくたDNA**

- └─マイクロサテライト以外(5億1千万塩基) **ほとんどがらくたDNA**

International Human Genome Sequencing Consortium (2004)より

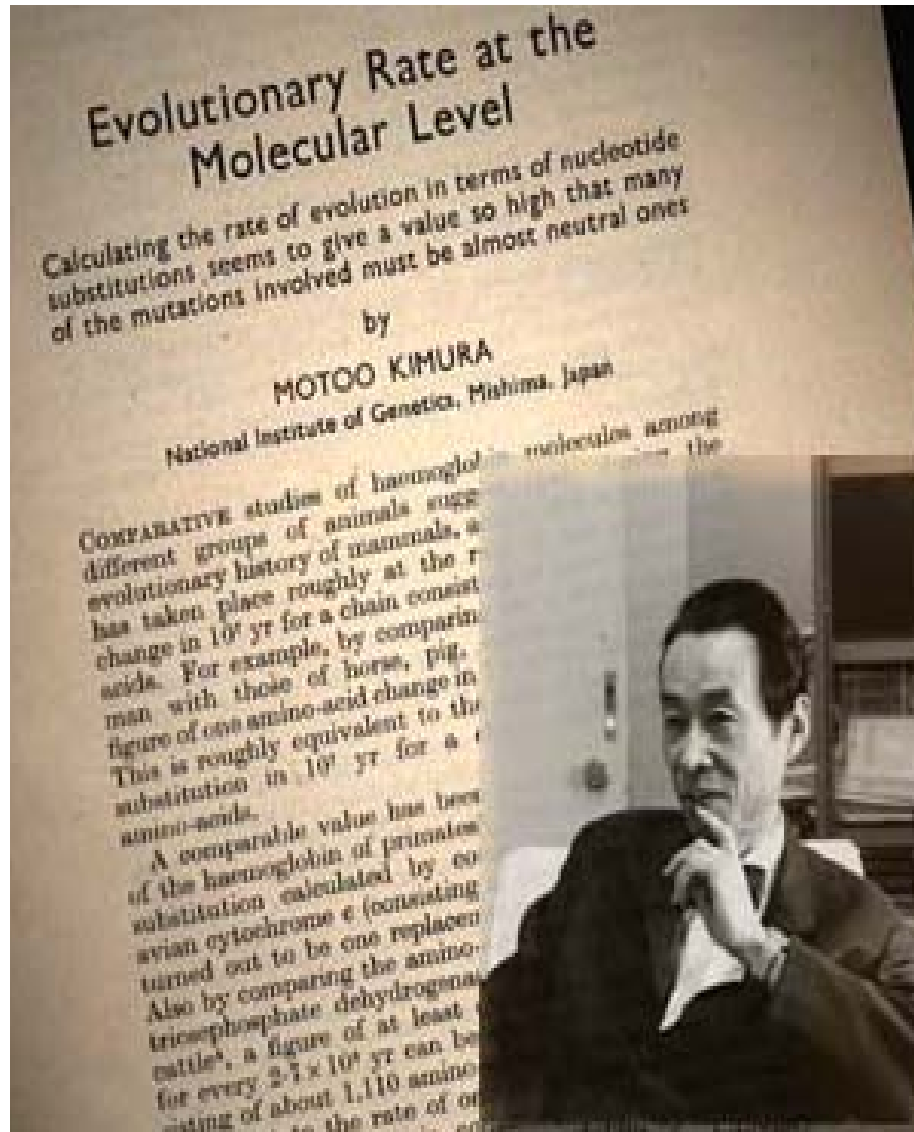
マウスとラットの遺伝子間領域の違い と 同義サイトでの違い

比較領域	比較サイト数	塩基置換数の範囲
遺伝子間領域	27, 931, 288	0.15 ~ 0.16
同義サイト	955, 105	0.16 ~ 0.17

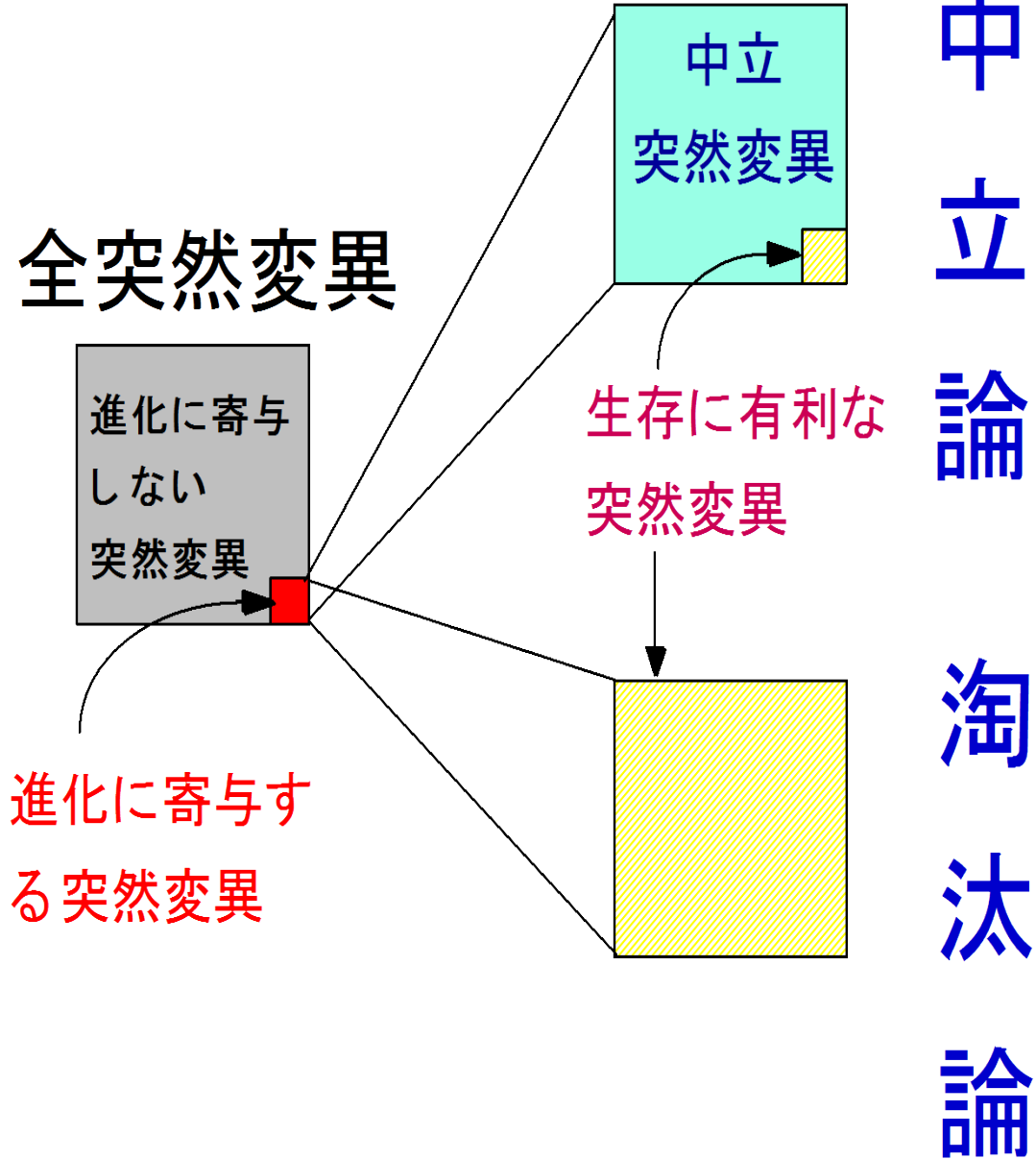
斎藤(2007)『ゲノム進化学入門』より
