



2015年11月19日

沖縄科学技術大学院大学
広島大学

私たちの遠い祖先の謎が明らかに！ — ギボシムシのゲノムから考察する新口動物の起源 —

この度、沖縄科学技術大学院大学（OIST）、広島大学をはじめとする日米を中心とした研究チームが 2 種類のギボシムシのゲノムを解読することに世界で初めて成功しました。その結果、今からおよそ 5 億 4 千万年以上前まで遡るヒトの祖先の進化に、咽頭部の器官形成能力の獲得が大きな役割を担ってきたことが明らかになりました。本研究成果は 2015 年 11 月 18 日号の英科学誌ネイチャー電子版に掲載されました。

ギボシムシとは

ギボシムシは海底の砂泥の中で生活する無脊椎動物で、浅い海から深海にまで分布しています。和名の由来は、吻とよばれる体の前端部分の形状が、寺や橋の欄干に使われる擬宝珠に似ていることからきています。英語では通称ドングリ虫 (acorn worm) とよばれ、これも吻の形状からきています。ギボシムシの体全体は細長く、吻につづいて、襟部、体幹部と 3 領域から構成されています。体幹部の前半分に鰓が開いていて、分類名の腸鰓類はこの大きく目立つ鰓部に由来します。ギボシムシは前端部の近くにある口から砂を食べ、鰓の部分で海水をろ過し、後端部の近くにある肛門から砂を排出します。海水浴などの際に多くの方が目にふれているのは、ギボシムシが排泄した砂が積もった糞塊です。体全体を覆う大量の粘液は鰓においてろ過に働くほか、砂の中の細菌からの防御の役割も果たすと考えられており、この粘液は臭化化合物を含むため、ギボシムシの多くは特殊な臭いを発します。

<研究の背景と経緯>

ヒトを含む脊椎動物は、ホヤの尾索動物、ナメクジウオの頭索動物とともに脊索動物と呼ばれる動物群を構成しています。脊索動物に近縁な動物群としてウニやヒトデなどの棘皮動物、ギボシムシなどの半索動物がいます。棘皮動物と半索動物は発生様式の類似性などから歩帯動物（あるいは水腔動物）群と呼ばれており、この歩帯動物と脊索動物は発生の初期で消化管を作るときに、最初に陥入した部分（原口）が将来の肛門になり、口は後に新しく開くという共

通点を持つことから、新口動物群^{*1}と呼ばれています。つまりヒトは、今からおよそ 5 億 4 千万年以上前のカンブリア爆発^{*2}に起源を発する新口動物の祖先、脊索動物の祖先、脊椎動物の祖先、哺乳類の祖先を通して進化してきたこととなります（図 1）。

新口動物の共通の祖先については長らく議論が続いていましたが、これまでのいくつかの研究により、鰓裂（鰓の裂け目の構造）が新口動物の共有派生形質なのではないかと考えられるようになりました。そこで、研究チームは生物の全遺伝情報であるゲノムの比較解析を行うことでこれを明らかにすることにしました。

新口動物の中で脊索動物および棘皮動物のゲノムはすでに 2008 年までに解読されていました。最後に残ったのが半索動物門に属するギボシムシのゲノム解読で、今回これに挑戦することとなりました。

<研究内容>

ギボシムシのゲノム解読

本研究では、主として太平洋に棲息するヒメギボシムシ (*Ptychodera flava*) (写真 1) と、主に大西洋に棲息するクビナガギボシムシ (*Saccoglossus kowalevskii*) (写真 2) の 2 種のギボシムシのゲノムを解読し、他の生物と比較解析しました。ヒメギボシムシのゲノム解読には OIST の次世代型シーケンサーを駆使しました。そして、半索動物では世界で初めてゲノム解読に成功したことになります。

その結果、ギボシムシのゲノムには、*Nkx2.1*, *Nkx2.2*, *Pax1/9*, *FoxA* という 4 つの転写因子を作り出す遺伝子が 1 つのクラスターを作って保存されていることが分かりました。しかも、これら 4 つの遺伝子はすべて鰓形成部境界を特徴づける発現を示しており、*FoxA* は、鰓部のみを除いて発現し、他の 3 つは鰓部のみで発現します。この遺伝子クラスターは旧口動物ではその存在が認められませんでした。

