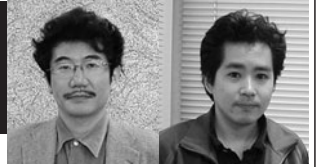


B 5 ヒトゲノムと類人猿ゲノムを比較して ヒト特異的な遺伝子の変化を探る



ゲノムでわかる
進化の秘密

展示責任者 斎藤 成也

展示責任者所属 情報・システム研究機構 国立遺伝学研究所 国立遺伝学研究所 国立遺伝学研究所 国立遺伝学研究所

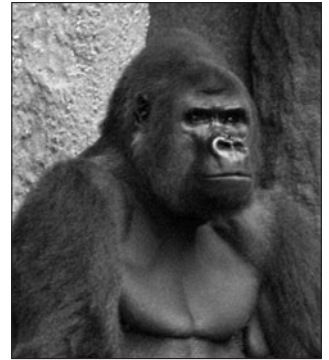
人間は他の生物と似ているところも多いですが、明らかに異なっているところもあります。私たちはこのような類似点、相違点をゲノムのレベルで明らかにしようとしています。人間を生物としてとらえるときには、日本語では片仮名を用いて「ヒト」と表わします。ヒトに進化上一番近い生物は、類人猿です。その中でも、チンパンジーとボノボ、ピグミーチンパンジーが最もヒトに系統的に近いことがわかっています。そこで私たちは、チンパンジー、ゴリラ、オランウータンという類人猿のゲノムの一部分をヒトゲノムと比較するという研究をしています。比較しているゲノムの部分としては、ヒト21番染色体長腕全体(3300万塩基)、HoxA遺伝子群(20万塩基)、Rh式血

液型遺伝子(20万塩基)です。また、ゲノム中に散らばっている103個の遺伝子を調べて、ヒトがチンパンジーとの共通祖先から別れた後の約600万年間に、ヒトの進化系統で蓄積したアミノ酸

の変化は、およそ8万個あっただろうと推定しました。このような変化の中の一部が、特に著しいヒトと類人猿との違いを生んだのだろうと考えられます。



チンパンジー



ゴリラ

B 6 カイコのゲノムの特徴



ゲノムでわかる
進化の秘密

展示責任者 嶋田 透

展示責任者所属 東京大学大学院農学生命科学研究科

昆虫のゲノム解析は、ショウジョウバエとハマダラカ(いずれも双翅目に所属)が先行して進められてきたが、わが国を中心にカイコ(鱗翅目)のゲノムが解読され始めており、すでに約80%の塩基配列が解読された。私たちは、おもにcDNAの解析からカイコのゲノムには多くの特異的な遺伝子が存在することを示すとともに、トランスジェニック技術やDNAマイクロアレイなどにより鱗翅目昆虫特有の遺伝子ネットワークを解明しようとしている。今回は、進化の過程で細菌から鱗翅目昆虫へ水平移動したと考えられる遺伝子、鱗翅目昆虫固有の生体防御遺伝子、およびカイコ特有の性決定の仕組み等について解説する。

また、カイコは野外でまったく生存できない究極の家畜であり、これは養蚕の歴史5000年の間に人間による選抜でゲノムが改変されてきたためである。カイコの野生種であるクワコのゲノムをカイコのそれと比較すれば、カイコの家畜

化の歴史と人間の営みの両方を解明することができる。その研究計画についても解説する。

137解析したカイコ遺伝子の約半数を洗い出した

EST ID	長さ (bp)	重複数	特徴
W001	1000	1	...
W002	1200	2	...
...

鱗翅目昆虫特有の遺伝子 (Drosophilaで他生物の既知遺伝子に相関性を示さない E-value = 0.01)

- カイコの遺伝子 (約20,000個) のうち5~10%をしめる
- 微生物感染時に誘導される遺伝子、分泌性タンパク質をコードする遺伝子が多い (delta-1, myosin, gloxinin, 30R, hemolymph protein, etc.)
- 数個~数十個の遺伝子がファミリーを成す場合が多い

細菌から鱗翅目昆虫ゲノムへ水平移動した遺伝子

細菌特有の遺伝子の例 (糸状菌由来のβ-グルコシダーゼ、リゾチミン、リゾチミン阻害剤、アミロイジン、アミロイジン阻害剤)

6000 cDNAを搭載したマイクロアレイを用いて変態・体形・性分化・病原感染などに伴う遺伝子発現を解析した

種への変態に伴う経路長の遺伝子発現

Gene	30 ESTs	72 ESTs	27 ESTs	12 ESTs	74 ESTs	84 ESTs
...

クワコBombyx mandarinaはカイコB.moriと交雑可能な近縁種だが、形態や生態は著しく違う。クワコのBACライブラリーを構築するとともにOILマッピングを行い、産卵行動、産卵能力などの遺伝子座を解析する

カイコ

クワコ