もとのデータは, Abeら(2004)より

私たちのゲノムの大部分は中立進化をしている！

木村資生博士と中立説を発表した論文(1968年)



中立論と淘汰論のちがい





そのなかみは？



✱

斎藤 成也『絵でわかる人類の進化
(絵でわかるシリーズ)』講談社、
2009年。

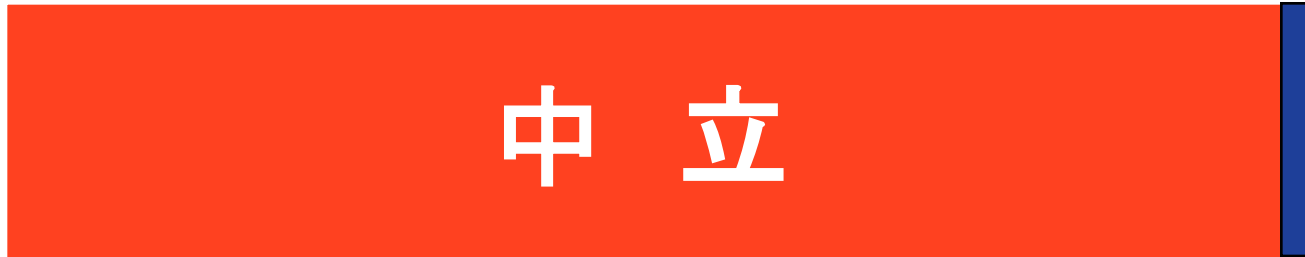
イラスト:安富佐織

非中立進化をする遺伝子

- 免疫系の遺伝子
- 宿主の免疫系と戦うウイルス遺伝子
- 細胞表面分子の一部(血液型など)
- 植物で自殖を妨げるシステムの遺伝子
- 海産動物精子の表面タンパク質(他種との区別)
- ヘビ毒の原因タンパク質

