

平成22年 5月26日現在

研究種目：特定領域研究

研究期間：2005～2009

課題番号：17018019

研究課題名（和文） 多細胞生物起源の研究

研究課題名（英文） A study on the origin and evolution of multicellular animals

研究代表者

岩部 直之 (IWABE NAOYUKI)

京都大学・大学院理学研究科・助教

研究者番号：80263060

研究成果の概要（和文）：立襟鞭毛虫は動物に最も近縁な単細胞生物であり、進化における動物の多細胞化を理解する上で重要な生物である。本研究では、立襟鞭毛虫の一種 *Monosiga ovata* のゲノム計画を進め、他の生物との遺伝子比較等を網羅的に行った。その結果、細胞間情報伝達に関与する遺伝子については動物と立襟鞭毛虫との間での共通性が高いこと、遺伝子発現調節に関与する遺伝子には動物特異的なものが多いことが明らかになった。

研究成果の概要（英文）：Choanoflagellates are single-celled small protists living in marine or freshwater. Most of the recent molecular phylogenetic analyses strongly suggested that choanoflagellate is one of the closest living relatives of animals (metazoans). Our research group has recently determined the whole genome shotgun (WGS) sequences of a choanoflagellate, *Monosiga ovata*. Comparative genome analysis of *M. ovata* with animals, fungi, slime mold and plants suggested that choanoflagellates possess a large number of genes that had been thought to be involved in 'animal-specific signal transduction pathways'. The analysis also indicated that most of the orthologous genes of 'animal-specific transcription factors' were not observed in the choanoflagellate genome.

交付決定額

(金額単位：円)

	直接経費	間接経費	合計
2005年度	16,600,000	0	16,600,000
2006年度	15,100,000	0	15,100,000
2007年度	15,000,000	0	15,000,000
2008年度	13,000,000	0	13,000,000
2009年度	13,000,000	0	13,000,000
総計	72,700,000	0	72,700,000

研究分野：生物学

科研費の分科・細目：生物科学・進化生物学

キーワード：分子進化、多細胞化、立襟鞭毛虫、ゲノム、分子系統樹、生物多様性、シグナル伝達系、データベース

## 1. 研究開始当初の背景

現存の全ての動物の体は、分化した複数種

類の細胞から構成されている。多細胞性の生物は単細胞性の生物をその起源としており、

真核生物の3つの主要な系統である動物・植物・菌類において、それぞれ独自に多細胞化が起きたと考えられている。動物の初期進化の過程で起きた多細胞化は、様々なボディプランを持つ多様な動物門を生み出す上での最も重要な進化的要因であったと思われる。また、多細胞化という表現型（形態）レベルの進化と遺伝子レベルでの進化（多様化）の関連性について理解することは、進化研究に残された大きな課題の一つでもある。

動物に最も近縁な単細胞生物（原生生物）の同定は、動物の起源や多細胞性の進化にも関わる重要課題であるが、比較的近年まで研究が進んでいなかった。1990年代前半、リボソームRNAおよびミトコンドリアにコードされた遺伝子を用いた分子系統解析により、立襟鞭毛虫（あるいは襟鞭毛虫：choanoflagellate）が動物に最も近縁な単細胞生物である可能性が強く示唆されるようになった。その後、本研究の代表者（岩部）と分担者（隈）が所属していた研究グループ（京都大学・大学院理学研究科・生物科学専攻・生物物理学教室・宮田隆名誉教授の研究グループ）により、立襟鞭毛虫のRNA polymerase I, II, III largest subunitの配列決定と最尤法による分子系統解析が行われ、立襟鞭毛虫と動物の近縁性が確認された。

本研究を計画した約6年前には、塩基配列決定の技術的な進歩に伴い、モデル生物以外の様々な真核生物のゲノム配列情報も決定されつつあった。立襟鞭毛虫のような進化的に興味深い生物のゲノム計画を行うことの重要性は一部の研究者にしか認識されていなかったが、本研究を進める上での理論的・技術的基盤はある程度整いつつあった。

## 2. 研究の目的

本研究では、多細胞化という表現型（形態）レベルの進化と遺伝子レベルでの進化（多様化）の関連性について理解することを主眼に置いた。

動物の初期進化で起きた多細胞化の分子的基盤の解明を目指して、立襟鞭毛虫の一種 *Monosiga ovata* のゲノム解読を、特定領域研究・ゲノム4領域の「領域4：基盤ゲノム」の研究グループの全面的な協力のもとで行うこととした。

