


課題名	多様な特性を持つショウジョウバエ工種のゲノム配列 (2)
課題管理者	近藤 周 情報・システム研究機構国立遺伝学研究所 生物遺伝資源センター
実施期間	2015 年度
概要・実施体制	<p>ショウジョウバエ科の昆虫は全世界で 1 万種に上ると推定され、極めて多様性に富む分類群である。生物学研究で幅広く使われているキイロショウジョウバエ (<i>Drosophila melanogaster</i>) はその 1 種であるが、アフリカの熱帯地方が原産であり、生物が過ごしやすい温暖な環境に生息する種である。これに対して他のショウジョウバエ工種の中には、北極圏や砂漠地帯など極端な気候への適応進化を果たしたものや、毒キノコ食等の特殊な食性を発達させたものなど、キイロショウジョウバエには見られない卓越した特性を持つものがおり、新しい生命現象の実験遺伝学モデルとして高いポテンシャルを有している。平成 26 年度の本事業では、その中から特に今後の研究の発展が期待される 10 種のゲノム配列を決定した。本年度は RNA-seq 解析によって成虫組織で発現する mRNA の配列を網羅的に決定する。得られたデータを基に遺伝子コード領域を予測し、ゲノム配列情報の利便性を大幅に向上させる。</p>  <p style="text-align: center;"><i>Drosophila guttifera</i></p>
成果	<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>