

研究成果報告書

(国立情報学研究所の民間助成研究成果概要データベース・登録原稿)

研究テーマ (和文) AB		超微量サンプルシーケンスによるクマムシ乾眠関連遺伝子の比較ゲノム・進化解析			
研究テーマ (欧文) AZ		Evolutionary study of tardigrades using ultra low input sequencing			
研究氏 代表名 者	カナ CC	姓)アラカワ	名)カズハル	研究期間 B	2014 ~ 2016 年
	漢字 CB	荒川	和晴	報告年度 YR	2015 年
	ローマ字 CZ	Arakawa	Kazuharu	研究機関名	慶應義塾大学
研究代表者 CD 所属機関・職名		慶應義塾大学大学院政策・メディア研究科・特任准教授			
概要 EA (600字~800字程度にまとめてください。)					
<p>本研究では、これまで門の進化的位置づけが決定されず” neglected species” とまで呼ばれている緩歩動物門の生物種(クマムシ)を網羅的に分子・遺伝学的に解析し、特に乾眠機構の進化を明らかにすることを目指した。ただし、得られる野外サンプルが稀少であり、またクマムシは体長が 0.1mm 程度と極めて微小なため、核酸増幅法を用いて次世代シーケンサーによって解析した。当初は手法が確立されている1細胞トランスクリプトームの系を用いることを想定していたが、本研究期間中に全ゲノム増幅を用いることなく高効率なアダプターライゲーションを行った後に完成した微量ライブラリを PCR によって増幅させる手法の開発に成功したため、全ゲノムの微量シーケンス解析を行った。結果、これまで遺伝学的解析が及んでいなかった海産種を含む8種のドラフトゲノム配列を得た。これらの配列の比較ゲノム解析によって、クマムシ乾眠機構の進化を解析した結果、これまでに我々はヤマクマムシ科に属するヨコヅナクマムシ(Ramazzottius varieornatus)を用いてクマムシ乾眠関連遺伝子を多数見つけてきたが、これらの遺伝子は乾眠することのない海産種では全く保存されていないことがわかった。また、陸生で乾眠可能な種が多い真クマムシの中でも、ヤマクマムシ科と目を違えるオニクマムシのゲノムでは一部の遺伝子しか保存されていないこと、また、異なる綱の異クマムシ綱においては乾眠できる個体であっても既知の乾眠関連遺伝子が全く保存されていないことが明らかとなった。これは、クマムシ乾眠機構は陸生種で新規に獲得されたものであり、それぞれ別に陸上へと進出した真クマムシと異クマムシにおいては、異なる遺伝子機構による乾眠が収斂的に獲得された可能性を示唆している。今後異クマムシの乾眠機構について詳細に解析することによって、これら二つの乾眠機構の差異を明確にすることができると思われる。</p>					
キーワード FA	クマムシ	乾眠	ゲノム解析	比較ゲノム	

(以下は記入しないでください。)

助成財団コード TA					研究課題番号 AA								
研究機関番号 AC					シート番号								

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	論文標題 ^{GB}								
	著者名 ^{GA}		雑誌名 ^{GC}						
	ページ ^{GF}	～	発行年 ^{GE}					巻号 ^{GD}	
雑誌	論文標題 ^{GB}								
	著者名 ^{GA}		雑誌名 ^{GC}						
	ページ ^{GF}	～	発行年 ^{GE}					巻号 ^{GD}	
雑誌	論文標題 ^{GB}								
	著者名 ^{GA}		雑誌名 ^{GC}						
	ページ ^{GF}	～	発行年 ^{GE}					巻号 ^{GD}	
図書	著者名 ^{HA}								
	書名 ^{HC}								
	出版者 ^{HB}		発行年 ^{HD}					総ページ ^{HE}	
図書	著者名 ^{HA}								
	書名 ^{HC}								
	出版者 ^{HB}		発行年 ^{HD}					総ページ ^{HE}	

欧文概要 EZ

Limno-terrestrial tardigrades can withstand almost complete desiccation through a mechanism called anhydrobiosis, and several of these species have been shown to survive the most extreme environments through exposure to space vacuum. Molecular mechanism for this tolerance has so far been studied in many anhydrobiotic metazoans, leading to the identification of several key molecules such as the accumulation and vitrification of trehalose as well as the expression of LEA proteins to prevent protein aggregation. On the other hand, the understanding of comprehensive molecular mechanisms and regulation machinery of metabolism during anhydrobiosis, as well as its evolutionary origin is yet to be explored. Molecular and genetic study of tardigrades has so far been limited due to their small size (about 100µm in length) and difficulty to culture in laboratory conditions. Here we developed an ultra low input de novo genome sequencing method with post-library amplification to enable this task. Using this new technology, we have sequenced eight tardigrade draft genomes, including marine Heterotardigrada. From a comparative genomics analysis, we have found that the anhydrobiosis-related genes that we identified in *Ramazzottius varieornatus* are not conserved in *Echiniscus* species, suggesting possible convergent evolution of the anhydrobiosis in tardigrades.