立襟鞭毛虫と他の真核生物のゲノム比較解析および各遺伝子族についての分子系統樹解析を行うことによって、動物の多細胞化および細胞分化能の獲得に関連した可能性の高い「重要遺伝子」を推定することができる。これら「重要遺伝子」の比較機能解析・発現解析も本研究の目的とした。

## 3. 研究の方法

国立情報学研究所の藤山秋佐夫教授（領域

2：比較ゲノム）、国立遺伝学研究所の小原雄治教授（領域4：基盤ゲノム）、東京大学の森下真一教授（領域1：生命システム情報）および東京大学の菅野純夫教授（領域4：基盤ゲノム）の各研究グループの協力のもと、立襟鞭毛虫 (*Monosiga ovata*) のゲノム全塩基配列決定（ゲノム計画）および完全長cDNAライブラリー作製とEST配列決定を行った。

全ゲノム配列が決定された他の真核生物のデータとのプロテオーム比較を行い、各遺伝子族について、近隣結合法および最尤法を用いた分子系統樹推定を行った。これによって、① 植物・菌類との分岐以降、動物と立襟鞭毛虫の分岐以前に、重複やドメインシャufflingにより多様化した遺伝子、② 動物と立襟鞭毛虫の分岐以降、二胚葉動物（刺胞動物・板状動物）と三胚葉動物（脊椎動物・節足・線形動物）の分岐以前に多様化した遺伝子などが明らかとなる。動物の多細胞化に関連した可能性が高い「重要遺伝子」の一部については、海綿動物などの相同遺伝子の単離と配列決定および比較機能解析・発現解析等も試みた。

なお、塩基・アミノ酸配列データを用いて大量のアライメント作成および分子系統樹推定を行う必要があるため、九州大学・デジタルメディスン・イニシアティブの加藤和貴准教授（連携研究者）と協力しながら、多重アライメント法の改良等の手法開発も随時試みた。

立襟鞭毛虫の大量培養用設備の整備と維持管理および生物試料の提供、RNAやゲノムDNAの提供、培養技術の提供、完全長cDNAライブラリーの提供などの研究支援も可能な範囲で継続的に行った（今後も継続する予定）。

## 4. 研究成果

### (1) 立襟鞭毛虫の大量培養系の確立

立襟鞭毛虫ゲノム計画の第一段階として、American Type Culture Collection (ATCC) より入手した *Monosiga ovata* (ATCC number: 50635) の大量培養を試みた。培養は、主に植物（大麦あるいは小麦）の葉の抽出液 (ATCC medium 802) を用いて行った。ATCC より入手したオリジナルの *M. ovata* 細胞株には複数種類の真正細菌が混在していた可能性があり、これら混在菌の除去がゲノム計画の最初の重要課題となった。*M. ovata* と混在している真正細菌を同定するために、PCR法により増幅した16SリボソームRNAの部分塩基配列決定を行った。その結果、ATCCより入手した *M. ovata* 細胞株には、40種以上の真正細菌（プロテオバクテリア、放線菌など）が含まれていることが判明した。しかも、その中には多剤耐性菌と推

定される種も複数含まれていた。

*M. ovata* の細胞体は直径が 3~8 $\mu$ m 程度とかなり小さいため、フィルターやナイロンメッシュなどを用いた混在菌の除去・選別は困難であった。なお、各種抗生物質を用いて混在菌の増殖を抑えることも試みたが、*M. ovata* を分離して純粋培養系（無菌培養系）を確立することはできなかった（多剤耐性菌の影響と思われる）。国立情報学研究所の藤山秋佐夫教授（領域 2：比較ゲノム）の研究グループの協力のもと、限界希釈および抗菌物質（ポリフェノールなど）を多く含む植物（ヨモギ、イチヨウ、マツなど）の葉の抽出液を用いた培養などの工夫によって、混在菌の種類数を 10 種以内程度にまで減少させることができた。*M. ovata* のゲノム計画に用いたゲノム DNA および cDNA ライブラリ作製の mRNA の調整には、この培養株を用いた。