よって、これらの遺伝子群は、新口動物の祖先において生じ、形態的に際立った咽頭部（鰓部）の形成を制御する役割を担ってきたことが示唆されました。そこで、そのゲノム領域を「咽頭部形成遺伝子クラスター」と呼ぶことにしました。

新口動物特有の遺伝子

さらに本研究では、鰓裂の獲得と同時に、新口動物の祖先が獲得した、新口動物に特異的な遺伝子について調べました。これには 2 種のギボシムシを含む 11 種の新口動物にくわえ、2 種のギボシムシを含む 11 種の新口動物を入れて、34 種の動物のデータを用いました。

その結果、新口動物に共通する遺伝子として 9000 弱の遺伝子群が同定されました。ヒトの手や鳥の羽、猫の足、イルカのヒレなどは形も機能も違いますが、発生上の起源は同じで、形態学的には相同関係にあるといます。形態学と同様に、遺伝子が相同であるかどうかを、共通の祖先に由来するかどうかで調べることができます。

今回の解析で、ヒトのゲノムにはこれら 9000 弱の遺伝子群と相同性を示す遺伝子が少なくとも 14,000 存在することが明らかになりました。このことはつまり、ヒトはゲノムのおよそ 70 パーセントの遺伝子を新口動物の祖先と共有していることとなります。9000 弱の遺伝子群のうち、369 は他の動物のゲノムには存在しません。

この中から 31 の遺伝子群について新口動物を進化的に特徴づける遺伝子の候補とした結果、新口動物はろ過摂食に必要な繊毛および粘液の進化も進んだことが示唆されました。

つまり、新口動物の祖先はおそらく現生のギボシムシに似た生物で、繊毛、鰓裂、粘液を持ち、ろ過摂食に適した環境に棲息していたと考えられます。ギボシムシにおいては現生の生物においてもなお粘液と繊毛を利用したろ過摂食を行い、粘液に関連するタンパク質の多様化が続いていることも示唆されました。

<研究の意義・今後の展望>

本研究でヒメギボシムシのゲノム解読の中心的役割を担った元 OIST 研究員で現在筑波大学助教の川島武士博士は、「新口動物の進化の歴史は新口動物のゲノムに記されていると期待して解析を続けてきたが、今回の研究でまさにそれを裏づけるようなデータが、ギボシムシのゲノム解析から浮かび上がってきたと言えます」と語っています。

一方のクビナガギボシムシのゲノム解読において主導的役割を果たした OIST 研究員のオレグ・シマコフ博士は、「今回の研究で、カンブリア爆発がもたらした生物種の多様化と、咽頭部形成と関連した新口動物の祖先に関する考察が、進化研究史上初めて可能になったこととなります」と話しています。

これまで脊椎動物の起源、脊索動物の起源と研究を進めてきた OIST マリンゲノミクスユニット主宰の佐藤矩行教授は、「脊椎動物をはじめとして多くの動物がどのように進化してきたのかという問題は、生物学の中でも最も解明が難しいものです。今回の研究は、鰓という構造を作り出す能力を獲得することによって、新口動物が進化の過程で旧口動物から分かれたということをゲノム科学的に証明する大発見となりました。ギボシムシのゲノムの中には、新口動物の進化や脊椎動物の起源の謎をとくカギがまだ沢山秘められていますので素晴

らしいゲノム解読になったと思います」と語っています。

OIST 佐藤教授と 20 年前に、世界に先駆けギボシムシ研究を開始した広島大学大学院理学研究科附属臨海実験所の田川訓史准教授は、「今回のゲノム解読により、ギボシムシのような鰓を備えたる過摂食の新口動物祖先像が明らかとなり、今後の左右相称動物の祖先像の解明に迫る大きな一歩となったと思います」と語っています。

<用語説明>

※1 新口動物と旧口動物

動物は体づくりの初期過程で原腸（消化管の原基）を作る際に、原口から細胞が陥入していきませんが、この原口が消化管の口になり後で肛門を開く動物と、原口が肛門になり後で口を開く動物がいます。前者を旧口動物（または前口動物）、後者を新口動物（または後口動物）と呼びます。旧口動物には、プラナリア、ミミズ、軟体動物、昆虫などが含まれます。新口動物には、棘皮動物（ウニやヒトデなど）、半索動物（ギボシムシやフサカツギなど）、脊索動物（ヒトやナメクジウオ、ホヤなど）が含まれます。

