ミニシンポジウム記録 頭足類学の創成—水産学における応用的基礎として—

4. ゲノム科学からみた頭足類

吉田真明^{1,2a}¹国立遺伝学研究所生命情報研究センター,²フロリダ大学ホイットニー海洋生物学研究所

4. Genomic studies of the cephalopods

MASA-AKI YOSHIDA^{1,2a}

¹Center for Information Biology, National Institute of Genetics, Mishima, Shizuoka 441-8540, Japan, ²The Whitney laboratory for Marine Bioscience, University of Florida, St. Augustine, FL 32080, USA

1. はじめに

ゲノム科学はゲノムプロジェクトと共に発展した分野で、生物の設計図であるゲノム DNA を解読することで重要な生命現象の機構を次々と解明してきた。さらに次世代シーケンス技術の目覚ましい発達によって、高速かつ低コストに遺伝子情報が得られるようになりゲノム科学は大きな転換点を迎えており、研究室単位でも動物の全ゲノム解析ができる時代がすぐそこまで来ている。

頭足類がもつ特異な点として、細胞数と構造の複雑さで脊椎動物に匹敵する脳神経系が挙げられる。脊椎動物におけるゲノム研究の結果から、全ゲノム重複による遺伝子数の増加が脳進化に寄与したことが示唆されている。頭足類ゲノムは一般的に巨大で、ヒトゲノム（約30億塩基対）より大きいものが大半である。ここで頭足類の巨大ゲノムは重複によるのであろうかという疑問が浮かぶ。しかし頭足類を含む軟体動物はゲノム科学の潮流から取り残された動物と言ってよく、ここ数年でようやくマガキ、アコヤガイ、およびセイヨウカサガイの3種の全ゲノム配列が論文として発表され、軟体動物内の全ゲノム比較解析が可能となった。本稿では我々のこれまでの取り組みと現在進行中のゲノムプロジェクトについて、頭足類学におけるゲノム科学の先端の取り組みを紹介したい。

2. ヒメイカの部分ゲノム配列決定とゲノムサイズ推定

ヒメイカ *Idiosepius paradoxus* は最も小型な頭足類の

1種で、実験室内での飼育と発生の観察が容易なことから我々は“モデル頭足類”として用いてきた。この種からゲノム配列情報を得るため、部分ゲノム配列決定を行い117 Mbpの塩基配列を得た。¹⁾ サンプリング率の推定から、これは全ゲノムの5.5%にあたる量で、ゲノムサイズが約21億塩基対であるとの推定値を得た。これは頭足類で知られている中で最小であり、精子DNA含量による実験的な検証からも支持された。またゲノム中の少なくとも10%以上がマイクロサテライト等の単純繰り返し配列であることも明らかになった。¹⁾

3. ヒメイカの全ゲノム配列プロジェクトと頭足類巨大脳の進化仮説

ヒメイカのゲノムサイズが小さいことは遺伝子モデルの推定に有利であるため、本種を頭足類ゲノム科学のモデルとして用いるべく、全ゲノム配列決定に挑戦を始めた。時を同じくして頭足類ゲノムにおける国際共同研究がスタートし、オウムガイを含めた10種の頭足類のゲノム解析が進行中である(The Cephalopod sequence consortium: <http://cephseq.org>)。ヒメイカと他の軟体動物の間で比較ゲノム解析を行ったが、全ゲノムレベルの重複の痕跡は見られなかった。これはホックス遺伝子群を1セットしか持たないこととも一致する。²⁾ 一方で神経接着分子やシナプス足場タンパクに部分的な遺伝子重複が見られることを見出した。これらの遺伝子は神経細胞の興奮やシナプス形成に働くことが知られ、多様な機能をもつ神経細胞を生み出すのに関わっている可能性がある。今後は、神経機能と結びつける分子・神経生物学研究や、行動や記憶など頭足類の特性を活かしたゲノム研究の発展が期待される。

文 献

- 1) Yoshida MA, Ishikura Y, Moritaki T, Shoguchi E, Shimizu KK, Sese J, Ogura A. Genome structure analysis of molluscs revealed whole genome duplication and lineage specific repeat variation. *Gene* 2011; **483**: 63–71.
- 2) Pernice M, Deutsch JS, Andouche A, Boucher-Rodoni R, Bonnaud L. Unexpected variation of Hox genes' homeodomains in cephalopods. *Mol. Phylogenet. Evol.* 2006; **40**: 872–879.

^a 日本学術振興会特別研究員 PD (JSPS postdoctoral research fellow)