なお、ATCC の推奨する *M. ovata* の培養温度は 25°C であるが、ある種の真正細菌のみが急速に増殖し、*M. ovata* がほとんど増えない場合も見受けられた。様々な培養温度を試した結果、15~20°C で培養すると、*M. ovata* の増殖速度はやや遅めではあるが、安定的に大量培養できることが判明した。

## (2) *M. ovata* のゲノム配列決定

藤山教授および国立遺伝学研究所の小原雄治教授（領域 4：基盤ゲノム）の両研究グループの全面的な協力のもと、*M. ovata* のゲノム DNA ライブラリー（BAC, fosmid）を用いたホールゲノムショットガン（WGS）法によるゲノム塩基配列決定を進めた。当初の *M. ovata* のゲノム配列データ（build2.0）には、配列特異的なシークエンスエラー（高 G+C 含量の影響によるもの）が含まれていることが判明したため、このエラー対策を行い、WGS 法による新たなゲノム塩基配列データを追加して、東京大学の森下真一教授（領域 1：生命システム情報）の研究グループの協力のもと、scaffold の再構築を行った。

新たに作成したゲノム部分配列データ（build3.0）を用いて解析を行った結果、*M. ovata* ゲノムについて以下のことが明らかになった。① 推定ゲノムサイズは約 64Mb である。② 推定遺伝子数は約 20,000、平均遺伝子長は約 2,200bp である。③ ゲノムの G+C 含量は 58.5% である。④ 遺伝子当たりの平均イントロン数は約 5.7、平均イントロン長は約 150bp である。⑤ イントロンやスパーサーなどの非コード領域に「ACACAC.../GTGTGT...」などの 2 塩基単位の配列が多く観察される。なお、この (AC) $n$ /(GT) $n$  の繰り返し配列はゲノムの約 2.3%（約 135 万塩基対）を占める。⑥ 動物型のテロメア様

配列 (CCCTAA) $n$ /(TTAGGG) $n$  が全体で約 80 カ所検出された。このことから約 40 の染色体からゲノムが構成されている可能性が示唆された。

なお、東京大学の菅野純夫教授（領域 4：基盤ゲノム）、藤山教授および小原教授の各研究グループの協力のもと、*M. ovata* 完全長 cDNA の大量配列決定を進めた。

立襟鞭毛虫のゲノム解読については、国外（アメリカ）でも研究計画が進み、2008 年 2 月に *Monosiga brevicollis* のゲノム配列データに関する論文が発表された（King et al. (2008) *Nature* 451, 783-788.）。*M. ovata*（淡水性種）と *M. brevicollis*（海水性種）はコドシガ科の同じ属に分類されてきたが、両者の遺伝的距離は脊椎動物（ヒト）と節足動物（ショウジョウバエ）の遺伝的距離とほぼ同等である。最近の分子系統解析により、*M. ovata* はサルピングエカ科に属する可能性が強く示唆されており（Carr et al. (2008) *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 105 (43), 16641-16646.）、今後、*M. ovata* の学名（属名）が変更になる可能性も考えられる。なお、*M. ovata* のゲノムサイズ（約 64Mb）は *M. brevicollis*（約 42Mb）の約 1.5 倍であり、推定遺伝子数も *M. brevicollis* の 9,196 に対して *M. ovata* は約 20,000 と約 2.2 倍である。

現在、*M. ovata* ゲノムに関する論文および関連 HP 等を作成中であり、ゲノム配列データの最終版も含めて、近日中に公開する予定である。

## (3) 比較ゲノム解析および分子系統樹解析

*M. ovata* のゲノム配列データ（build3.0）および完全長 cDNA 配列データを用いて、以下の比較配列解析等を行った。なお、比較ゲノム解析には、ヒト（*Homo sapiens*：脊椎動物）、キイロショウジョウバエ（*Drosophila melanogaster*：節足動物）、イソギンチャク（*Nematostella vectensis*：刺胞動物）、センモウヒラムシ（*Trichoplax adherens*：板状動物）、出芽酵母（*Saccharomyces cerevisiae*：菌類）、アカパンカビ（*Neurospora crassa*：菌類）、キイロタマホコリカビ（*Dictyostelium discoideum*：細胞性粘菌）、ヨツヒメゾウリムシ（*Paramecium tetraurelia*：原生生物）、ランブル鞭毛虫（*Giardia intestinalis*：原生生物）、シロイヌナズナ（*Arabidopsis thaliana*：植物）および立襟鞭毛虫 2 種（*M. ovata* と *M. brevicollis*）のデータを主に用いた。① 各種生物のゲノムおよび遺伝子に対する網羅的相同性検索。② タンパク質の各種ドメインに関する（Pfam Hidden Markov Model を用いた）相同性検索。③ シグナル伝達系・細胞接着・転写制御・アポトーシスに関与する遺伝子群および各種ドメインに