三段階における中立突然変異の割合: 多くの研究者の予想

DNAレベル



タンパク質レベル



マクロな表現型レベル



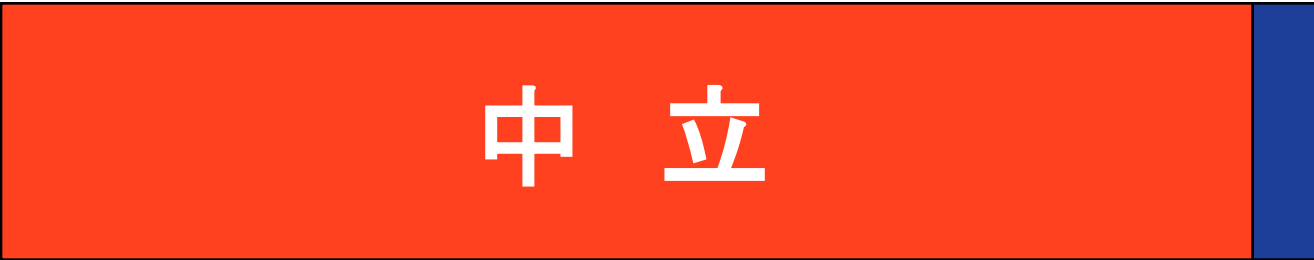
三段階における中立突然変異の割合:私の予想

DNAレベル



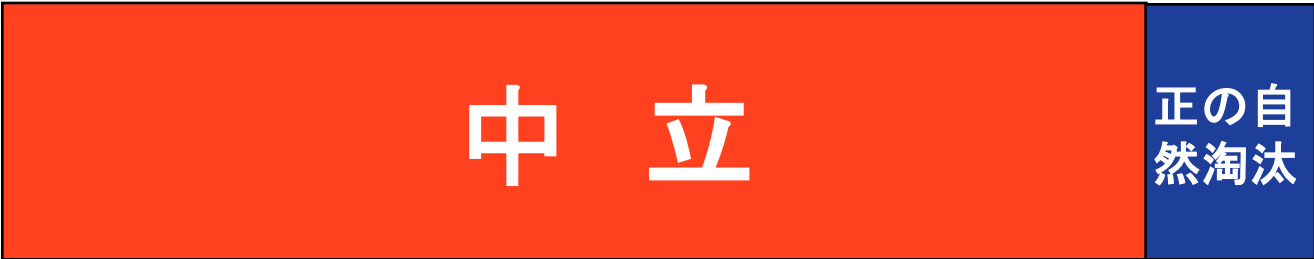
中 立

タンパク質レベル



中 立

マクロな表現型レベル



中 立

正の自然淘汰

ヒトと類人猿の比較ゲノム解析



Copyright © 2008 Conor Keller



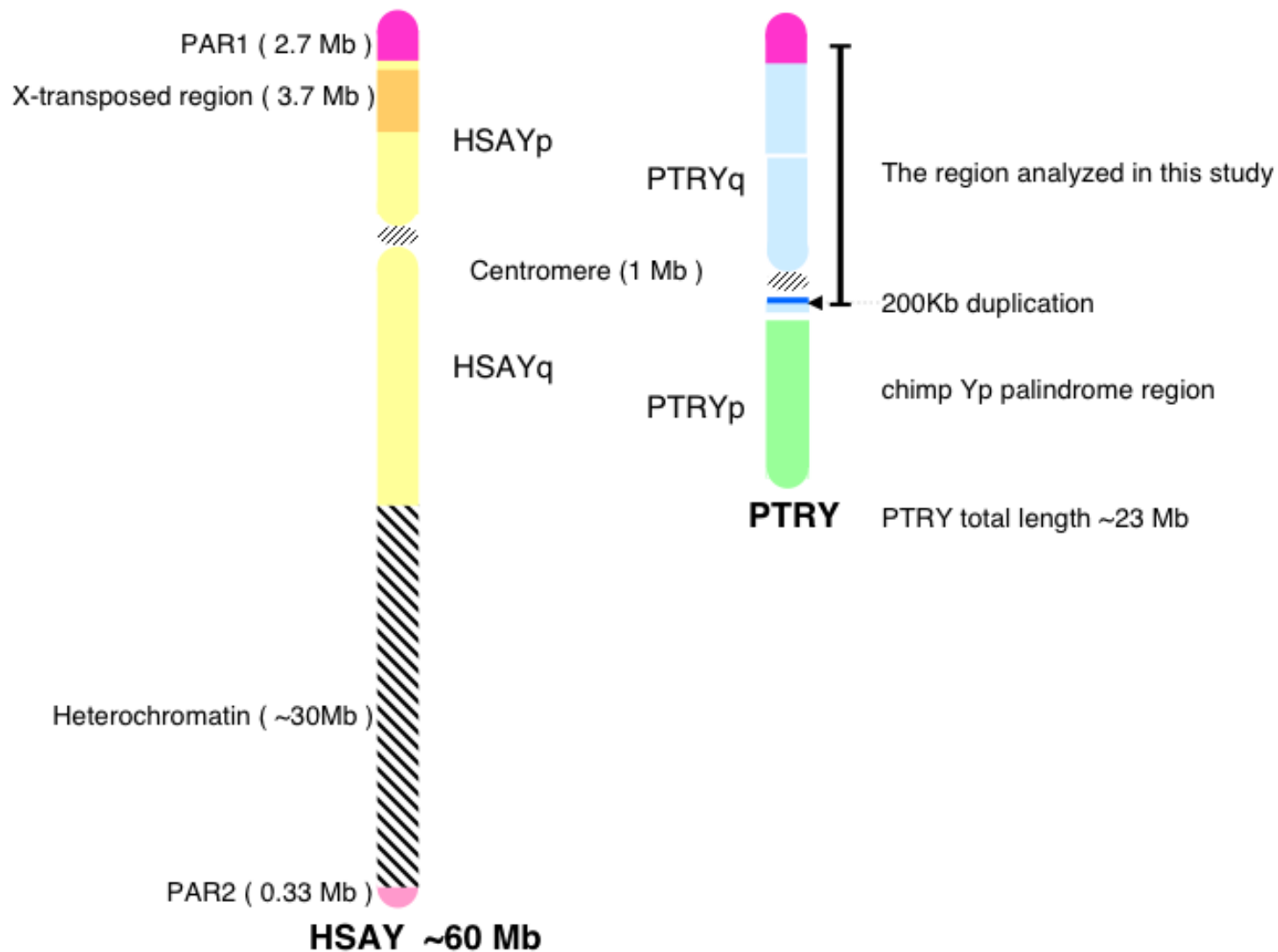
