

成果報告書

山本フィリップ (慶應義塾大学 政策・メディア研究科 修士課程 2年)

【発表の概要】

・タイトル:

A non-invasive molecular approach for spider species identification using proteome analysis

・発表形式: ポスター発表 対面

・学会: International Conference on Intelligent Systems for Molecular Biology (ISMB), Montreal, Canada

・ウェブサイト <https://www.iscb.org/ismb2024/home>

・参加期間: 2024年7月12日~2024年7月16日

・開催形式: 現地での対面開催

【研究の概要】

生物学、生態学、医学、農業など、さまざまな科学分野において正確な種の同定は極めて重要である。形態的特徴に基づく従来の方法は、表現型の可塑性や専門知識の必要性のためにしばしば限界がある。DNA バーコーディングは分子生物学的アプローチとして用いられるが、昆虫やクモのような小型の生物には侵襲的なサンプリングが必要で、これが生物を傷つけたり、場合によっては死に至らせる可能性がある。ここでは、生物が生成する生体材料のタンパク質組成を調べることで、非侵襲的な種同定法を提案する。具体的には、クモ糸に含まれる種特異的なタンパク質配列を解析対象とした。まず、様々なクモ種の糸に適用可能な普遍的な糸溶解法を LiBr を用いて確立した。配列類似性解析により、理論上種レベルで正確に同定できるグループと、高い配列類似性のために近縁種までしか同定できないグループを定義した。そして、糸タンパク質中に存在するペプチド配列を分析することでクモ種を同定するために、プロテオミクス解析を通じてタンパク質の存在率の指標を用いるバイオインフォマティクスパイプラインを開発した。このパイプラインは、15種のクモにおいて96%の種同定精度を達成した。本手法は野外の夾雑物の含まれる網でも高い種同定精度が示された。この非侵襲的技術は、DNA バーコーディングを補完する。例えば、寄生バチがクモを捕食し、クモそのものが残らず網だけが残る場合でも、クモの種を同定する研究に有効である。クモ以外にも、カイコの蛹、シロアリの消化酵素、ダニの唾液など体外にタンパク質を分泌する他の生物にもこの方法を拡張することができる。タンパク質ベースの種同定法が生態学および農業的な幅広い応用が期待される。

【活動成果】

発表を行った ISMB はバイオインフォマティクスを専門とする研究者が多い。そのため、種同定までのアルゴリズムについての指摘を多くいただいた。また、今回私が採用したアルゴリズムだけでは頑健性が不足しており、これから新たに2重3重のチェックを加える新たな計算が必要だということが明らかになった。また、本手法のアイデアにはたくさんの共感を得られたものの、応用性について質問されることが多く、今後実装や応用に向けて追加でフィールドでの実験が必要であることが明らかになった。また、シンポジウムではシングルセル RNA シーケンスや空間トランスクリプトーム解析のソフトウェアの機能や *de novo* プロテオーム解析の新規アルゴリズムの実装など、本研究に応用可能な新たなアイデアを複数得ることができた。

【今後の展望】

多様な視点を持つ研究者の指摘を受け、本手法の質を高めるアイデア、実用範囲を広げるアイデアの2つが得られた。今後それらのアイデアを実現するためのプランを考案した。まず、解析パイプラインを複雑化する。MaSp、MiSp など遺伝子別にし、含まれるタンパク質が多い順で別の種推定を行うことにより、より頑健なシステムを構築し、種同定の質をより高める。次に、野外で複数種のクモ網が混在するケースをフィールド調査し、サンプリングを行い、本手法での種同定を試験する。これによって、単なる種同定ではなく、複数種を対象とした野外での生態の調査を行うことが可能だということを示す。以上を実行することで、本手法の質と幅を広げることが可能だと考えられる。

【謝辞】

この度、ISMB への参加費用を援助いただき誠にありがとうございました。