についての網羅的系統樹推定（近隣結合法による解析）。④ *M. ovata* ゲノムに多数存在するカドヘリン関連遺伝子のドメイン構造推定。なお、上記解析結果については、閲覧可能なデータベースおよびブラウザの試作・改良を行った（公開準備中）。

比較ゲノム解析からは、以下のような傾向が観察された。① シグナル伝達系に関与する遺伝子については、動物特異的な遺伝子および動物と立襟鞭毛虫にのみ共通に存在する遺伝子が多数あること。② 転写関連遺伝子については、動物特異的な遺伝子が多数あること。なお、立襟鞭毛虫には基本転写因子が多数存在するが、動物と立襟鞭毛虫にのみ共通に存在する転写関連遺伝子はほとんど見つからなかった。③ 細胞接着関連遺伝子については、動物に多数存在するこれら遺伝子が立襟鞭毛虫ではほとんど見つからないこと。なお、立襟鞭毛虫にはカドヘリン・リピートをもつ遺伝子が複数存在するが、いずれの遺伝子も動物のカドヘリン・リピートをもつ遺伝子とはドメイン構成が異なっていた。以上のように、立襟鞭毛虫のデータを含む比較ゲノム解析から、動物特異的遺伝子の候補をかなり絞り込むことができた。これら遺伝子の中には、動物の初期進化において「新たに生じた遺伝子」や「重複やドメインシャプリングにより多様化した遺伝子」が含まれていると推定される。今後、上記のような「重要遺伝子」の比較機能解析・発現解析等を国内外の研究者と協力して進め、これら遺伝子が「動物の多細胞化」に果たした役割は何なのか（役割の有無も含めて）、その手掛かりを探る予定である（一部については現在進行中：下記(4)参照）。

*M. ovata* ゲノム計画と平行して、幾つかの重要遺伝子に関する研究も進めた。RT-PCR法を用いて *M. ovata* のホスホリパーゼ C、イノシトール 3 リン酸受容体およびリアンジン受容体遺伝子を単離し、塩基配列決定および最尤法による詳細な分子系統樹解析を行った。その結果、動物特異的と考えられていたこれら遺伝子の重複とドメインシャプリングによる多様化が、立襟鞭毛虫と動物の分岐以前に既に起きていたことが明らかになった。シグナル伝達に関与するチロシンキナーゼ、チロシンホスファターゼ、Gタンパク質  $\alpha$  サブユニット遺伝子の多様化の一部が、立襟鞭毛虫と動物の分岐以前に既に起きていたことが強く示唆されている (Suga et al. (2008) *FEBS lett.* 582 (5), 815-818. など)。本研究により、シグナル伝達経路のより下流で機能しているホスホリパーゼ C やイノシトール 3 リン酸受容体の多様化も立襟鞭毛虫と動物の分岐以前に完了していた可能性が高いことが明らかになった。このことは、動物特異的と考えられていた「イノシトール