※2 カンブリア爆発

化石記録の調査により、今からおよそ 5 億 4 千万年前の先カンブリア紀の終わりの地層から、現生の動物につながる生物化石がいつせいに出現することが知られている。この時期の動物の急速な放散を爆発にみたてて、「カンブリア紀の爆発(Cambrian Explosion)と呼ぶ。

<発表論文 詳細>

発表先および発表日：Nature（ネイチャー）

電子版：2015 年 11 月 18 日（水曜日）18 時 00 分（英国ロンドン時間）

論文タイトル：Hemichordate genomes and deuterostome origins（ギボシムシのゲノムと新口動物の起源）DOI: 10.1038/nature16150

著者：Oleg Simakov^{[1-19]*}, Takeshi Kawashima^{[2]*}, Ferdinand Marlétaz^[3], Jerry Jenkins^[4], Ryo Koyanagi^[5], Therese Mitros^[6], Kanako Hisata^[2], Jessen Bredeson^[6], Eiichi Shoguchi^[2], Fuki Gyoja^[2], Jia-Xing Yue^[7], Yi-Chih Chen^[15], Robert M Freeman Jr^{[8]+}, Akane Sasaki^[9], Tomoe Hikosaka-Katayama^[10], Atsuko Sato^[11], Manabu Fujie^[5], Kenneth W. Baughman^[2], Judith Levine^[12], Paul Gonzalez^[12],

Christopher Cameron [¹⁸], Jens Fritzenwanker [¹²], Ariel M. Pani [²⁰], Hiroki Goto [⁵], Miyuki Kanda [⁵], Nana Arakaki [⁵], Shinichi Yamasaki [⁵], Jiaxin Qu [¹³], Andrew Cree [¹³], Yan Ding [¹³], Huyen H. Dinh [¹³], Shannon Dugan [¹³], Michael Holder [¹³], Shalini N. Jhangiani [¹³], Christie L. Kovar [¹³], Sandra L. Lee [¹³], Lora R. Lewis [¹³], Donna Morton [¹³], Lynne V. Nazareth [¹³], Geoffrey Okwuonu [¹³], Jireh Santibanez [¹³], Rui Chen [¹³], Stephen Richards [¹³], Donna M. Muzny [¹³], Andrew Gillis [²¹], Leonid Peshkin [⁸], Michael Wu [⁶], Tom Humphreys [¹⁴], Yi-Hsien Su [¹⁵], Nicholas Putnam [⁷], Jeremy Schmutz [⁴], Asao Fujiyama [¹⁷], Jr-Kai Yu [¹⁵], Kunifumi Tagawa [⁹], Kim C Worley [¹³], Richard A. Gibbs [¹³], Marc W. Kirschnner [⁸], Christopher J Lowe [¹²], Noriyuki Satoh [²]#, Daniel S Rokhsar [^{1,6,16}], John Gerhart [⁶]

[1] Molecular Genetics Unit, Okinawa Institute of Science and Technology Graduate University, Onna, Okinawa 904-0495, Japan

² Marine Genomics Unit, Okinawa Institute of Science and Technology Graduate University, Onna, Okinawa 904-0495, Japan

³ Department of Zoology, University of Oxford, Oxford, United Kingdom

⁴ HudsonAlpha Institute of Biotechnology, Huntsville, Alabama, USA

⁵ DNA Sequencing Section, Okinawa Institute of Science and Technology Graduate University, Onna, Okinawa 904-0495, Japan

⁶ Department of Molecular and Cell Biology, University of California, Berkeley California USA

⁷ Department of Ecology and Evolutionary Biology, Rice University, Houston 77005, Texas, USA

⁸ Department of Systems Biology, Harvard Medical School, Boston, Massachusetts

⁹ Marine Biological Laboratory, Graduate School of Science, Hiroshima University, Onomichi, Hiroshima, Japan

¹⁰ Natural Science Center for Basic Research and Development Center for Gene Science, Hiroshima University, Higashi-Hiroshima, Hiroshima 739-8527, Japan

¹¹ Marine Biological Association of the UK, The Laboratory, Citadel Hill, Plymouth, PL1 2PB UK

¹² Department of Biology, Hopkins Marine Station, Stanford University, Pacific Grove, California

¹³ Human Genome Sequencing Center, Department of Molecular and Human Genetics, Baylor College of Medicine, One Baylor Plaza, MS BCM226, Houston, TX 77030

