

研究成果報告書

(国立情報学研究所の民間助成研究成果概要データベース・登録原稿)

研究テーマ (和文) AB		全能性を規定する幹細胞遺伝子ネットワークの探索と全能性幹細胞作製への試み			
研究テーマ (欧文) AZ		Understanding the molecular mechanism defining totipotency, and establishment of totipotent stem cells.			
研究氏 代表 表名 者	カタカナ CC	姓)スミ	名)トモユキ	研究期間 B	2011 ~ 2012 年
	漢字 CB	角	智行	報告年度 YR	2013 年
	ローマ字 CZ	Sumi	Tomoyuki	研究機関名	九州大学
研究代表者 CD 所属機関・職名		九州大学大学院医学研究院・特任助教			
概要 EA (600 字~800 字程度にまとめてください。)					
<p>生命は分化全能性(Totipotency)を有する一つの受精卵に始まり、数日後にはたった3種類の細胞(栄養外胚葉、原始内胚葉、原始外胚葉)から構成される胚盤胞が形成される。本研究では、受精卵および数回分裂後の卵割球のみが有する分化全能性がどのような分子群によって規定されているのか、その能力を有する受精後のマウス初期胚を用いたオミックス解析により明らかにし、分子ネットワークのシステムとして理解することで生命の設計原理の解明に取り組むことを目的とした。</p> <p>Totipotency は受精卵及び 2~4 細胞期の卵割球のみに与えられており、8 細胞期の卵割球は既にその能力は消失し、16 細胞期では最初の運命決定が行われる。そこで受精卵およびゲノム再構築後胚性遺伝子発現が活発な 2 細胞期、Totipotency を消失した 8 細胞期の 3 点に関して、全遺伝子発現の時系列データを次世代シーケンサーにより定量的・網羅的に取得し、Totipotency からその消失に至る過程で変動する遺伝子ネットワークの抽出を行った。また Pluripotency との比較を行うため ES 細胞に関する全遺伝子発現プロファイルを行い、Totipotency を有する時期においてどのような遺伝子が発現しまた抑制されているのか、更に Pluripotency を獲得した ES 細胞においてそれら遺伝子がどのように変化しているのかを比較検討した。その結果、これまでに報告されている ES 細胞の多能性維持に関わる遺伝子の他、長鎖非翻訳 RNA や内在性レトロウイルス等数多くの遺伝子において発現変化が確認された。現在、これら遺伝子の機能解析を行っており Totipotency における役割を明らかにしていく予定である。</p>					
キーワード FA	多能性幹細胞	分化全能性			

(以下は記入しないでください。)

助成財団コード TA					研究課題番号 AA								
研究機関番号 AC					シート番号								

発表文献（この研究を発表した雑誌・図書について記入してください。）									
雑誌	論文標題 ^{GB}								
	著者名 ^{GA}		雑誌名 ^{GC}						
	ページ ^{GF}	～	発行年 ^{GE}					巻号 ^{GD}	
雑誌	論文標題 ^{GB}								
	著者名 ^{GA}		雑誌名 ^{GC}						
	ページ ^{GF}	～	発行年 ^{GE}					巻号 ^{GD}	
雑誌	論文標題 ^{GB}								
	著者名 ^{GA}		雑誌名 ^{GC}						
	ページ ^{GF}	～	発行年 ^{GE}					巻号 ^{GD}	
図書	著者名 ^{HA}								
	書名 ^{HC}								
	出版者 ^{HB}		発行年 ^{HD}					総ページ ^{HE}	
図書	著者名 ^{HA}								
	書名 ^{HC}								
	出版者 ^{HB}		発行年 ^{HD}					総ページ ^{HE}	

欧文概要 EZ

The zygote and its daughter cells have totipotency that is able to develop into all embryonic and extraembryonic tissues. At the blastocyst stage, three distinct cell lineages (trophoblast, epiblast, and primitive endoderm) are defined. To understand the molecular network of totipotent state, we sequenced the transcriptome of mouse zygote and early embryo at the cleavage stages (2-cell to 8-cell) and of pluripotent ESCs.

We identified genes involved in important developmental events, such as maternal-zygotic transition, embryonic genome activation and, segregation of inner cell mass and trophoblast fate, and also discovered the long noncoding RNAs and the endogenous retroviruses. We followed the network of totipotency- and pluripotency-associated genes during early development, and found that there are distinct patterns of genome activation with the termination of totipotency and the initiation of the pluripotency. Further analysis about the relationship between totipotency and these regulated genes will be performed in the future.