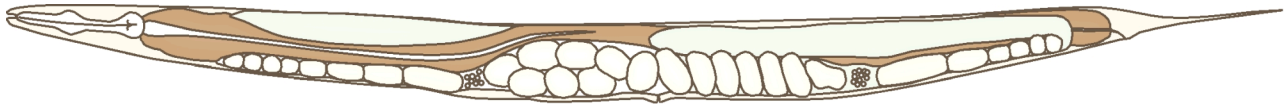


# 線虫 *C.elegans* 発生の遺伝子システムの解読 (実験・計算機両面から)

生物遺伝資源情報総合センター・遺伝資源情報研究室 (Genome Biology Lab)

連絡先：小原 雄治 (電話：055-981-6854、e-mail: ykohara@lab.nig.ac.jp)



遺伝情報はゲノム DNA という1次元上に並んでいます。一方、生物には発生、分化、老化といった時間軸、および個体の中の位置や細胞系譜という複数の次元があり、その中で遺伝情報の発現が絶妙にコントロールされています。「ゲノムから個体がどうやってできるのか？」この仕組みの全貌を理解するために、私たちは線虫の一種 *C. elegans* を用いて、どの遺伝情報が、どの時期に、どの細胞で読まれ、何をしているのか、というゲノムの発現・機能マップ作りを進めています。

*C. elegans* は、細胞数はたった 1,000 個ですが、動物としての基本的な体制を持つ優れたモデル系です。受精卵から成虫までの細胞分裂パターンが明らかにされてきましたので、個々の細胞レベルで遺伝子発現を研究することが可能です。私たちは、これまでに全遺伝子の半分以上の約 12,000 の遺伝子をつかまえ、その全ての発現パターン解析を進めています。このような情報を蓄積することにより、ゲノム軸、(発生) 時間軸、細胞系譜 (空間) 軸などのいろいろな軸での検索を縦横におこない、これを通してゲノムの情報の全体像、発生における遺伝子発現制御機構の理解をめざしています。さらには発生の *in silico* 再現をめざして、初期発生のコンピュータモデル化/シミュレーションの研究を進めています。また、形や形作りメカニズムの多様性の宝庫である線虫の比較ゲノム研究を進めています。学生、研究者はこれらの研究室資源を最大限利用して個別のテーマを研究します。また、内外の研究者との共同研究を積極的に進めています。

## 論文リスト (*C. elegans* に関する主なもの)

- Mangone, M., Manoharan, A.P., Thierry-Mieg, D., Thierry-Mieg, J., Han, T., Mackowiak, S.D., Mis, E., Zegar, C., Gutwein, M.R., Khivansara, V., Attie, O., Chen, K., Salehi-Ashtiani, K., Vidal, M., Harkins, T.T., Bouffard, P., Suzuki, Y., Sugano, S., Kohara, Y., Rajewsky, N., Piano, F., Gunsalus, K.C., Kim, J.K.: The landscape of *C. elegans* 3'UTRs. **Science** 329, 432-435 (2010)
- Ogura, K.I., Okada, T., Mitani, S., Gengyo-Ando, K., Baillie, D.L., Kohara, Y., Goshima, Y.: Protein phosphatase 2A cooperates with the autophagy-related kinase UNC-51 to regulate axon guidance in *Caenorhabditis elegans*. **Development** 137, 1657-1667 (2010)
- Langenhan, T., Prömel, S., Mestek, L., Esmaili, B., Waller-Evans, H., Hennig, C., Kohara, Y., Avery, L., Vakonakis, I., Schnabel, R., Russ, A.P.: Latrophilin signaling links anterior-posterior tissue polarity and oriented cell divisions in the *C. elegans* embryo. **Dev Cell** 17, 494-504 (2009)
- Wang, X., Zhao, Y., Wong, K., Ehlers, P., Kohara, Y., Jones, S.J., Marra, M.A., Holt, R.A., Moerman, D.G., Hansen, D.: Identification of genes expressed in the hermaphrodite germ line of *C. elegans* using SAGE. **BMC Genomics** 10, 213 (2009)
- Kawano, T., Zheng, H., Merz, D.C., Kohara, Y., Tamai, K.K., Nishiwaki, K., Culotti, J.G.: *C. elegans mig-6* encodes papilin isoforms that affect distinct aspects of DTC migration, and interacts genetically with *mig-17* and collagen IV. **Development** 136, 1433-1442 (2009)
- Andachi, Y.: A novel biochemical method to identify target genes of individual microRNAs: identification of a new *Caenorhabditis elegans let-7* target. **RNA** 14, 2440-2451 (2008)
- McGhee, J.D., Fukushige, T., Krause, M.W., Minnema, S.E., Goszczynski, B., Gaudet, J., Kohara, Y., Bossinger, O., Zhao, Y., Khattra, J., Hirst, M., Jones, S.J., Marra, M.A., Ruzanov, P., Warner, A., Zapf, R., Moerman, D.G., Kalb, J.M.: ELT-2 is the predominant transcription factor controlling differentiation and function of the *C. elegans* intestine, from embryo to adult. **Developmental Biology** 327, 551-565 (2008)
- Kagoshima, H., Nimmo, R., Saad, N., Tanaka, J., Miwa, Y., Mitani, S., Kohara, Y., Woollard, A.: The *C. elegans* CBFb homologue BRO-1 interacts with the Runx factor, RNT-1, to promote stem cell proliferation and self-renewal. **Development** 134, 3905-3915 (2007)
- Kagoshima, H., Shigesada, K., Kohara, Y.: RUNX regulates stem cell proliferation and differentiation: insights from studies of *C. elegans*. **Journal of Cellular Biochemistry** 100, 1119-1130 (2007)
- McGhee, J.D., Sleumer, M.C., Bilenky, M., Wong, K., McKay, S.J., Goszczynski, B., Tian, H., Krich, N.D., Khattra, J., Holt, R.A., Baillie, D.L., Kohara, Y., Marra, M.A., Jones, S.J., Moerman, D.G., Robertson, A.G.: The ELT-2 GATA-factor and the global regulation of transcription in the *C. elegans* intestine. **Developmental Biology** 302, 627-645 (2007)