¹⁴ Institute for Biogenesis Research, University of Hawaii, HI 96822, USA

¹⁵ Institute of Cellular and Organismic Biology, Academia Sinica, Taipei, Taiwan

¹⁶ US Department of Energy Joint Genome Institute, Walnut Creek, CA, USA

¹⁷ National Institute of Genetics, Mishima, Shizuoka 411-8540, Japan

¹⁸ Département de sciences biologiques, University of Montreal, Canada

¹⁹ Department of Molecular Evolution, Centre for Organismal Studies, University of Heidelberg, Germany

²⁰ University of North Carolina at Chapel Hill, NC, USA

²¹ Department of Zoology, University of Cambridge, Cambridge, United Kingdom

*contributed equally

\$ current address: Dovetail Genomics, Santa Cruz, California, USA

current address: University of Tsukuba, Tsukuba, Ibaraki 305-572, Japan

+ current address: FAS Research Computing, Harvard University, Cambridge, MA 02138

本件お問い合わせ先

<研究について>

沖縄科学技術大学院大学 マリンゲノミクスユニット 教授 佐藤矩行

TEL: 098-966-8634 E-mail: norisky@oist.jp

広島大学 広島大学大学院理学研究科附属臨海実験所 准教授 田川訓史

TEL: 0848-44-6055 E-mail: kuni@hiroshima-u.ac.jp

<各研究機関について>

沖縄科学技術大学院大学

コミュニケーション・広報ディビジョン メディアセクション 名取 薫

TEL: 098-966-8711 (代表) TEL: 098-966-2389 (直通) E-mail: kaoru.natori@oist.jp

広島大学

学術・社会産学連携室広報グループ 三戸 里美

TEL: 082-424-3701 E-mail : koho@office.hiroshima-u.ac.jp



ビデオ1
クビナガギボシムシが砂を食べている様子
(提供: Chris Lowe)



写真1 ヒメギボシムシ
(写真提供: 田川訓史)



写真2 クビナガギボシムシ
(写真提供: John Gerhart)

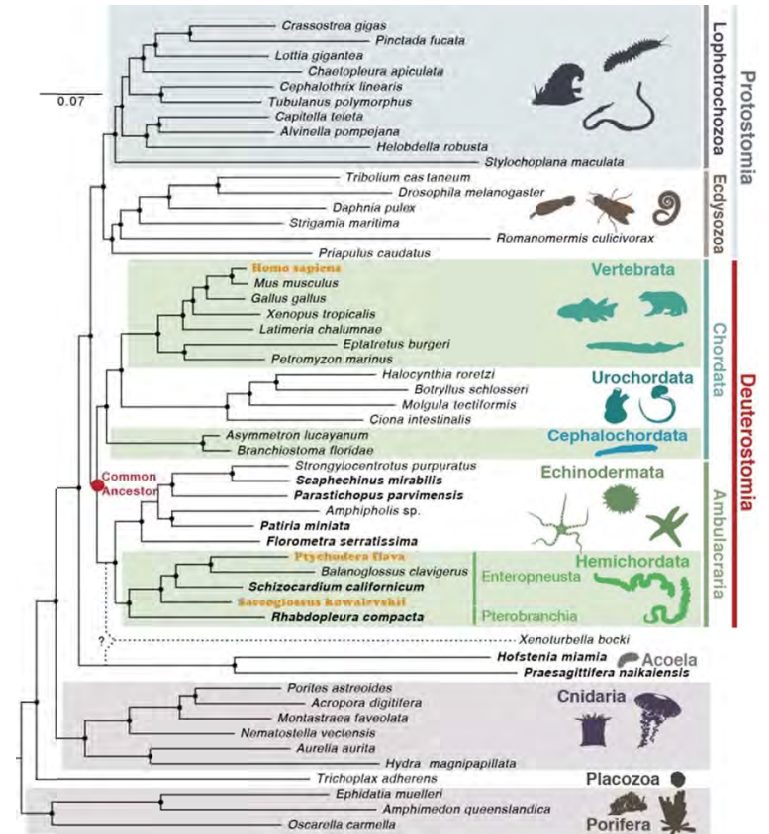


図1 進化図
ヒトは (*Homo sapiens*) は、新口動物 (Deuterostomia) の祖先、脊索動物 (Chordata) の祖先、脊椎動物 (*Vetebrata*) の祖先、哺乳類の祖先を通して進化してきた。脊索動物に近縁な動物群としてウニやヒトデなどの棘皮動物 (Echinodermata)、ギボシムシなどの半索動物 (Hemichordata) がある。棘皮動物と半索動物は発生様式の類似性などから歩帯動物 (Ambulacraria) と呼ぶ。