リン脂質代謝系シグナル伝達経路」そのものも、立襟鞭毛虫と動物の共通祖先に既に存在していた可能性を強く示唆している。

#### (4) 立襟鞭毛虫および海綿動物の遺伝子の比較機能解析

大阪大学・微生物病研究所の岡田雅人教授（連携研究者）の研究グループと共同で、立襟鞭毛虫 (*M. ovata*) および海綿動物（カワカイメン）のチロシンキナーゼ Src と CSK の機能解析を進めた。その結果、① *M. ovata* の CSK は、*M. ovata* の Src をリン酸化することによって機能抑制するが、リン酸化された Src には弱い活性が残ること、② カワカイメンの CSK は、カワカイメンの Src をリン酸化することによって完全に不活性化する（ヒトの CSK/Src の系と同様である）こと、が明らかになった (Segawa et al. (2006) *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 103 (32), 12021-12026.)。立襟鞭毛虫と動物の CSK/Src の系の間には機能的な違いが若干見られるが、CSK による Src の調節機構が動物と立襟鞭毛虫の分岐以前にすでに存在していた可能性は高いと思われる。なお、アメリカの研究グループによるその後の研究によって、*M. brevicollis* にも CSK/Src の系が存在し、*M. ovata* の CSK/Src の系と基本的に同じであることが明らかになっている (Li et al. (2008) *J. Biol. Chem.* 283 (22), 15491-15501.)。

動物では、CSK/Src の系は細胞増殖にも関与すると考えられており、立襟鞭毛虫と動物の CSK/Src の系の機能的な違い（動物の細胞では、CSK による Src の調節（抑制）がより厳密に行われている可能性があること）と、動物の多細胞性の進化とに何らかの関連性があるのかという点について、他の調節系（シグナル伝達系）とも比較しながら検討することが重要になると思われる。

なお、岡田教授の研究グループは、Src 特異的阻害剤を *M. ovata* の培養液中に加えると、単独性種と言われていた *M. ovata* が集合体（群体）を形成し、近接した細胞とフィロポディア様の突起によって接着することも発見している（岩部も確認済み）。この *M. ovata* の細胞接着分子メカニズムの解明は、動物の多細胞化を分子（遺伝子）レベルで理解する上での大変重要な知見をもたらすものと期待される。*M. ovata* ゲノムから発見された複数のカドヘリン関連遺伝子（および他の重要遺伝子）の局在および機能解析を行うべく、岡田教授の研究グループと共同で、遺伝子導入・RNAi 等の予備的な実験を試みている。

#### (5) 配列解析法（多重アライメント法）の改

良

九州大学・デジタルメディスン・イニシアティブの加藤和貴准教授（連携研究者）および本研究の分担者（藤）によって、多重アライメント法 MAFFT の改良がなされた。

本研究では、大量の配列データを用いてアライメント作成および分子系統樹推定を行う必要があるため、多重アライメント法の改良は大変重要となる。加藤准教授が開発した MAFFT は、大変優れた多重アライメント法であり、国内外で高い評価を得ている。

#### 5. 主な発表論文等

（研究代表者、研究分担者及び連携研究者には下線）

〔雑誌論文〕（計 12 件）

① Watari, A., Iwabe, N., Masuda, H., and Okada, M.: Functional transition of *Pak* proto-oncogene during early evolution of metazoans. *Oncogene* 印刷中 (Published online 10 May 2010) 査読あり

② Hashimoto-Gotoh, T., Iwabe, N., Tsujimura, A., Takao, K., and Miyakawa, T.: KF-1 Ubiquitin Ligase: An Anxiety Suppressor. *Front Neurosci.* 3 (1), 15-24 (2009) 査読あり

③ Ishijima, J., Iwabe, N., Masuda, Y., Watanabe, Y., and Matsuda, Y.: Sponge cytogenetics – mitotic chromosomes of ten species of freshwater sponge. *Zoolog. Sci.* 25 (5), 480-486 (2008) 査読あり

④ Suga, H., Sasaki, G., Kuma, K., Nishiyori, H., Hirose, N., Su, Z.H., Iwabe, N., and Miyata, T.: Ancient divergence of animal protein tyrosine kinase genes demonstrated by a gene family tree including choanoflagellate genes. *FEBS Lett.* 582 (5), 815-818 (2008) 査読あり

⑤ Katoh, K. and Toh, H.: Recent developments in the MAFFT multiple sequence alignment program. *Briefings in Bioinformatics* 9 (4), 286-298 (2008) 査読あり

⑥ Katoh, K. and Toh, H.: Improved accuracy of multiple ncRNA alignment by incorporating structural information into a MAFFT-based framework. *BMC Bioinformatics* 9, 212 (2008) 査読あり

⑦ Katoh, K. and Toh, H.: PartTree: an algorithm to build an approximate tree from a large number of unaligned sequences. *Bioinformatics* 23, 372-374 (2007) 査読あり

