

## 次世代シーケンサーがスポットライトを当てた 「なまら」面白い生き物たち

高林厚史<sup>1,2</sup>

<sup>1</sup>北海道大学低温科学研究所

<sup>2</sup>北海道大学大学院環境科学院

〒060-0819 札幌市北区北 19 条西 8 丁目

Next-generation sequencers spotlight the "Very" interesting organisms

Atsushi Takabayashi<sup>1,2</sup>

<sup>1</sup>Institute of Low Temperature Science

<sup>2</sup>Graduate School of Environmental Science, Hokkaido University,

Kita-19, Nishi-8, Kita-ku, Sapporo, Hokkaido, 060-0819 Japan

DOI: 10.24480/bsj-review.15b1.00259

幼い頃に、生き物の図鑑を調べることがきっかけで、もしくは、身近なさまざまな生き物に触れることがきっかけで、生命の多様性に驚異の念を抱いた人は少なくないだろう。そして、それが生物学への憧れの礎になったという研究者もやはり少なくないのではないだろうか。しかし、生物学、例えば細胞生物学や分子生物学、生化学などを学ぶにつれて、モデル生物を用いた分子レベルでの機構の解明の魅力にとらわれ、主にモデル生物を材料とした研究を行ってきたという研究者はきっと多いと思われる。私見ではあるが、生命の本質は共通性と多様性にあり、限られた数のモデル生物を用いた研究は分子レベルでの共通性の深い理解をもたらしたが、一方でそのモデル生物の数が現存する生物種の数と比べて極めて限られていることが多様性の理解の限界になっていることは疑いようもないものと思われる。

そして、現在はモデル生物を研究している皆さまの中にもモデル生物以外にも興味のある生物をお持ちの方も少なくないのではないだろうか。では研究者がその興味深い特質を持つ非モデル生物を「自らの」モデル生物にするために必要なものは何であろうかと考えると、おそらく現代の生物学者にとって最も必要な情報はゲノム情報だろう。

約 20 年にわたる次世代シーケンサーの絶え間ない技術革新により、現在ではゲノム解析や RNA seq 解析のコストは wet な研究室の手の届くところまで降りてきた。一方で、データ解析の手法やノウハウについてはまだ十分に行き渡ったとは言えないが、ユニークで魅力あふれる生物を「自らの」モデル生物にするためのハードルが大きく下がったのは間違いない。さらに言えば、植物学会には分類学や生態学の研究者も広く参加されておられるが、今後は異なる分野の研究者同士の共同研究により、非モデル生物の生き物の魅力を探したり、入手したりする動きもより活発になるのだろうと期待している。

本総説集は日本植物学会第 87 回大会（2023 年 9 月）で開催されたシンポジウム「次世代シーケンサーがスポットライトを当てた「なまら」面白い生き物たち」の内容をまとめた

ものである。講演者にはこの総説集への執筆を快くお引き受けいただいた。講演順に、中村保一先生にはゲノム解読の歴史に加えイエネコ、アカシソ、ベンサミアナタバコの、松永幸大先生にはメダカ水槽から見つかったメダカモの、神川龍馬先生には非光合成性珪藻 *Nitzschia putrida* の、榊原恵子先生には陸上植物の進化の初期に維管束植物とも蘚苔類とも分かれ、独自の進化を辿ったツノゴケの、坂本智昭先生には水陸両生植物 *Rorippa aquatica* の、それぞれの生き物の魅力やゲノム解析についてご執筆いただいた。また、高林は非モデル光合成緑藻の RNA seq について執筆させていただいた。本総説で取り扱われた非モデル生物はそれぞれに「なまら」面白い生き物であり、しかも本総説はその非モデル生物のゲノム解析の実際についての貴重な情報を満載していることから、ぜひお読みいただきたい。

最後に、執筆の機会を提供してくださった植物学会の電子出版物編集委員の方々に、この場を借りて感謝する。