

リサーチグループ登録届出書

平成24年1月30日

1. グループの概要

グループの名称	粘菌ゲノムグループ
分野名	生物系
設置場所	生物農林学系棟D402
設置予定期間	～2015.3.31

2. 研究代表者

所属・職名	生命環境系・教授
(ふりがな)	うるしはらひでこ
氏名	漆原 秀子



3. 連絡先

所属・職名	生命環境系・教授
氏名	漆原 秀子
電話	4664
FAX	4664
E-mail	hideko@biol.tsukuba.ac.jp

4. 担当部局(当該グループの運営等を管理する部局名)

生命環境系

グループ名	粘菌ゲノムグループ				
グループ名(英語)	social amoeba genome group				
分野	参考: 1. 人社系、2. 理工系、3. 生物系、4. 複合系のうち、該当の番号を記載してください。				3
科研費細目番号	主なものから順番に3つまで記載してください。		2301	5805	5806
キーワード(5つまで)	細胞性粘菌	比較ゲノム	細胞分化	形態形成	シグナル伝達経路
キーワード(英語)	dictyostelids	comparative genomics	cell differentiation	morphogenesis	signaling pathway
グループのHP・URL	http://nenkin.gene.tsukuba.ac.jp/				
代表者名(英語)	Hideko Urushihara				
研究組織					
氏名	所属機関	職名(任期)	専門分野	学位	役割分担
漆原 秀子	筑波大学	教授	ゲノム生物学	理学博士	グループ代表者
桑山 秀一	筑波大学	講師	分子生物学	理学博士	Acytosteliumゲノム解析
毛利 蔵人	筑波大学	助教(～H25.6.30)	発生生物学	博士(理学)	Acytostelium遺伝子機能解析
伊藤 武彦	東京工業大学	教授	バイオインフォマティクス	博士(理学)	Acytosteliumゲノム解析
Pauline Schaap	University of Dundee	Professor	進化発生学	PhD	Polysphondyliumゲノム解析
長名 保範	琉球大学	助教	バイオインフォマティクス	博士(工学)	シンテニー解析
グループ概要(100字程度)					
多細胞体制成立のゲノム基盤を明らかにする目的で、生活環に単細胞と多細胞の時期をもつ細胞性粘菌について、細胞分化能に差のある種間で形態形成と細胞分化に関わる遺伝子群に着目しつつ比較ゲノム解析を行う。					
グループ概要(英語)					
We are performing comparative genomic studies to elucidate genomic basis for establishment of the multicellular systems, using the social amoebas which have unicellular and multicellular stages in their life cycles, with special attentions to genes involved in morphogenesis and cell differentiation.					
設置の目的及び必要性					
多細胞生物のからだは次世代へと遺伝情報を伝達する役割をもつ細胞(生殖細胞)とそれ以外の細胞(体細胞)とから成り立っており、ヒトを始めとする複雑な体制をもつ生物の高度な機能は後者に担われている。すなわち、生物システムは多細胞体制の成立によって飛躍的に高度化したと考えられる。本研究グループは、環境条件によって多細胞化するユニークなアメーバである細胞性粘菌において多細胞体制がどのようにして成立したかをゲノムレベルで明らかにすることにより、生物システムの原理と進化過程を理解することを目的としている。そのため、ゲノム解析が完了している細胞性粘菌の標準種(Dictyostelium discoideum)に対し、形態形成過程や細胞分化能を異にする他種細胞性粘菌のゲノムを比較解析するが、DNAの配列情報と遺伝子機能解析のため、バイオインフォマティクス、分子生物学、発生生物学等関連分野の研究者が密接に協力することが必要である。					
研究計画					
<ol style="list-style-type: none"> 1. 非標準種で細胞分化能のないAcytostelium subglobosum及びA. subglobosumに近縁だが細胞分化能をもつPolysphondylium pallidum(形態形成過程が異なる)のゲノム解読を終了し、それぞれの遺伝子モデルを構築する。 2. 3種間で遺伝子モデルの構造的・機能的相同関係を解析し、細胞分化能の有無に密接に関係する遺伝子群を選抜する。 3. 選抜された遺伝子群の生成過程を主としてドメイン構造に着目して推察する。また、シンテニー解析を行う。 4. 当該遺伝子群の発現制御機構の進化過程を、転写因子、プロモーター構造、非コードRNAによる制御等に注目して解析する。 5. 以上の結果をもとに、細胞性粘菌における細胞分化能の確立過程を考察する。 					
研究・教育に期待される効果(箇条書き)					
<ol style="list-style-type: none"> 1. 複雑な生物では解析困難な多細胞体制成立のゲノム基盤に関する重要な情報を得ることができ、基礎生物学の発展に大きく貢献する。 2. 非モデル生物のゲノム解析及び比較ゲノム解析に関わる方法論上の諸問題に対しての対処方法を提示するケーススタディとなる。 3. 生物界の中で大きな割合を占め、進化生物学的にも重要な位置にありながらが分子生物学的解析の立ち遅れている原生生物のゲノム構造ならびに機能について、方法論を含めて重要な知見を提供する。 4. 細胞性粘菌は基礎生物学分野だけでなく、医科学、創薬、環境科学等の諸分野において注目度が高まっており、本研究によって細胞性粘菌全3属についてのゲノム情報が整備されることは、これらの分野の展開に極めて有用な基礎情報を提供することとなる。 5. 大学院生や学群生が比較ゲノム解析の実際を知ることで、今やライフサイエンス及び生物が関係するすべてのサイエンスにとって不可欠となっているゲノム解析の意義ならびに手法や基礎技術についての正確な理解が可能になり、キャリアパスにも意義深い。 					