

生物系



ナメクジウオ・ゲノムの解読により、脊椎動物の起源を解明

京都大学大学院理学研究科教授 佐藤 矩行

【研究の背景】

1859年のダーウィンの進化論発表以来、ヒトを含む脊椎動物の起源と進化については、長い間議論が続いてきました。

脊椎動物は、ホヤなどの尾索類、ナメクジウオなどの頭索類とともに脊索動物門（脊索と背側中空神経管をもつ動物）を構成しますが、この3群の関係が不明瞭でした。

私たちの研究グループは、国立遺伝学研究所・米エネルギー省共同ゲノム研究所との共同研究で2002年にホヤのゲノムを解読しましたが、今回は国立情報学研究所も加えてナメクジウオのゲノムを解読し、脊椎動物起源の問題にアプローチしました。その成果については、Nature誌に掲載されています(図1)。

【研究の成果】

今回、ナメクジウオ・ゲノムを解読した結果の概要は、以下のとおりです。

- (1) 520Mbのゲノムに約21,900のタンパク質をコードする遺伝子が存在する。
- (2) これまでに解読された動物ゲノムを比較して脊索動物の系統類縁関係を調べると、頭索類が最も早期に起源し、尾索類と脊椎動物はその後に進化した姉妹群となる。
- (3) ナメクジウオと脊椎動物のゲノム間にマクロシンテニー（染色体レベルでの遺伝子の並びの保存）が認められる。それをもとに17本の脊索動物の基本的染色体構成を描くことができ、さらにそこからヒト染色体に至った変化を推論することができる。
- (4) これまで、個々の遺伝子レベルで指摘されてきた脊椎動物進化の際の2回の遺伝子重複仮説（2R仮説）をゲノムワイドで証明できる。

これらの成果をふまえると、脊索動物の進化については、①自由遊泳性の祖先からまず頭索類が起源し、②脊椎動物は頭索類様祖先から頭部、顎部、四肢などを発達させることによって直接的に進化し

たと推論でき、③尾索類は頭索類の祖先から濾過摂食に適応すべく独特の進化を遂げた、と考えられます(図2)。

【今後の展望】

今後は、半索動物ギボシムシ（脊索動物に最も近い脊索をもたない動物）やヤツメウナギ（頭索類に最も近い脊椎動物）のゲノムを解読し、比較ゲノム科学的に脊索動物の進化のメカニズムに迫りたいと考えています。



図1 ナメクジウオ・ゲノムの解読論文を掲載した Nature誌6月19日号の表紙。

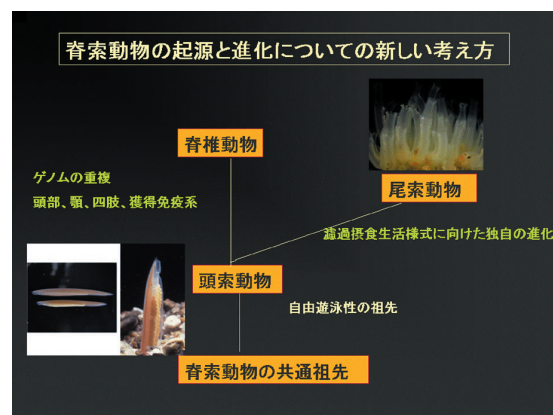


図2 ナメクジウオ・ゲノムの解読をもとに推論される脊索動物の進化と脊椎動物の起源(本文参照)。

【交付した科研費】

平成17-21年度 特定領域研究「脊椎動物起源の研究」