助成番号　210440	５－２

研 究 成 果 報 告 書

研究テーマ（和文）	歯種の多様性をもたらす発生遺伝学的基盤の解明		
研究テーマ（英文）	Genetic basis of morphological variation in tooth classes		
研究期間	2021年11月 ～ 2023年11月	研究機関名　国立科学博物館	
研究代表者	氏名（漢字）	森田航	
	氏名（カタカナ）	モリタワタル	
	氏名（英文）	Wataru Morita	
	所属機関・職名	国立科学博物館人類研究部・研究員	
共同研究者（１名をこえる場合は、別紙追加用紙へ）	氏名（漢字）	山中淳之	
	氏名（カタカナ）	ヤマナカアツシ	
	氏名（英文）	Atsushi Yamanaka	
	所属機関・職名	鹿児島大学大学院医歯学総合研究科歯科機能形態学分野・准教授	

概要　（600 字～800 字程度にまとめてください。）
進化研究において歯は、化石として保存されやすいため資料数も多く、絶滅動物の食性復元や系統復元の指標となる最も重要な形質の一つである。ヒトを含めた哺乳類は、基本的に４つの異なる歯種（切歯・犬歯・小臼歯・大臼歯）を持ち、それぞれの歯種が歯列中で固有性を保ちつつも、隣り合う歯種間で形態的な連続性も示す。歯の形や大きさは、食性などに応じて進化的に変化するだけでなく、特定の歯種自体が消失するなど、種内・種間で多くの変異が観察されるため、量的遺伝学の研究材料としても好適である。形態変異を生み出す遺伝的機構に歯種間でどのような違いがあるのかを明らかにするため、本研究では研究対象としてヒトと同様に 4 つの歯種を持つスンクスを用いた。体サイズが大きい大陸系と、サイズが小さく複数の歯種の喪失頻度が高い島嶼系との交配実験により F2 世代を作成した。組織片から DNA 溶液を抽出してライブラリーを作成し、次世代シーケンサーを用いた全ゲノムリシーケンス解析し一塩基多型(SNP)を検出した。また骨格標本をμCT により撮像し、各歯種の形態を代表させるため、下顎にそれぞれ１本ずつある切歯、犬歯、小臼歯と第 1 大臼歯の歯冠を３次元モデルとして再構成した。歯のシェイプは形態地図法により定量化しそれぞれの歯種の第１主成分スコアと SNP を用いてゲノムワイド関連解析を行った。解析の結果、切歯や犬歯の形態変異は体細胞分裂や成長に関連する遺伝子との有意な相関が示された。一方で、小臼歯や大臼歯においては、BMP シグナルのような歯の形態形成に必須な主要シグナル伝達経路や咬頭間のパターン形成に関与する遺伝子との高い相関がみられた。このことから、単咬頭歯と多咬頭歯で主要な形態関連遺伝子が異なる可能性が示唆されました。今後は、サンプル数を増やしさらに分析の確度を上げていきたいと考えている。

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	論文課題					
	著者名		雑誌名			
	ページ	～	発行年		巻号	
雑誌	論文課題					
	著者名		雑誌名			
	ページ	～	発行年		巻号	
雑誌	論文課題					
	著者名		雑誌名			
	ページ	～	発行年		巻号	
図書	書名					
	著者名					
	出版社		発行年		総ﾍﾟｰｼﾞ	
図書	書名					
	著者名					
	出版社		発行年		総ﾍﾟｰｼﾞ	

英文抄録 （100 語～200 語程度にまとめてください。）
In evolutionary studies, teeth play a crucial role in reconstructing the feeding habits and phylogeny of extinct animals, as they are well-preserved in fossil records. Mammals, including humans, generally possess four tooth classes (incisors, canines, premolars, molars), each maintaining distinct characteristics within the dental arch.

To elucidate the genetic mechanisms underlying morphological variation and diversity, this study utilized *Suncus murinus*, which possesses four tooth classes. Using F2 samples derived from a large continental standard strain and a smaller insular one, we quantified tooth shapes through morphometric mapping and conducted a genome-wide association analysis (GWAS).

The results of the GWAS indicated significant correlations between morphological variations in incisors and canines and genes related to cell division and body growth. In contrast, premolars and molars showed a high correlation with genes essential for odontogenesis, such as the BMP signaling pathway, and cusp patterning. These differences may suggest a divergence in major genes responsible for morphological variation between single-cusped and multi-cusped teeth. Future research aims to increase sample sizes for improved analytical accuracy.

研究代表者名　　森田航

共同研究者	氏名	（漢字）	目加田和之
		（カタカナ）	メカダカズユキ
		（英文）	Kazuyuki Mekada
	所属機関・職名		岡山理科大学理学部動物学科・教授
	氏名	（漢字）	
		（カタカナ）	
		（英文）	
	所属機関・職名		
	氏名	（漢字）	
		（カタカナ）	
		（英文）	
	所属機関・職名		
	氏名	（漢字）	
		（カタカナ）	
		（英文）	
	所属機関・職名		
	氏名	（漢字）	
		（カタカナ）	
		（英文）	
	所属機関・職名		
	氏名	（漢字）	
		（カタカナ）	
		（英文）	
	所属機関・職名		
	氏名	（漢字）	
		（カタカナ）	
		（英文）	
	所属機関・職名		
	氏名	（漢字）	
		（カタカナ）	
		（英文）	
	所属機関・職名		