

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		魚のヒレを手足に進化させた分子メカニズムの解明			
研究テーマ (欧文) AZ		The molecular mechanisms that evolved fins into limbs			
研究氏 代表 者	カタカナ CC	姓)ナカムラ	名)テツヤ	研究期間 B	2016 ~ 2017 年
	漢字 CB	中村	哲也	報告年度 YR	2017 年
	ローマ字 CZ	Nakamura	Tetsuya	研究機関名	The University of Chicago
研究代表者 CD 所属機関・職名		Organismal Biology and Anatomy, The University of Chicago, Postdoctoral Scholar			
概要 EA (600字~800字程度にまとめてください。)					
<p>約5億年の脊椎動物の進化で、四足動物の繁栄に必要な不可欠であったのが、ヒレから手への進化である。魚のヒレはその基部に軟骨内性骨を持ち、先端には皮骨（鰭条：軟骨を介さずに骨化する）を持つ。化石記録によると、魚類の進化の過程では軟骨内性骨が増加し、皮骨が減少して、指・手首を持つ四足動物が誕生した事が示されている。しかしながら、進化の過程において指・手首は新規に獲得された器官なのか、又はヒレにその原基があったのか、そしてその進化の分子機構については全く不明であった。</p> <p>現在までに、マウスの <i>Hox13</i> 遺伝子をノックアウトすると指・手首が消失するが、ゼブラフィッシュの <i>Hox13</i> 遺伝子群をノックアウトすると鰭条が消失することがわかっていた。この結果は、鰭条が四足動物の指・手首と進化的に相同領域である事を示す。つまり進化の過程では、皮骨細胞（鰭条）の発生プログラムが徐々に軟骨内性骨細胞（指・手首）に置換されてきたと考えられる。</p> <p>この仮説を検証するために、申請者は、ゼブラフィッシュのヒレの基部の軟骨内性骨と鰭条それぞれから RNA を抽出し、RNA-sequencing を行う事で、それぞれの骨での遺伝子発現プロファイルを比較している。さらに、<i>Hox13</i> 変異ゼブラフィッシュからも同様に RNA を抽出する事で RNA-sequencing を進めている。現在までにイルミナ社のシーケンサーである HiSeq4000 を用いる事でシーケンスを終了しており、現在データを解析中である。今後はデータを解析後、それぞれの骨の発生に重要である遺伝子の機能解析を進める事で、四肢の進化過程を明らかにしていく。</p>					
キーワード FA	ヒレ	手足	進化		

(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}

Tetrapod limbs are composed entirely of endochondral bone whereas fish fins contain a base of endochondral bones that articulate with long dermal fin rays (lepidotrichia) that form the bulk of the fin in most taxa. One of the central shifts during the origin of limbs entails the loss of the fin rays coupled with an expansion of the distal endochondral bones of the appendage.

Both fate map assays and knockout phenotypes in mouse limbs reveal an important role for *Hox13* paralogues in the formation of the autopod. We conducted same set of experiments in zebrafish – the fate mapping of *hox13* cells and knockout analysis of *hox13* genes. Our results demonstrated that fish dermal fin rays and mouse endochondral digits share same developmental histories and genetic programs.

To test this hypothesis more, I extracted RNA from dermal fin rays and endochondral disk of wild-type and *hox13* mutant fish. Currently, I am conducting RNA-sequencing by Hiseq4000 (Illumina) and comparing gene expression profiles to identify downstream genes of *hox13* in dermal and endochondral bones. In the future, we will analyze the functions of genes that we are identifying by our RNA-sequencing by Crispr/Cas9.