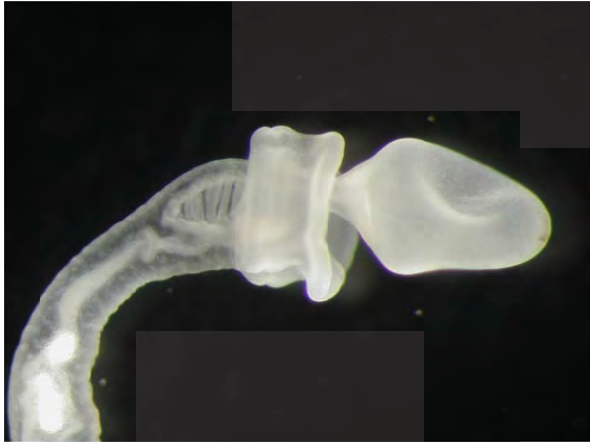


写真3 ヒメギボシムシ変態後14日。形態的に際立った鰓部がよく分かる。
(写真提供：田川訓史)



写真4
クビナガギボシムシ幼体。成体の鰓になる領域が青色の染色によって示されている。
(写真提供: Andrew Gillis)

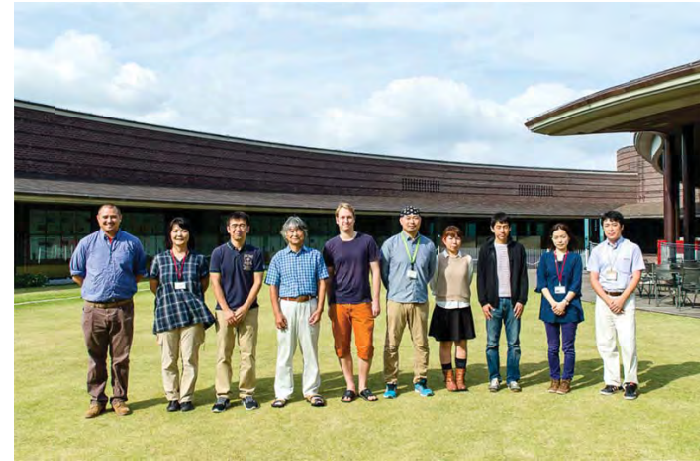


写真5 本研究に携わった OIST メンバー。左から4番目が佐藤矩行教授、5番目が論文筆頭著者のオレグ・シマコフ博士。
(写真提供：OIST)



2015年11月13日

沖縄科学技術大学院大学
琉球大学
東北大学
日本大学

魚類ゲノム進化3億年の謎に迫る

私たちヒトを含む脊椎動物は、今から5億年ほど前の祖先で2回にわたってゲノム（全遺伝情報）が倍になる「全ゲノム重複」^{*1}を経験しました。また、同じ脊椎動物である真骨魚類（約2万6千種が含まれる魚類の中心的グループ）では、さらにもう1回の全ゲノム重複を経験しました。これらの全ゲノム重複が脊椎動物の進化にどのように影響を及ぼしたかについては未だに明らかになっておらず、国内外の研究者がその解明に向けて凌ぎを削っています。

この度、沖縄科学技術大学院大学（OIST）、琉球大学、東北大学および日本大学に所属する5人の研究者たちが、魚類の中心的グループである真骨魚類のゲノム形成について、新たな系統解析^{*2}プログラムと数理モデルを駆使して解析した結果、約3億年前に真骨魚類の祖先において3回目の全ゲノム重複が起った後、コピーされた重複遺伝子がまとめて欠失し、急速に現在の姿に近いゲノムに再構成されたことを突き止めました。これは、真骨魚類の本格的な多様化が起こる前にはゲノムの基本構造が出来上がっていたことを明示するもので、真骨魚類がどうしてこれほどまでに適応・多様化し、繁栄しているのかという疑問を明らかにする手がかりとなります。本研究成果は2015年11月16日の週に米国科学アカデミー紀要（PNAS）電子版に掲載されます。

