

氏名： 吉田 真明  
所属： お茶大アカデミック・プロダクション  
職名： 特任リサーチフェロー  
学位： 理学博士／ Ph.D  
専門分野：  
E-mail： yoshida.masaaki@ocha.ac.jp  
URL： <http://whelix.info/yoshida>

#### ◆研究キーワード / Keywords

頭足類／眼の形態進化／生命情報  
Cephalopod / Evolution of eye structure / Bioinformatics

#### ◆主要業績

総数 (1) 件

・ Masa-aki Yoshida, Shuichi Shigeno, Kazuhiko Tsuneki, Hidetaka Furuya.  
Squid vascular EGF receptor: a shared molecular signature in the convergent evolution of closed circulatory systems. *Evolution & Development*. 12(1): 25-33. (2010)

#### ◆研究内容 / Research Pursuits

眼は動物の進化において独立に複数回獲得され、系統によって様々な形態が存在する。一方で、眼の形態形成において Pax-6 に代表されるように動物間で保存されたマスター遺伝子が存在し共通の遺伝子が見られる。いかなる遺伝子ネットワークの変化が形態的多様性に関与したかについて、未だ分かっていることは少ない。そこで我々は眼の形態多様化に関与した遺伝子を同定するため、カメラ眼をもつイカ・タコ、ピンホール眼をもつオウムガイ、およびミラー眼をもつホタテから眼に発現する遺伝子の cDNA library を作成し、配列決定を行った。これらの配列を種々の database と相同性検索を行い、各動物における保存性、機能推定を行った。また、これらの配列をもとにマイクロアレイを設計し、それぞれの動物の眼において共通して発現する遺伝子を同定した。その結果、頭足類のカメラ眼特異的な 2,893 遺伝子を同定し、さらなる機能発現解析を行っている。

To study diversification mechanisms of the eye, we used molluscs in which various types of eyes including the camera eye, the compound eye, the mirror eye, and the cup eye, evolved in one lineage. Especially we took notice of the camera eye of the cephalopods since its structure is very similar to that of the vertebrate. We compare gene expression profiles of cephalopod camera eye with non-camera eye molluscs using microarray analysis. We first obtained genes by constructing full-length cDNA libraries of the octopus, squid, Nautilus from the cephalopods and Pecten from the bivalves. We then developed the inter-species array that cover the genes related to the development, the function and the structure of molluscan eyes, and can detect differential gene expressions among species by hybridizing various samples to the array.

We found that 2,893 genes are expressed in the squid embryonic eye but not in the eyes of Nautilus and Pecten. Only 269/2,893 (9.3%) genes were adult-specific expression in the pygmy squid. Among them 634 genes are commonly observed in gene expression databases of vertebrate eye and retina. Here we could provide a platform and database for searching candidate genes involved in the camera-eye acquisition. Further experiments are in progress to perform functional analyses of the candidate genes and regulatory network prediction.

## ◆教育内容 / Educational Pursuits

研究室に所属する学生の分生生物学的実験の指導。  
また遺伝子情報の情報学的解析の補佐、指導。生命  
情報学研究センターの研究セミナーへの参加。

Research guidance for students in Department of  
Biology, Faculty of Science. Supportive activities for  
Bioinformatics analysis.

## ◆研究計画

現在頭足類を中心に行っている眼の進化解析を他の軟体動物に応用することで、ホタテに見られるミラー眼、イソアワモチの多重光受容系、またフネガイの複眼などの眼の形態に関与したゲノム変化について明らかにしていきたいと考えている。これの結果を複合することで眼の形態進化における遺伝子メカニズムを明らかにできると期待される。得られた遺伝子のうち、汎動物的に存在するものは解析の容易なモデル動物を利用してさらに機能解析を行う。また軟体動物独自の遺伝子についてはヒメイカなどの新モデル系の開発を行う。

また、本研究で用いている動物間の発現遺伝子比較法は、他の動物においても適応可能な汎用性の高い手法である。本方法を応用することで、動物の組織を特徴づける遺伝子の発現比較や、種分化の過程でおこったゲノム変化などの大規模比較が可能となる。実際、家禽や魚類の品種間におけるゲノム比較について共同研究を行っている。

## ◆メッセージ

様々な生物はそれぞれの生活環境に適応してその体を変化させています。その設計図である遺伝子はそれぞれの動物の生き方に合わせて順次改良されていると考えられます。しかし、一方でヒトとハエに共通な眼の形成遺伝子や体づくりの遺伝子（Pax-6 や Hox 遺伝子群）が発見され、多くの遺伝子で全動物に共通なものが見つかっています。それでは、生き物の多様性というのは遺伝子のどのような変化に起因するのでしょうか。我々は動物の形態進化と遺伝子に注目して研究を行っています。この方法で古典的な解剖学、行動、および系統といった動物学的な知識を引継ぎ、温故知新の精神で研究を発展させることができると考えています。これまでも線虫やイカ、アメフラシといった、一見ヒトとは縁遠い生き物研究からノーベル賞医学生理学賞につながる一般性の高い研究が生まれています。我々の研究が直接・間接を問わず、生物学の理解に貢献できると考えています。