Copyright © 2005 belgianchocolate



Copyright © 2006 mape_s



Copyright © 2008 B&M Photography



Reprinted by permission from Macmillan Publishers Ltd:
Nature Genetics 38, 158 – 167, copyright (2006)

黒木ら(2006)より

言語障害のある家系
(Laiら 2001 より)

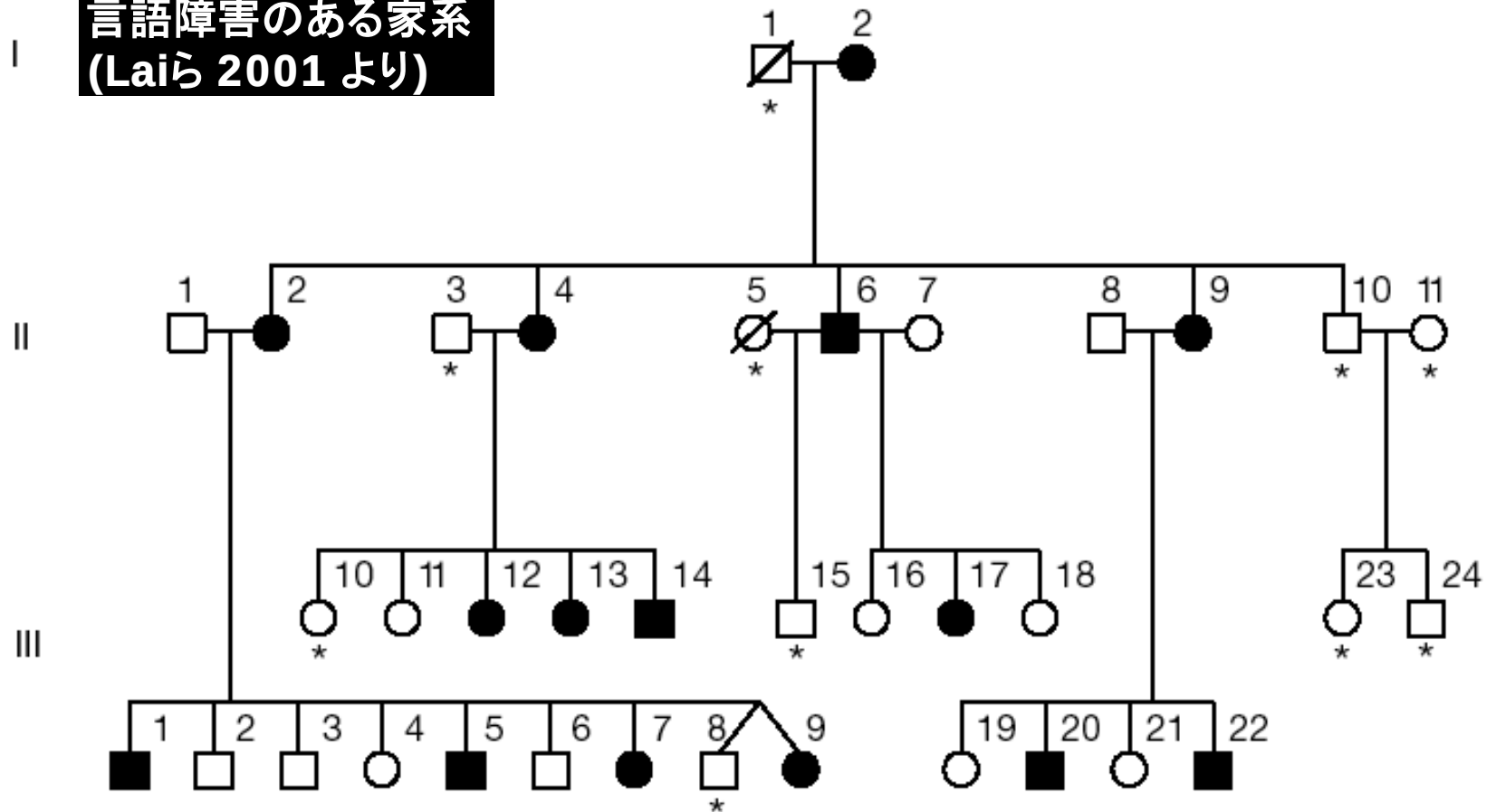
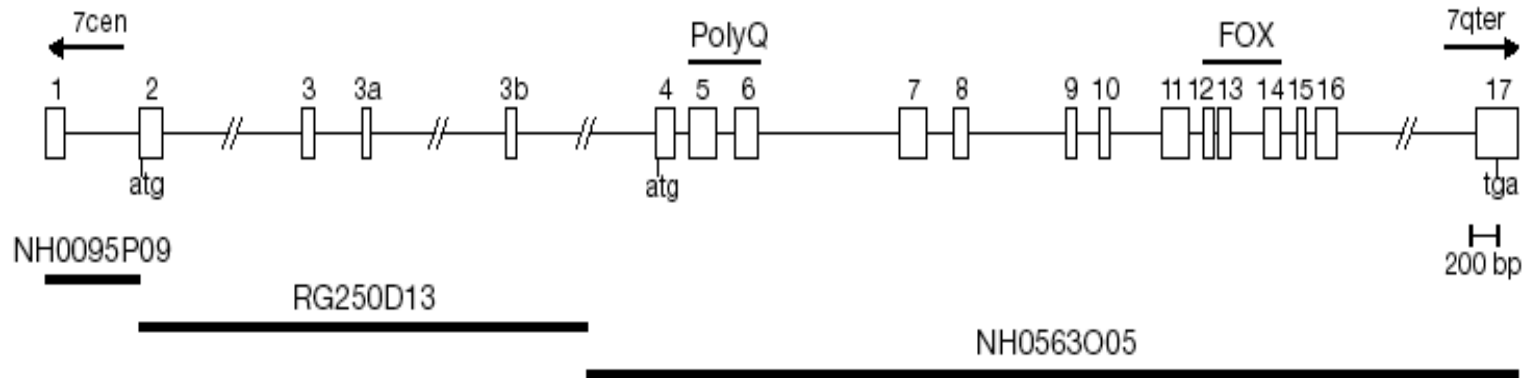