真骨魚類

魚類は、約6万種といわれる脊椎動物のうちのおよそ半分をしめるグループで、その大半は2万6千種以上が含まれる真骨魚類と呼ばれるグループからなります。地球上で最大の脊椎動物のグループである真骨魚類は、堅く発達した骨格、なめらかな鱗、うちわ状の均整のとれた尾びれなどが特徴で、南極の氷の下から数千メートルの深海、熱帯のジャングルを流れる川にいたるまで、あらゆる水域にその存在を認めることが出来ます。私たちの食卓に上がる魚のほぼ全てが真骨魚類です。

研究のきっかけ

全ての脊椎動物は、その祖先の段階で2~3回の全ゲノム重複を経験しています（図1）。ゲノムという遺伝情報のセットがいったん倍になるという劇的な現象は、脊椎動物の成立に大きな役割を果たしたはずですが、実際ゲノム進化がどのように脊椎動物の発展に関わったのかは謎に包まれています。その謎の一つは遺伝子数です。例えば真骨魚類では、約3億年前に独自の全ゲノム重複を経験し、遺伝子の総数がおおよそ2万から4万個に倍化したものの、今では四足類（両生類・爬虫類・鳥類・哺乳類）とほぼ同じ約2万個に戻っています。このことは、真骨魚類が余分な遺伝子を失いつつ、新たな遺伝子を獲得して進化したことを示唆しています。しかし、倍加した遺伝子は互によく似ていることもあり、真骨魚類の遺伝子が四足類のどの遺伝子に対応するかなどがはっきりせず、比較が困難なために遺伝子の進化について深い探求ができないのが現状でした。そこで研究チームは、最近の研究によりその全遺伝情報が解読された魚類が増えてきたことをふまえ、分子系統解析^{*2}を生かした大規模なゲノムデータ解析によって、この停滞状況を打破することを考えました。

ゲノムデータ解析

研究チームは、まず大量のゲノム情報から祖先を同じくする遺伝子を見つけ出すために、論文第一著者であるOISTの井上潤博士を中心に、進化学の本格的な分析手法を適用した解析プログラムを新たに開発しました。そしてそれを用いた分析結果と、分岐関係と分岐年代の信頼度が高まった脊椎動物の最新の系統樹（図2A）を活用して、真骨魚類の進化過程で重複した遺伝子が欠失・残存するパターンの解析を試みました。その結果、全ゲノム重複の後に遺伝子数は急激に減少し（第1フェーズ）、その後は緩やかに欠失（第2フェーズ）していることが分かりました（図2C グラフの実線）。

この第1フェーズの減少の程度は、先に予備的研究で第二著者である東北大学助教の佐藤行人博士らが見出していた以上に急激なものでした。そこで、この遺伝子の欠失パターンの背景を探るため、第三著者であるOISTのロバート・シンクレア准教授が中心となって、遺伝子欠失のメカニズムをモデル化した新たな数理解析を導入しました（図2C）。すると、第1フェーズの急峻なカーブで示された減少過程は、全ゲノム重複後のわずか6千万年余りの短い期間に重複遺伝子の約8割がブロックとしてまとめて失われたことによって引き起こされたことと推定されました。一方、第2フェーズの緩やかなカーブで示された減少過程は、遺伝子が個別に欠失によるものと推定されました。

さらに研究チームは、祖先を同じくする遺伝子のゲノム上の位置を手がかりにゲノム構造を比較しました（図2B）。すると、四足類と真骨魚類間（ヒト対メ

ダカ) では大きく異なるものの(図2B上の円内部の線が激しく交差している)、真骨魚類同士(ゼブラフィッシュ対メダカ)では非常に類似していることが分かりました(図2B下の円内部の線がほぼ交差していない)。

以上を総合すると(図2C下)、全ゲノム重複の直後(第1フェーズ)に主に遺伝子のブロック欠失によって急激な遺伝子欠失が生じて、真骨魚類の基本的なゲノム構造が形成されたと言えます。それでは、これら2段階にわたる遺伝子欠失は、真骨魚類の特徴形成において何を意味するのでしょうか?種数を比較してみると(図2A)、真骨魚類ではその97%にあたる約2万6千もの多様な種が第2フェーズで出現しています。すなわち、真骨魚類の爆発的な多様化は、第2フェーズで見られる各系統独自の遺伝子別の欠失や、重複遺伝子の片方あるいは双方の別の機能を持つ遺伝子への変化と深く関わっていることが推測されます。

