

## 線虫 *C. elegans* の遺伝子発現パターンによるステロイドホルモンのセンシング

○富永伸明<sup>1)</sup>, 松野哲也<sup>1)</sup>, 園田理紗<sup>1)</sup>, 浦和寛<sup>2,3)</sup>, 高良真也<sup>4)</sup>, 上杉裕子<sup>5)</sup>, 小原雄治<sup>5)</sup>, 井口泰泉<sup>3,6)</sup>, 有菌幸司<sup>2,3)</sup>

<sup>1)</sup>有明工業高専, <sup>2)</sup>熊本県立大・環境共生, <sup>3)</sup>科技団 CREST,

<sup>4)</sup>長崎大・環境科学, <sup>5)</sup>遺伝研・遺伝資源情報, <sup>6)</sup>基生研・統合バイオ

(目的) 化学物質の持つ環境ホルモン作用を評価するためには、多様なホルモンを識別できる適当なバイオアッセイを用いる必要がある。我々は、ホルモンが生物に対して特異的な作用を示すことに着目し、線虫 *C. elegans* をモデル生物とした新規 *in vivo* バイオアッセイの構築を目指している。今回は、*C. elegans* にステロイドホルモン暴露で特異的に発現が変動する遺伝子を cDNA マイクロアレイを用いて一斉検索し、解析した結果について報告する。

(方法) *C. elegans* を同調培養し、L2, 3 期の幼虫に種々濃度のステロイドホルモンを 5 時間暴露した。それぞれから mRNA を調製し、定法に従って標識 cDNA を作製した。*C. elegans* cDNA マイクロアレイを用いて未暴露群をコントロールとして暴露群における *C. elegans* 約 9,000 遺伝子の発現変動レベルを網羅的に測定した。

(結果および考察) 種々ステロイドおよび合成ホルモン暴露について検討した結果、*C. elegans* の遺伝子は各ホルモンに比較的低濃度から特異的に応答していた。同一条件での独立した数回のマイクロアレイの結果を統計的に解析した所、蛍光強度比において約 90% 以上の遺伝子が標準偏差 5% の誤差内に収まっており、再現性よく定量することが可能であることが示された。また、複数の遺伝子の発現レベルが有意に上昇あるいは減少を示しており、これら遺伝子はホルモン作用に関わる遺伝子である可能性が高いと考えられた。一方、これら遺伝子の発現レベルの変動をクラスター解析した結果、各ホルモン特異的な *C. elegans* 遺伝子群のクラスターを形成することが示され、それぞれのクラスター解析結果を比較した所、ホルモン活性の類似性があるステロイドホルモンおよび合成ホルモンにおいて同一挙動を示すクラスター中に共通した遺伝子が存在することも分かった。以上の結果から、ホルモン特異的遺伝子群を解析することでステロイドホルモンをセンシングできる可能性があることが示唆された。

### Sensing of steroid hormones by expression pattern of specific response genes in *C. elegans*.

Nobuaki Tominaga<sup>1)</sup>, Tetsuya Matsuno<sup>1)</sup>, Risa Sonoda<sup>1)</sup>, Kazuhiro Ura<sup>2,3)</sup>, Shinya Kohra<sup>4)</sup>, Hiroko Uesugi<sup>3)</sup>, Yuji Kohara<sup>3)</sup>, Taisen Iguchi<sup>6)</sup>, Koji Arizono<sup>2,3)</sup>

<sup>1)</sup> Ariake National College of Technol., <sup>2)</sup> Kumamoto Prefec. Univ., <sup>3)</sup> CREST, JST, <sup>4)</sup> Nagasaki Univ., <sup>5)</sup> NIG, <sup>6)</sup> NIBB

We propose that *C. elegans* is one of the most useful model to examine the effects of environmental chemicals on living organisms. In this paper, to develop a novel bioassay for chemical evaluation using cDNA microarray of *C. elegans*, we determined the over 9,000 gene expression levels in various hormone exposed *C. elegans* and analyzed the hormone specific gene expression patterns by cluster analysis methods. The results demonstrated that the expression levels of genes were changed significantly corresponded steroid and synthetic hormones and pattern of cluster analysis was also shown hormonal specificity. In conclusion, we will sense chemicals by using *C. elegans* cDNA microarray analysis and profiling the chemical specific gene expression patterns.