

平成 30 年 8 月 10 日

報道機関 各位

宮崎大学医学部  
東北大学大学院生命科学研究科  
国立研究開発法人森林研究・整備機構森林総合研究所

## 石垣島でモデル線虫 *C. elegans* の姉妹種発見

新たなモデル生物として動物の進化や多様性を生み出すしくみの解明に期待

### 【発表のポイント】

- 線虫 *Caenorhabditis elegans* (*C. エレガンス*) は優れたモデル生物として用いられてきましたが、その姉妹種が見つかっていなかったため、進化生物学的な解析が遅れていました。
- 今回、*C. エレガンス* の姉妹種を沖縄県石垣島のイチジク的一种から発見し、*Caenorhabditis inopinata* (*C. イノピナータ*) と命名しました。
- さらに、*C. イノピナータ* の全ゲノム解読を行い、遺伝子操作技術を確立しました。
- *C. エレガンス* と *C. イノピナータ* の比較解析により、動物の進化や多様性を生み出すしくみの理解が深まることが期待されます。

### 【概要】

宮崎大学医学部の菊地泰生 准教授、国立研究開発法人森林研究・整備機構森林総合研究所 神崎菜摘 主任研究員と東北大学大学院生命科学研究科 杉本亜砂子 教授のグループは米・英・台湾の研究機関と共同で、モデル生物 *Caenorhabditis elegans* (セノラブディティス・エレガンス：*C. エレガンス*)<sup>(注1)</sup> の姉妹種 *Caenorhabditis inopinata* (セノラブディティス・イノピナータ：*C. イノピナータ*) を沖縄県石垣島のイチジク的一种から発見し、全ゲノムの解読を行いました。*C. elegans* は優れたモデル生物として様々な生物学的研究に活用されてきましたが、姉妹種が存在していなかったため、進化生物学的な解析が進んでいませんでした。今回、発見された *C. inopinata* は、*C. elegans* と最も近縁でありながら形態や行動・生態に大きな違いがあります。研究グループによって整備された高精度なゲノム情報と遺伝子操作技術により、*C. inopinata* が新たなモデル生物として広く利用されることで、動物の進化や多様性を生み出すしくみの理解が深まることが期待されます。

この成果は平成 30 年 8 月 10 日(日本時間 18:00)の Nature Communications 誌(電子版)に掲載されます。本研究は、文部科学省科学研究費補助金の支援を受けて行われました。



図 *C. inopinata* (上) と *C. elegans* (下)。  
*C. inopinata* の方が体長が約 2 倍長い。

## 【詳細な説明】

線虫 *Caenorhabditis elegans* (セノラブディティス・エレガンス : *C. elegans*) は医学・生命科学分野で幅広く使用され、様々な重要な発見を導いてきたモデル生物です。実際、*C. elegans* を用いた研究に対し過去3つのノーベル賞が授与されています。この優秀なモデル生物の唯一の弱点は「姉妹種」が不在で、比較進化学的な解析が困難なことでした。「生物学は、進化に照らして考えなければ何も意味をなさない (Nothing in Biology Makes Sense Except in the Light of Evolution)」とはアメリカの生物学者セオドシアス・ドブザンスキーの有名な言葉です。

森林総合研究所 神崎菜摘 主任研究員、宮崎大学医学部 菊地泰生 准教授、東北大学大学院生命科学研究科 杉本亜砂子 教授らのグループは、長らく求められてきた *C. elegans* の姉妹種を沖縄県石垣島のイチジク (オオバイヌビワ) の実 (花囊) から発見し、*Caenorhabditis inopinata* (セノラブディティス・イノピナータ : *C. inopinata*) と名付けました。これはこれまで *C. elegans* 研究の制限要因となっていた姉妹種不在問題を解消する極めて重要な発見です。