⑧ Hoshiyama, D., Iwabe, N., and Miyata, T.: Evolution of the gene families forming the Pax/Six regulatory network: isolation

of genes from primitive animals and molecular phylogenetic analyses. *FEBS Lett.* 581 (8), 1639-1643 (2007) 査読あり

⑨ Kojima, K.K., Kuma, K., Toh, H., and Fujiwara, H.: Identification of rDNA-specific non-LTR retrotransposons in Cnidaria. *Mol. Biol. Evol.* 23 (10), 1984-1993 (2006) 査読あり

⑩ Segawa, Y., Suga, H., Iwabe, N., Oneyama, C., Akagi, T., Miyata, T., and Okada, M.: Functional development of Src tyrosine kinases during evolution from a unicellular ancestor to multicellular animals. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 103 (32), 12021-12026 (2006) 査読あり

⑪ Katoh, K., Kuma, K., Miyata, T., and Toh, H.: Improvement in the accuracy of multiple sequence alignment program MAFFT. *Genome Inform. Ser. Workshop Genome Inform.* 16 (1), 22-33 (2005) 査読あり

⑫ Katoh, K., Kuma, K., Toh, H., and Miyata, T.: MAFFT version 5: improvement in accuracy of multiple sequence alignment. *Nucleic Acids Res.* 33 (2), 511-518 (2005) 査読あり

〔学会発表〕（計 10 件）

① 隈啓一、岩部直之、加藤和貴、藤博幸、廣瀬希、佐々木剛、菅裕、宮田隆、鈴木穰、笠原雅弘、新井理、大石加寿子、鹿兒島浩、豊田敦、黒木陽子、菅野純夫、森下真一、小原雄治、藤山秋佐夫: 「立襟鞭毛虫 *Monosiga ovata* ゲノム計画: I. ゲノム概観」、日本遺伝学会第 81 回大会、2009 年 9 月 18 日、一般講演（口頭発表: 3B-12）、信州大学理学部（松本市）

② 岩部直之、隈啓一、加藤和貴、藤博幸、廣瀬希、佐々木剛、村田友輔、菅裕、宮田隆、鈴木穰、笠原雅弘、新井理、大石加寿子、鹿兒島浩、豊田敦、黒木陽子、菅野純夫、森下真一、小原雄治、藤山秋佐夫: 「立襟鞭毛虫 *Monosiga ovata* ゲノム計画: II. 動物初期進化における遺伝子の多様化」、日本遺伝学会第 81 回大会、2009 年 9 月 18 日、一般講演（口頭発表: 3B-13）、信州大学理学部（松本市）

③ 隈啓一、岩部直之、加藤和貴、藤博幸、廣瀬希、佐々木剛、菅裕、宮田隆、鈴木穰、笠原雅弘、新井理、大石加寿子、鹿兒島浩、豊田敦、黒木陽子、菅野純夫、森下真一、小原雄治、藤山秋佐夫: 「立襟鞭毛虫 *Monosiga ovata* ゲノムプロジェクト: I. ゲノムの概観」、第 31 回日本分子生物学会年会・第 81 回日本生化学会大会 合同大会、2008 年 12 月 9 日、一般講演（ポスター発表: 1P-0692）、神戸ポートアイランド（神戸市）

④ 岩部直之、隈啓一、加藤和貴、藤博幸、廣瀬希、佐々木剛、菅裕、宮田隆、鈴木穰、笠原雅弘、新井理、大石加寿子、鹿児島浩、豊田敦、黒木陽子、菅野純夫、森下真一、小原雄治、藤山秋佐夫：「立襟鞭毛虫 *Monosiga ovata* ゲノムプロジェクト：II. 動物初期進化における遺伝子の多様化」、第31回日本分子生物学会年会・第81回日本生化学会大会 合同大会、2008年12月9日、一般講演（ポスター発表：1P-0693）、神戸ポートアイランド（神戸市）

⑤ Iwabe, N., Kuma, K., Katoh, K., Suga, H., Hirose, N., Toh, H., Miyata, T., Suzuki, Y., Kasahara, M., Narita, T., Shin-i, T., Kuroki, Y., Toyoda, A., Sugano, S., Morishita, S., Kohara, Y., and Fujiyama, A.: Genome sequencing project of a unicellular choanoflagellate, *Monosiga ovata*: Extensive molecular phylogenetic analysis with choanoflagellate genes reveals divergence patterns of gene family members in the early evolution of metazoans. XX International Congress of Genetics (Berlin, Germany) July 16-17, 2008, 一般講演（ポスター発表：P121/18/B）