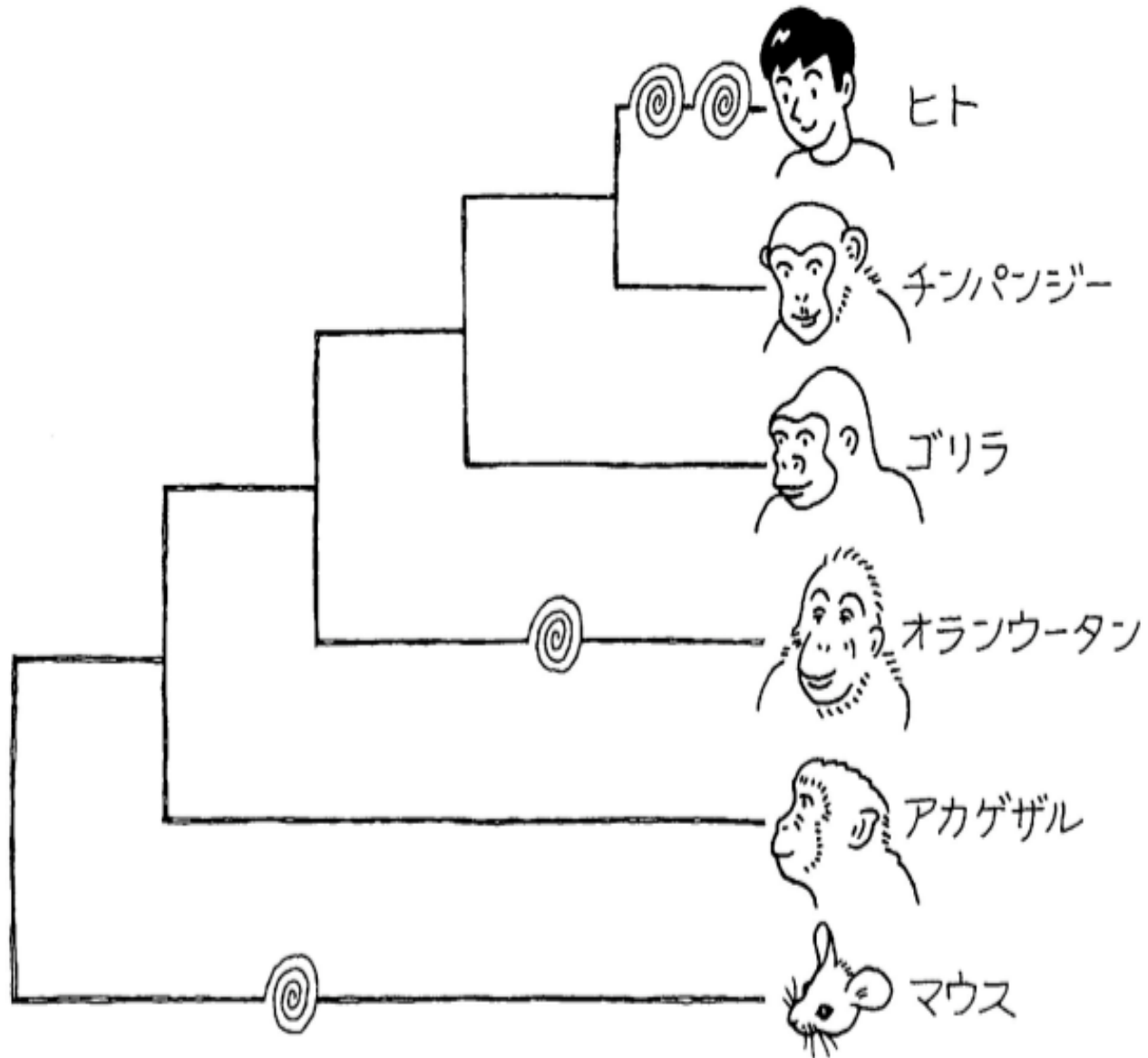
Figure 1 Pedigree of the KE family. Affected individuals are indicated by filled symbols. Asterisks indicate those individuals who were unavailable for genetic analyses. Squares are males, circles are females, and a line through a symbol indicates that the person is deceased.

