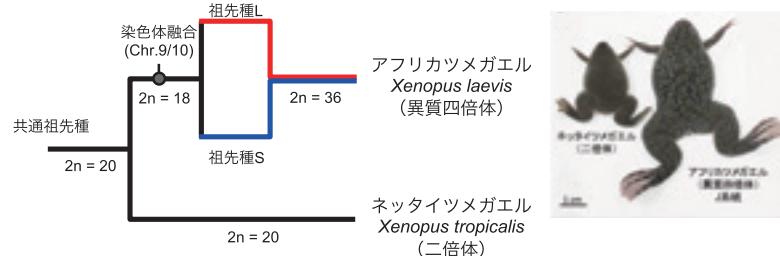


# 異質4倍体ゲノムにおけるケモカイン関連遺伝子の網羅的解析

研究代表者 福井 彰雅 研究員

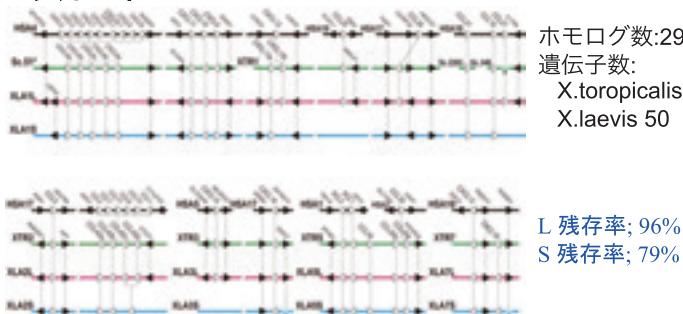
## 序論

ケモカインは細胞の移動に関与する比較的小さな分泌性タンパク質であり、免疫・形態形成・疾病等のさまざまな事象で機能する。また、その性質上ウイルスによる免疫ハイジャックのターゲットとなりやすく、分子進化速度が速いことも知られている。アフリカツメガエル *Xenopus laevis* のゲノムは約1,800万年前に異質四倍化しており、LおよびSの2つのサブゲノムから成る。そのため、全ゲノム重複後の遺伝子進化を調べる良いモデルになることが期待される。本研究では、ツメガエルの全ケモカイン及びその受容体遺伝子の同定をおこない、その進化過程の推定を試みた。



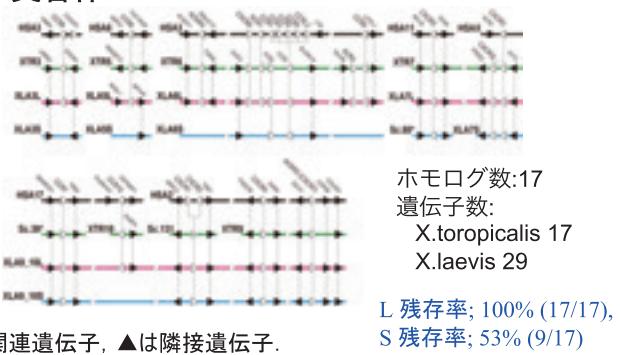
## ゲノム構造解析

## リガンド



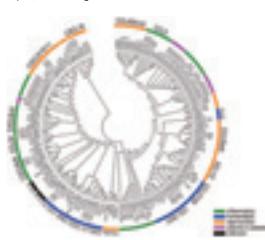
上からH. sapiens, X. tropicalis, X. laevis L, X. laevis S染色体. △はケモカイン関連遺伝子, ▲は隣接遺伝子.

## 受容体

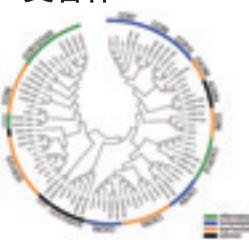


## 分子系統樹解析

## リガンド



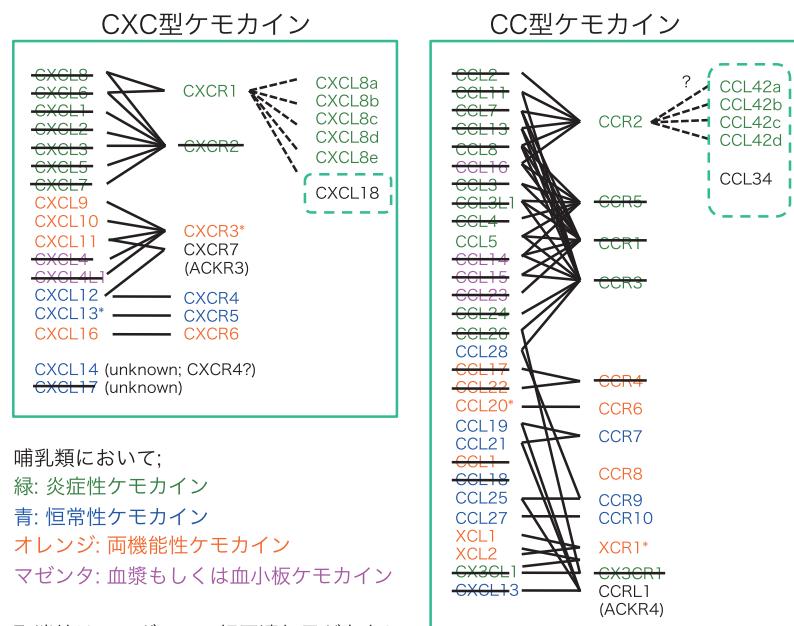
## 受容体



## 考察

*X. tropicalis*に対する*X. laevis*の全遺伝子の残存率は、Lサブゲノムで92%、Sサブゲノムで69%となっている。これと比較するとSの残存率はリガンドでは高く、受容体では低くなっている。また、分子系統樹解析では、リガンドは多様性が高くなっているが受容体はより祖先種に近いことが示唆される。*X. laevis*においてゲノム重複はケモカインリガンドの多様化を促進し、受容体は保存的に推移していると考えられる。

## リガンド-受容体相関予測

命名及び相関はNomiyama *et al.*, *Genes to Cells* (2016) を参照、一部改変。