⑥ 岩部直之、隈啓一、廣瀬希、菅裕、加藤和貴、藤博幸、宮田隆：「立襟鞭毛虫遺伝子から探る動物初期進化における遺伝子多様化：（1）シグナル伝達系関連遺伝子の進化」、第30回日本分子生物学会年会・第80回日本生化学会大会 合同大会、2007年12月14日、一般講演（ポスター発表：4P-1239）、パシフィコ横浜（横浜市）

⑦ 隈啓一、岩部直之、廣瀬希、菅裕、加藤和貴、藤博幸、宮田隆：「立襟鞭毛虫遺伝子から探る動物初期進化における遺伝子多様化：（2）細胞接着、アポトーシス、転写調節関連遺伝子の進化」、第30回日本分子生物学会年会・第80回日本生化学会大会 合同大会、2007年12月14日、一般講演（ポスター発表：4P-1240）、パシフィコ横浜（横浜市）

⑧ 隈啓一、加藤和貴、藤博幸、宮田隆、岩部直之：「細胞外カドヘリンドメインを持つタンパク質の進化」、日本進化学会第9回京都大会、2007年8月31日、一般講演（口頭発表：A11）、京都大学理学部（京都市）

⑨ 岩部直之、隈啓一、加藤和貴、菅裕、廣瀬希、藤博幸、岡田雅人、笠原雅弘、森下真一、小原雄治、藤山秋佐夫、宮田隆：「立襟鞭毛虫・ゲノムと多細胞体制の進化」、日本進化学会第9回京都大会、2007年9月2日、シンポジウム S4「動物進化のゲノム基盤」（口頭発表：S4-1）、京都大学理学部（京都市）

⑩ 隈啓一、廣瀬希、藤博幸、岩部直之：「シグナル伝達系遺伝子についての系統樹データベースの作成」、日本分子生物学会第28回

年会、2005年12月7日、一般講演（ポスター発表：1P-0208）、福岡ドーム（福岡市）

〔図書〕（計4件）

① 1. Katoh, K., Asiminos, G., and Toh, H.: Multiple Alignment of DNA Sequences with MAFFT. 'Bioinformatics for DNA Sequence Analysis', Chapter 3, Methods in Molecular Biology 537: 39-64. (2009)

② 岩部直之: Emerging Model Organisms - 立襟鞭毛虫. 「研究をささえるモデル生物：実験室いきものガイド」、p.198、化学同人（2009）

③ 星山大介、岩部直之：発生と分子進化. 「シリーズ 21 世紀の動物科学 3 動物の形態進化のメカニズム」 pp.7-46、培風館（2007）

④ 岩部直之、菅裕、廣瀬希、隈啓一、藤博幸、岡田雅人：分子進化と比較ゲノム - 立襟鞭毛虫の遺伝子から探る動物の多細胞化. 「細胞工学別冊 比較ゲノム学から読み解く生命システム：基本概念から最新ゲノム情報まで」、pp.74-81、秀潤社（2007）

〔その他〕

ホームページ等

<http://www.evol.biophys.kyoto-u.ac.jp/genome.html>

## 6. 研究組織

### (1) 研究代表者

岩部 直之 (IWABE NAOYUKI)

京都大学・大学院理学研究科・助教

研究者番号：80263060

### (2) 研究分担者

藤 博幸 (TOH HIROYUKI)

九州大学・生体防御医学研究所・教授

研究者番号：70192656

隈 啓一 (KUMA KEI-ICHI)

国立情報学研究所・戦略研究プロジェクト創成センター・教授

研究者番号：10221938

### (3) 連携研究者

加藤 和貴 (KATOH KAZUTAKA)

九州大学・デジタルメディスンイニシアティブ・准教授

研究者番号：70378868

岡田 雅人 (OKADA MASATO)

大阪大学・微生物病研究所・教授

研究者番号：10177058

宮田 隆 (MIYATA TAKASHI)

JT 生命誌研究館・顧問

研究者番号：20022692