言語遺伝子？ FOXP2遺伝子の構造



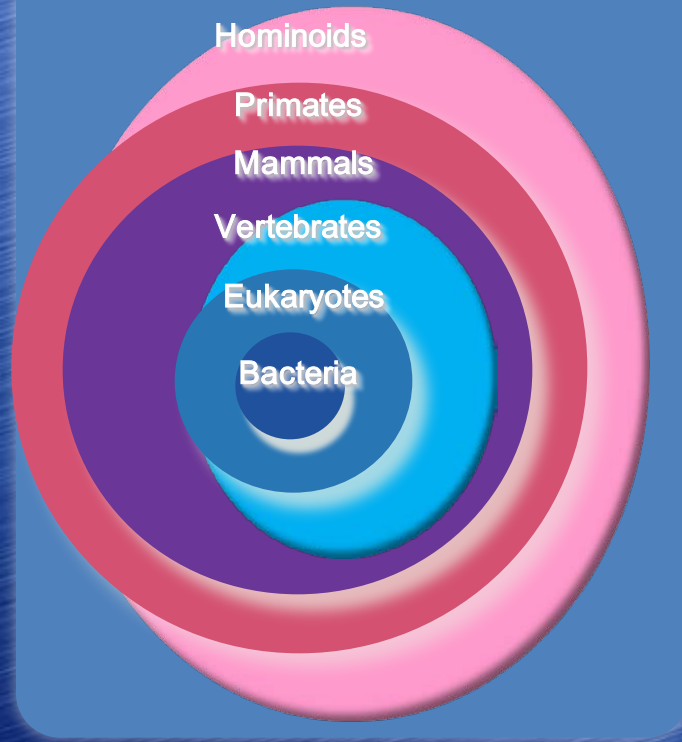
ヒトゲノムにおける概略の位置：
ヒト第7番染色体長腕

FOXP2タンパク質のアミノ酸変化;言語能力に関与?