この新しい線虫は、*C. elegans* と共通点はあるものの、興味深い相違点が数多くありました。まず、体サイズが *C. elegans* と比較して2倍以上大きく (図1)、生活スタイルも *C. elegans* が多様な環境で生育可能な自由生活性なのに対して、*C. inopinata* はイチジクおよびイチジクコバチと深い関係があることなどです (図2)。これは姉妹種としては驚くべき違いです。

研究グループは、この違いが何に起因するかを明らかにするため、*C. inopinata* の全ゲノムを解読し、*C. elegans* と比較しました (図3)。その結果、ダイナミックなゲノム進化をもたらすトランスポゾン<sup>(注2)</sup> が *C. inopinata* には数多くあり、その転移を制御する可能性のある *ergo-1* 遺伝子が *C. inopinata* で失われていること、また、特定のイチジク種の実 (花囊) という極めて限られた生息領域を反映して、環境変化を感知する受容体 (7TM-GPCR<sup>(注3)</sup>) が減少しているといった、重要なゲノム進化を明らかにしました。

研究グループが行ったゲノム解読は極めて高精度で、解読された遺伝子配列はすべて染色体レベルにまとめることができます。研究グループはこの高精度なゲノム情報を利用しやすい形で広く提供するとともに、RNA干渉 (RNAi)<sup>(注4)</sup> による遺伝子機能破壊や遺伝子導入などの遺伝学的解析ツールも確立しました。

これらのリソースを活用し、*C. inopinata* が新たなモデル生物として今後広く利用され、*C. elegans* と併用して研究を進められることで、動物の進化や多様性を生み出すしくみの解析をはじめとする様々な分野で生命現象の理解がさらに深まることが期待されます。

本研究は、文部科学省科学研究費補助金の支援を受けて行われました。

### 【用語説明】

注 1: *Caenorhabditis elegans* モデル生物として 50 年以上用いられている線虫の一種。細胞数が約 1000 個と少なくその分裂パターンが完全に解明されていること、細胞が透明で体内の観察がしやすいこと、全ゲノム配列が最初に決定された動物であること、遺伝子操作技術が充実していること、などの実験材料として優れた性質を持つことから、個体発生・神経科学・寿命等の多様な生物学分野で活用されている。

注 2: トランスポゾン ゲノム上を転移できる塩基配列。転移することで突然変異の原因となり、生物の進化を促進してきたと考えられている。

注 3: 7TM-GPCR 7 回膜貫通型 G タンパク質共役レセプター。細胞外の神経伝達物質やホルモンを受容してそのシグナルを細胞内に伝える役割を果たす。*C. elegans* には約 1,300 の 7TM-GPCR が存在するが、*C. inopinata* には約 400 しか存在しない。

注 4: RNA 干渉 (RNAi) *C. elegans* で発見された、二本鎖 RNA と相補的な塩基配列を持つ mRNA が分解される現象。この現象を利用して、人工的に二本鎖 RNA を細胞内に導入することで、任意の遺伝子の発現抑制を行うことができる。