今回の研究では他にも重要な成果がありました。それは、ゲノム重複後の早い時期に片方が欠失した後もずっと残ったシングルコピー遺伝子(ゲノム中に1つだけある遺伝子)1000余りを同定できたことです。これらの遺伝子は、真骨魚類の種の類縁関係でも謎のままである部分を解明するのに、有力な手がかりとなるものです。今後は、こうした系統解析面での展開も期待されます。

研究の意義

研究チームのリーダーを務めた琉球大学の西田睦博士は「今回の研究は、重複後のゲノム進化の様子を時間軸に沿って明確に示した最初の例であり、生物の進化とゲノム再編の関係を調べる上で大きな一歩を踏み出せたと思います」と述べています。

今後の展望

次世代型シーケンサーの登場により、ゲノム研究が飛躍的に進展し、現在多くの生物のゲノム解読が進んでいます。そのデータが生物種間で適切に比較されていないため、進化研究にゲノムデータが十分に活かされていないのが現状です。このことについてOISTの井上博士は、「今回研究チームが真骨魚類のゲノム進化を探るために考案したゲノムの比較解析方法は、遺伝子の由来を明確にした上で生物間比較を可能にするもので、現時点では世界最高の精度を誇るものです」と語っています。今後、これをより広く脊椎動物進化の根幹で生じた全ゲノム重複の研究にまで適用することで、脊椎動物の起源と発展の謎に迫る知見が得られることが期待されます。

<用語説明>

※1 全ゲノム重複

生物の進化の過程において、ゲノムを構成する染色体セットならびに保持される遺伝情報がエラーによってコピーされて倍加すること。全ゲノム重複を起こして生き残った系統では、多くの場合は重複した遺伝子の片方は余分になるため、余剰遺伝子はゲノムから欠落し失われる。しかし、重複遺伝子の間でそれぞれが働く体の部位やタイミングが変化する突然変異が起こると、それらの遺伝子は余剰ではなくなるので消失できなくなり、双方とも存続することになる。このようにして生じ、存続することになった遺伝子の一部は、生物の体の複雑化に貢献していると考えられる。今から5億年以上も前のカンブリア紀に、脊椎動物の祖先では全ゲノム重複が2回起き、ゲノム全体がいったん4倍になったと考えられている。全ゲノム重複は植物ではよく見られるが、動物ではそれ以後には真骨魚類と一部の両生類でしか見られない。

※2 系統解析・分子系統解析

種間で遺伝子の塩基配列や体の形を比較して、生物が進化してきた道筋(系統)を推定する分析。このうち、系統に沿って伝達される遺伝子の塩基配列やこの遺伝情報から作られるタンパク質のアミノ酸配列などを比較データとして用いる分析を、分子系統解析と言う。

<発表論文 詳細>

発表先および発表日: 米国科学アカデミー紀要 (PNAS)

2015年11月16日(月)の週にPNAS電子版に掲載

論文タイトル: Rapid Genome Reshaping by Multiple-Gene Loss after Whole Genome Duplication in Teleost Fish suggested by Mathematical Modeling (真骨魚類の全ゲノム重複後に進行した多重遺伝子欠失による急速なゲノム再形成: 数理モデルによる示唆)

著者: Jun Inoue^{a,b,1}, Yukuto Sato^{c,d,1}, Robert Sinclair^{a,1}, Katsumi Tsukamoto^{b,e}, and Mutsumi Nishida^{b,f,2}

^a Mathematical Biology Unit, Okinawa Institute of Science and Technology Graduate University, Onna, Okinawa 904-0495, Japan;

^b Atmosphere and Ocean Research Institute, The University of Tokyo, Kashiwa, Chiba 277-8564, Japan;

^c Department of Integrative Genomics, Tohoku Medical Megabank Organization, Tohoku University, Sendai, Miyagi 980-8573, Japan;

^d DNA Data Analysis Laboratory, National Institute of Genetics, Mishima, Shizuoka 411-8540, Japan;

^e College of Bioresource Sciences, Nihon University, Fujisawa, Kanagawa 252-0880, Japan;