ヒトゲノムの逆入れ子構造

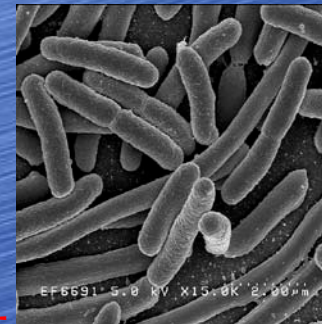
Human Genome



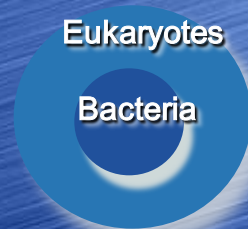
ヒトゲノムの逆入れ子構造



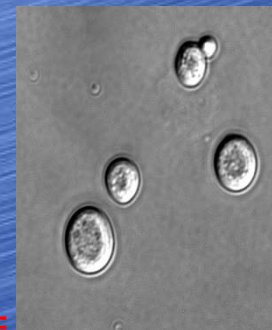
Bacteria



ヒトゲノムの逆入れ子構造

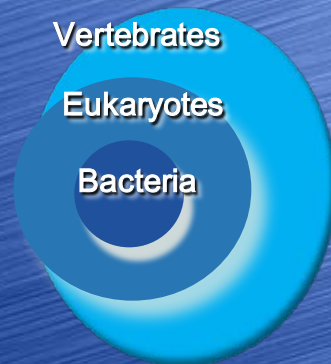


Eukaryotes



Copyright © 2006
Masur

ヒトゲノムの逆入れ子構造

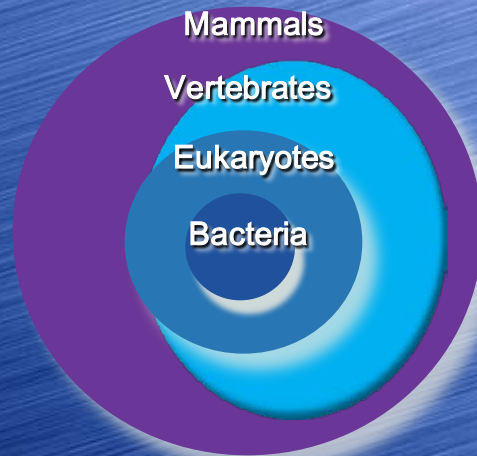


Vertebrates



† Copyright © 2007
DDFic

ヒトゲノムの逆入れ子構造

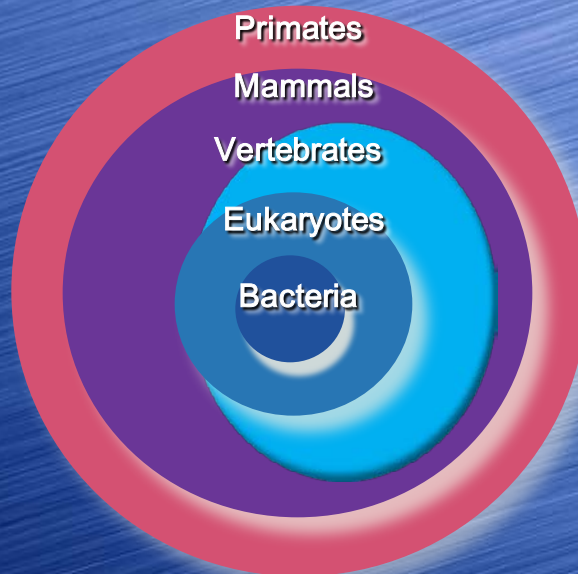


Mammals



Copyright © 2006 GirlReporter

ヒトゲノムの逆入れ子構造

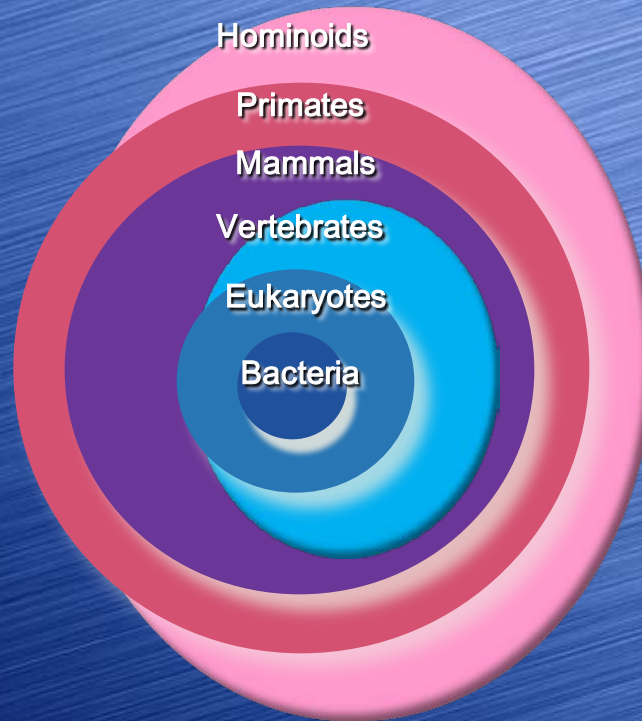


Primates



Copyright © 2007 GATAG

ヒトゲノムの逆入れ子構造



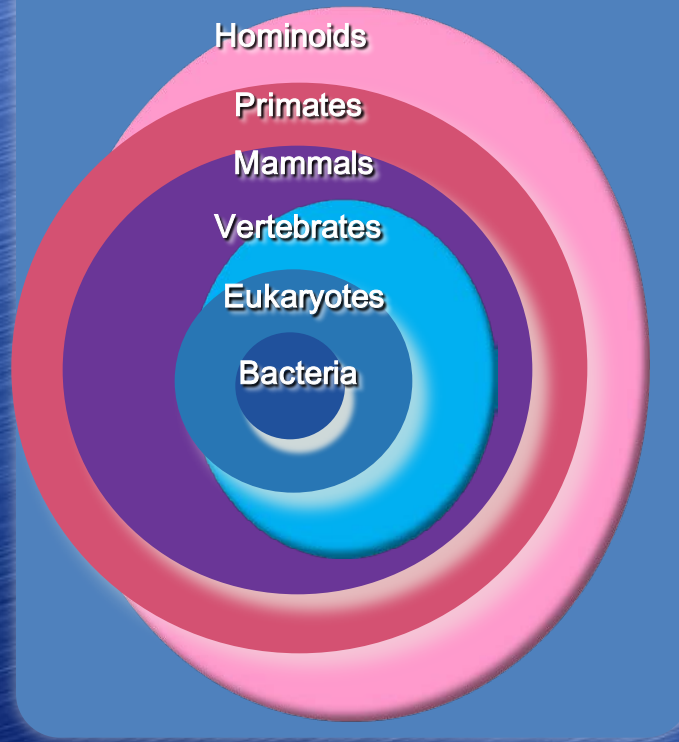
Hominoids



Copyright © 2005 belgianchocolate

ヒトゲノムの逆入れ子構造

Human Genome



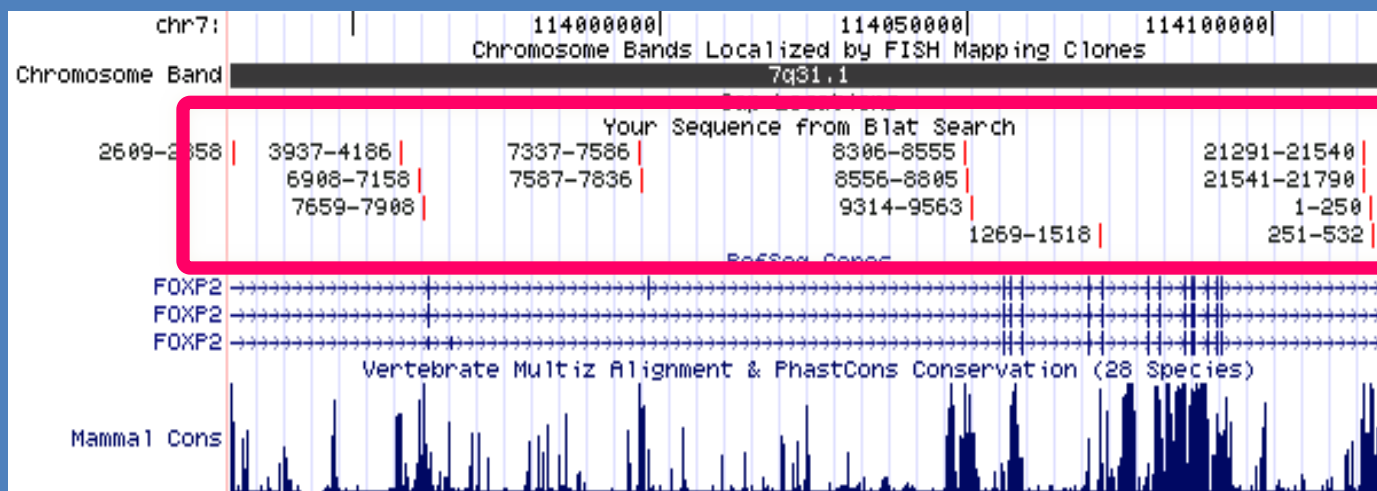
Hominoids



Copyright © 2005 belgianchocolate

哺乳類全体で進化的に重要だと考えられるDNA領域

FOXP2



ヒトとそれ以外の生物



✠ Copyright © 2005 belgianchocolate



✠ Copyright © 2006 mape_s