【図】



図1. *C. inopinata* (上) と *C. elegans* (下)。 *C. inopinata* の方が体長が約2倍長い。

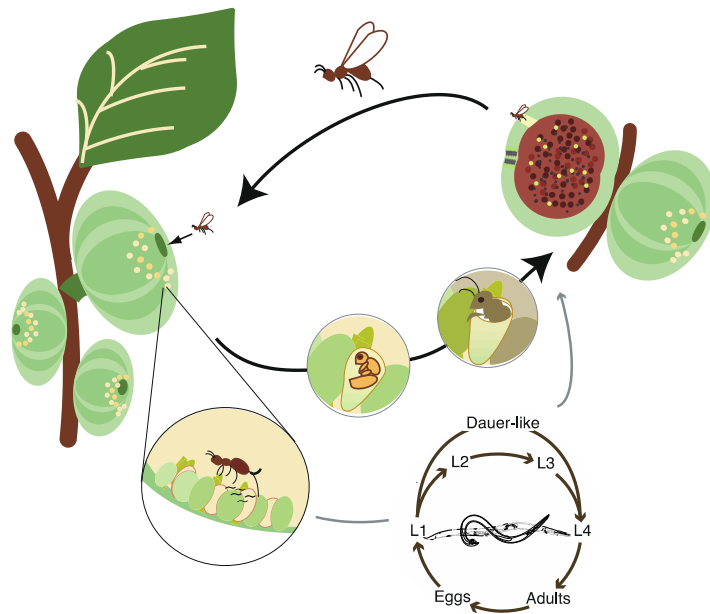


図2. *C. inopinata* の生活環。イチジク的一种 (オオバイヌビワ) の実 (花囊) に生息。イチジクコバチが *C. inopinata* の移動を媒介すると推測されている。

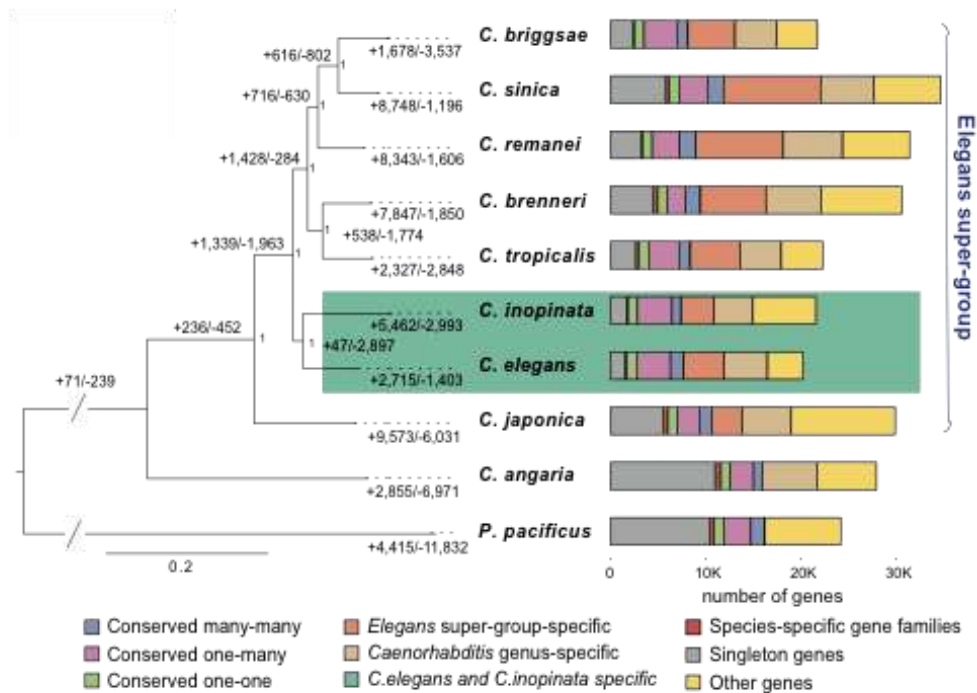


図 3. ゲノム配列比較に基づく *Caenorhabditis* 属線虫の系統樹

【論文題目】

題目 : Biology and genome of a newly discovered sibling species of *Caenorhabditis elegans*

著者 : Natsumi Kanzaki, Isheng J. Tsai, Ryusei Tanaka, Vicky L. Hunt, Dang Liu, Kenji Tsuyama, Yasunobu Maeda, Satoshi Namai, Ryohei Kumagai, Alan Tracey, Nancy Holroyd, Stephen R. Doyle, Gavin C. Woodruff, Kazunori Murase, Hiromi Kitazume, Cynthia Chai, Allison Akagi, Oishika Panda, Huei-Mien Ke, Frank C. Schroeder, John Wang, Matthew Berriman, Paul W. Sternberg, Asako Sugimoto, Taisei Kikuchi

雑誌 : Nature Communications