^f The University of the Ryukyus, Nishihara, Okinawa 903-0213, Japan

¹ Contributed equally to this work

² Corresponding author

本件お問い合わせ先

<研究について>

沖縄科学技術大学院大学 数理生物学ユニット 准教授 ロバート・シンクレア

TEL: 098-966-8624 E-mail: sinclair@oist.jp

沖縄科学技術大学院大学 数理生物学ユニット 研究員 井上 潤

TEL: 090-9293-4660 E-mail: jun.inoue@oist.jp

琉球大学 理事・副学長（研究・企画戦略担当） 西田 睦

TEL: 090-4750-6917 E-mail: nishida@jim.u-ryukyu.ac.jp

<各研究機関について>

沖縄科学技術大学院大学

コミュニケーション・広報ディビジョン メディアセクション 名取 薫

TEL: 098-966-8711 (代表) TEL: 098-966-2389 (直通) E-mail: kaoru.natori@oist.jp

琉球大学

研究推進機構 研究企画室 昆 健志

TEL: 098-895-8487 (直通) E-mail: kontake@lab.u-ryukyu.ac.jp

東北大学

東北メディカル・メガバンク機構 広報戦略室長 長神 風二

TEL: 022-717-7908 E-mail: f-nagami@med.tohoku.ac.jp

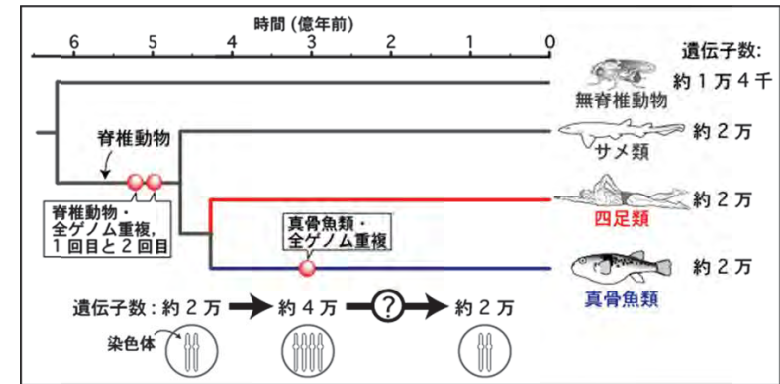


図1 主要な脊椎動物の進化パターンと遺伝子数。

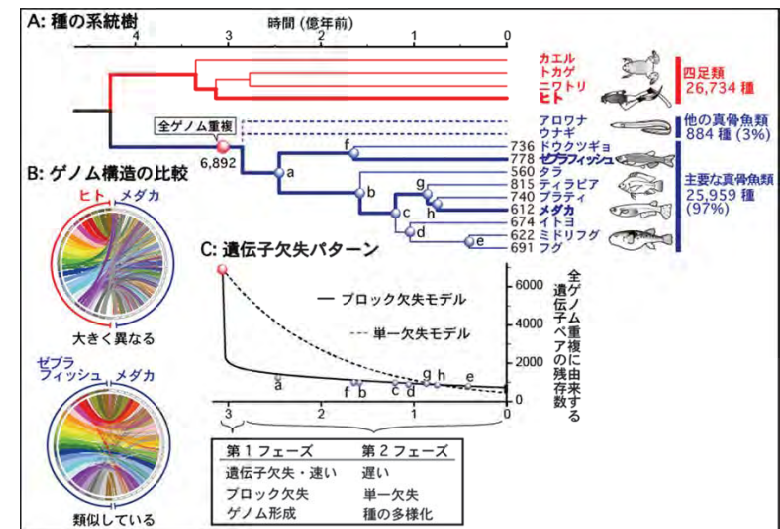


図2 真骨魚類・全ゲノム重複後の遺伝子欠失・維持パターン。Bでは、対応する遺伝子を線で結んで示している（色は左側の種の染色体に対応）。



写真1 ゼブラフィッシュ (写真提供：OIST)。

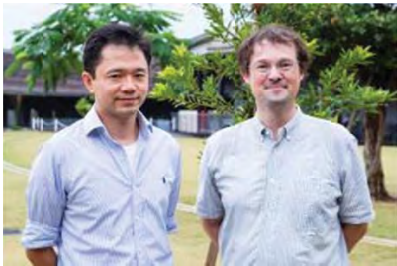


写真2 OIST 数理生物学ユニット研究員の井上潤博士(左)と同ユニット代表のロバート・シンクレア准教授 (写真提供：OIST)。



写真3 琉球大学 理事・副学長 (研究・企画戦略担当) 西田睦博士
(写真提供：琉球大学研究企画室)