✠ Copyright © 2008 B&M Photography

ヒト・チンパンジン?とそれ以外



Copyright © 2005 belgianchocolate



Copyright © 2006 mape_s



Copyright © 2008 B&M Photography

ヒト・大型類人猿とそれ以外？



✚ Copyright © 2005 belgianchocolate



✚ Copyright © 2006 mape_s



✚ Copyright © 2008 B&M Photography



ゲノムと進化

ゲノムから立ち昇る生命

斎藤成也

✱

斎藤 成也
『ワードマップ ゲノムと進化 ―ゲノムから立ち昇る生命』
新曜社<ワードマップ>、
2004年

新曜社(2004年)

ワードマップ

2006年3月刊行

岩波書店 シリーズ進化学
第2巻

『遺伝子とゲノムの進化』

(石川統・佐藤矩行・長谷川真理子・斎藤成也 編)

はじめに(斎藤成也)

第1章 遺伝子進化のメカニズム(斎藤成也)

第2章 タンパク質の進化(藤博幸)

第3章 バクテリアゲノムの進化(小林一三)

第4章 多細胞生物の進化(川島武士・佐藤矩行)

第5章 古代DNA(植田信太郎・斎藤成也)

第6章 バイオインフォマティクスの役割(五條堀孝)

2007年3月刊行
斎藤成也編著
『ゲノムはここまで解明された』
(ウェッジ選書)

- 和田昭允「ゲノムが開く「物質／生命」の統一的理解」
- 榊佳之「ヒトゲノムの解読とメタゲノム」
- 佐藤矩行「動物の体づくりとゲノム、そして遺伝子ネットワーク」
- 斎藤成也「ゲノムの塩基配列に刻まれた生命の歴史を人間までたどる」
- ゲノム座談会（藤山秋佐夫・服部正平・森下真一・斎藤成也）「微生物からネアンデルタール人まで」

斎藤成也
『ゲノム進化学入門』
共立出版、2007年。



次回 5月1日(金)

ゲノムから読み解く日本人の起源

斎藤成也

『DNAから見た日本人』

筑摩書房<ちくま新書>

2005年

