

プログラム名： セレンディピティの計画的創出による新価値創造

PM 名： 合田 圭介

プロジェクト名： 細胞刺激技術開発

委 託 研 究 開 発

実 施 状 況 報 告 書 (成果)

平成 28 年度

研究開発課題名：

油脂高含有 *Euglena* 株のトランスクリプトーム解析と

E. gracilis ゲノム情報の充実

研究開発機関名：

国立研究開発法人理化学研究所

研究開発責任者

持田 恵一

I 当該年度における計画と成果

1. 当該年度の担当研究開発課題の目標と計画

プロジェクト2チーム1の掲げる研究開発目標のうち、特に、*Euglena* 藻をはじめとする微細藻類がもつ有用な遺伝資源の探索に必要なゲノム情報基盤の整備を行う。代表的な *Euglena* 藻系統のゲノム解析を行い、当プロジェクトを推進するための基盤情報を整備する。また、*Euglena* 藻系統について、さまざまな条件のトランスクリプトームを RNA-seq 法によって解析し、転写単位と遺伝子発現に関する情報を整備する。これらの基盤情報をデータベースとして統合することで、*Euglena* 藻における有用遺伝子や有用プロモーター領域の情報、形質転換 *Euglena* を効率よく作成するための基礎情報を提供する。

2. 当該年度の担当研究開発課題の進捗状況と成果

2-1 進捗状況

【油脂高含有株の特徴付け】

① *Euglena* 油脂高含有株の遺伝子発現プロファイル取得

Euglena 油脂高含有株の遺伝子発現プロファイルを RNA-seq 解析により取得し、発現パターンデータをプロジェクト2チーム1に提供した。RNA-seq リードをマッピングする対象となる遺伝子配列セットを *De novo* アセンブリにより作成するとともに、遺伝子機能アノテーションを行い、*E. gracilis* 種においてトランスクリプトーム解析を進めるための基盤を構築した。

② 上記で取得される情報のデータベース化と論文化

前年度に構築した *Euglena* ゲノムデータベースの機能の強化を行った。具体的には、*E. agilis* ゲノムアセンブリ結果の更新、遺伝子機能アノテーションの刷新、*De novo* アセンブリによって作成した *E. gracilis* 遺伝子セットの情報を公開した。また、*E. agilis* ゲノムに関する成果をプロジェクト2チーム1とともに取りまとめ、投稿した。さらに、*E. gracilis* のゲノム情報を整備するために、ゲノム解読を行い、遺伝子構造の推定を行った。

【効率的なプローブ等の導入方法の検討】

プローブ開発をはじめとした、*Euglena* 材料とした課題に関して、これまでに整備した *Euglena* 藻のゲノムデータベースを提供し、*Euglena* のゲノム情報を利用した研究開発に協力した。

2-2 成果

目標 *E. gracilis* ゲノム情報の充実

E. gracilis のトランスクリプトームデータを収集し、*De novo* アセンブリによる遺伝子セットを作成することに加えて、*E. gracilis* 種の全ゲノム解読を、複数のインサートサイズをもつゲノム DNA ライブラリを作成し、*De novo* アセンブリすることにより行った。アセンブリの総長は 1.67 Gb で、推定 2.1Gb の *E. gracilis* ゲノムの 80%近くを解読したことに相当する。53798 遺伝子座を同定した。

Table 1. *E. gracilis* ゲノムアセンブリと遺伝子予測結果

Parameters	
Number of scaffolds	1,306,386
Total length of scaffolds	1,674 Mbp
N50 of scaffolds	107,955 bp
Number of gene loci	53,796 genes

2-3 新たな課題など

E. gracilis のゲノムアセンブリをより高精度なものにするため、メイトペアリードを用いたすきやフォールディングを行う必要があり、現在実施している。

3. アウトリーチ活動報告

なし