

平成 27 年度ナショナルバイオリソースプロジェクト 成果報告書（公開）

補助事業 代表機関管理者 （所属機関・氏名）	ゲノム情報等整備プログラム 国立遺伝学研究所・系統生物研究センター 助教 近藤周
補助事業課題名	多様な特性を持つショウジョウバエ種のゲノム配列（2）

1. 補助事業の目的

ショウジョウバエ科の昆虫は全世界で数千種が知られている。生物学研究で幅広く使われているキロショウジョウバエ (*Drosophila melanogaster*) は、最先端の遺伝学技術が適用可能なモデル生物として、これまで生物学の様々な分野を牽引してきた。しかしながら、同種は温暖な熱帯地方が原産であるため、厳しい環境への適応等の興味深い生命現象を調べることはできない。ショウジョウバエ種の中には、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、毒キノコ等の特殊な食性を発達させたものが存在し、生態系の様々なニッチを埋めている。

これらの興味深いショウジョウバエ種の中には、キロショウジョウバエのように研究室での飼育が容易なものも多く、その一部が NBRP ショウジョウバエの分担機関である愛媛大学ストックセンター及び杏林大学ストックセンターにおいて維持されている。本課題では、これらの中から特に今後の研究の発展が期待される 10 種を選び、ゲノム配列を決定し、研究コミュニティに対して公開することを目的とする。

2. 補助事業の概要

2014 年度（補助事業課題名：「多様な特性を持つショウジョウバエ種のゲノム配列」）では、10 種のショウジョウバエ全てについて、次世代シーケンサーを用いたデータ取得を行い、ゲノム配列のアセンブルに成功した。2015 年度は、この内 9 種について、オス・メスそれぞれの全身 RNA を用いた RNA-seq 解析を行い、トランスクリプトーム・データを取得する。

3. 補助事業の成果（平成 27 年度）

（1）前年度（2014 年度）の成果

10 種のショウジョウバエについて、次世代シーケンサーを用いたデータ取得を行い、ゲノム配列のアセンブルに成功した。得られたゲノム配列データは、公開データベース（DNA Data Bank of Japan）へ登録した。

（2）ショウジョウバエの収集とサンプル調製

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。*D. bifasciata*, *Chymomyza costata*, *D. triauraria* は課題管理者が提供した。

D. guttiferは京都大学・越川滋行博士よりご提供いただいた。D. nasuta, Scaptomyza elmoi, D. lacteicornis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）、D. hydei, D. parapallidosa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。

（３）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。