

課題名 (タイトル) :

脊椎動物ファイロタイプの分子レベルでの解明

利用者氏名 : 入江直樹

所属 : 神戸研究所 発生再生総合科学研究センター
形態進化研究グループ

本課題の研究の背景、目的、関係するプロジェクトとの関係

本研究は、脊椎動物の系統発生と個体発生の関係性を明らかにしようとするものであり、脊椎動物の基本的ボディプラン構築の発生学的裏付けを分子発生的視点より得ようとするものである。本分野では Ernst Haeckel が 19 世紀に示した反復説を皮切りに、様々な理論モデルが提唱されてきたものの、未だ具体的に検証可能な形で関係性を示した報告は少なく、専門家の中でもコンセンサスは得られていない。そこで我々は、異なる生物種間で様々な発生ステージの進化的類似性を分子発生的視点より同定することを通して、この問題に取り組むこととした。過去には様々な形態情報の数値化によりこの問題に取り組んできた研究が多く見られたが、本研究では遺伝子発現レベルでの比較解析によりこの目的を達成する。

1. 具体的な利用内容、計算方法

脊椎動物 4 種における遺伝子オーソロジーの決定を行うため、遺伝子配列のアラインメント、比較を行い、相同遺伝子の定義を行った。対象とした配列データは現在ゲノムが決められている数十種に及ぶ生物種由来の遺伝子配列データであり、これら配列に対して類似性検索を行った。加えて、異なる発生ステージ間での遺伝子発現プロファイルの類似性比較を行うべく、数百万通りの組合せにおいて類似性検索を行った。Pearson 積率相関係数、Spearman 相関係数、総マンハッタン距離、総ユークリッド距離など、類似性の指標とした解析値は比較的簡単ではあるが、組合せの数の多さより並列化を考慮したプログラムを作成し、実行した。

2. 結果

遺伝子発現類似性の高い発生段階を異なる動物種間で同定することができ、これらが統計解析上有意なものであることがわかった。また同定された発生段階は発生砂時計モデルが示唆していた発生の器官形成期と一致することもはじめて明らかとなった。

3. まとめ

これまで異なる脊椎動物種間での類似性評価は、コンセンサスの得られない形態評価が主であったが、今回の我々の解析により分子レベルからそのコンセンサス形成に向けて議論が進むことが期待される。また、異なる種における発生タイムテーブルの比較という可能性が今回の解析により示されたため、これまで分子レベルではほとんど研究されてこなかった発生タイムテーブルの異時性の問題など、重要な土台となることが期待される。

4. 利用研究成果が無かった場合の理由

現在、成果をまとめた論文を投稿中である。