

Focus	Genome sequencing of diverse <i>Drosophila</i> species (II)
PI	Shu Kondo Genetic Resource Center, National Institute of Genetics
Period	FY2015
Overview	<p><i>Drosophilidae</i> is an extremely diverse family of insects, with an estimated 10,000 species distributed all over the world. The most famous member of this family is <i>Drosophila melanogaster</i>, one of the most important model organisms in biomedical research. <i>D. melanogaster</i> was originally endemic to tropical sub-Saharan Africa, which offers a very comfortable environment for animals. In contrast, there are species of <i>Drosophila</i> that have adapted to extreme environments: Some species inhabit subarctic zones while others inhabit desert areas. There are also species that evolved to specialize in toxic food such as poisonous mushrooms. Not a few of these interesting species can be cultured in the laboratory just like <i>D. melanogaster</i>, offering a unique opportunity to study the molecular genetics of a new biological phenomenon. In the previous year, we determined the genome sequences of 10 <i>Drosophila</i> species. This year we will perform RNA-seq analysis of these species to comprehensively obtain the sequences of expressed mRNAs. Using the obtained data, we will annotate the genome sequence of each of the 10 species.</p> <div data-bbox="496 741 1211 1317" data-label="Image"> </div> <p data-bbox="751 1330 986 1361" style="text-align: center;"><i>Drosophila guttifera</i></p>
Progress	<p>(written in Japanese)</p> <p>シーケンステンプレートを調整するために、9種のショウジョウバエ生体サンプルを収集した。<i>D. bifasciata</i>, <i>Chymomyza costata</i>, <i>D. triauraria</i> は課題管理者が提供した。<i>D. guttifera</i> は京都大学・越川滋行博士よりご提供いただいた。<i>D. nasuta</i>, <i>Scaptomyza elmoi</i>, <i>D. lacteicornis</i> は愛媛大学ストックセンター (NBRP ショウジョウバエ分担機関)、<i>D. hydei</i>, <i>D. parapallidosa</i> は杏林大学ストックセンター (NBRP ショウジョウバエ分担機関) よりそれぞれ取得した。ハエ生体は雌雄に分別し、各々から市販のキットを用いて RNA を抽出した。抽出した RNA をテンプレートとして、Illumina 社の次世代シーケンサーで解析するためのライブラリを調整した。ライブラリ調整は外部業者に委託した。</p> <p>トランスクリプトーム解析調整したライブラリは、HiSeq シーケンサーを用いた RNA-seq 解析法により、トランスクリプトーム・データを取得した。解析は国立遺伝学研究所・比較ゲノム解析研究室・豊田 敦特任教授 (課題管理協力者) が担当した。9種のショウジョウバエの雌雄について、それぞれ約 100 億リードの発現 RNA 配列を取得した。得られた RNA-seq データはゲノムへのマッピングを行った上で、それを活用した遺伝子構造予測を現在進めている。その成果はゲノムブラウザとして公開予定である。</p>