

The 14th International Symposium on Tardigrada 口頭発表

慶應義塾大学大学院 政策・メディア研究科

後期博士過程1年 吉田祐貴

abs@sfc.keio.ac.jp

1. 活動日程、会場

日程: 2018 年 7 月 30 日~ 8 月 3 日

会場: August Krogh Building (The University of Copenhagen, North Campus)

2. 活動の目的

本活動の目的は、デンマーク・コペンハーゲンに位置するコペンハーゲン大学にて開催される International Symposium on Tardigrada (国際クマムシ学会)で学会発表を行う事である。本学会は唯一のクマムシ学に関わる国際学会であり、クマムシの生態学から系統分類、生殖、そして分子生物学までの幅広い分野の発表が行われる。本学会への参加によって慶應義塾大学SFCで行われるクマムシ学の研究を広めることが可能となり、またクマムシ学の専門家と詳細に議論することができる。

3. 発表内容および成果

本学会では、“Comparative genomics of the tardigrades *Hypsibius dujardini* and *Ramazzottius varieornatus*”という演題で筆頭著者として口頭発表を行った。クマムシは周辺環境の乾燥によって乾眠と呼ばれる特殊な状態に移行するが可能であり、このような状態では様々な極限環境への耐性を獲得することが知られている。乾燥耐性を可能とする分子機構を明らかにするため、我々生息環境の違いから乾眠移行に必要な時間が大きく異なる二種(*Ramazzottius varieornatus*及び*Hypsibius dujardini*)に対してゲノム解析および遺伝子発現量解析を実施した。その結果、二種は非常に似通った遺伝子セットを持つものの、ドゥジャルダンヤマクマムシでのみ大規模な遺伝子発現変動が見られた。これは生息環境の違いによると考えられる乾眠様式の多様性が、遺伝子セットの違いではなく、それらの制御によって行われていることを示唆する。また先行研究にて報告された原核生物などから水平伝播による大量の遺伝子の獲得は否定されたものの、一部乾眠に重要とされる遺伝子が水平伝播由来であったことが明らかとなった。さらに、形態学と分子生物学による知見では決着のつかなかった脱皮動物内での緩歩動物の系統関係の解析は、クマムシ二種の全ゲノムを用いたものの、決着を付けることができなかった。クマムシの系統関係を決定づけるためには近縁の生物のゲノム情報がさらに必要であることを示唆している。

これらの成果についての発表を通して、水平伝播による遺伝子の獲得機構や乾眠機構の多様性の因果関係についての議論を行うことができた。さらに、本研究で解析したクマムシのゲノム情報を用いた研究例も多く見受けられ、どのような活用例があるのかを学ぶきっかけとなった。

4. 今後の展望

現代の分子生物学においてゲノム情報は必須となりつつあるため、本研究で*H. dujardini*のゲノム情報を解読し、さらに乾眠機構の多様性に関わる因子を特定したことは今後の乾眠の分子機構解明に大きく貢献するデータベースとなる。今後我々はクマムシに様々な摂動を与え、その応答より極限環境耐性に関わる因子の特定を進める予定である。

5. 謝辞

本学会参加にあたり、資金面で援助いただきました湘南藤沢学会に熱く御礼申し上げます。



口頭発表の様子