

## 1. 研究課題名：淡水性繊毛虫 *Colpoda* の沿岸環境におけるストレス応答機構の解析

共同研究者（拠点構成員）：渡辺幸三（愛媛大学 生態・保健科学部門）

## 2. 研究目的

本研究で取り上げる繊毛虫 *Colpoda cucullus*（コルポーダ）は、田畑にできた水たまりなど身近な淡水環境に生息する単細胞生物である。コルポーダは、乾燥をはじめ様々な環境ストレス耐性を有するシストを形成することで陸上環境や劣悪な環境にも適応する。ストレスが解消されるとシストは脱シスト化し、蘇生する。

申請者は、これまでにコルポーダのシストが強酸・アルカリ<sup>(1-2)</sup>、凍結<sup>(3)</sup>、ガンマ線<sup>(4-5)</sup>などの様々な環境ストレス耐性を有することを明らかにし、コルポーダの環境適応に関する知見を蓄積してきた。しかしながら、コルポーダに代表される淡水性繊毛虫の塩耐性と沿岸環境に対する適応に関しては未だ未解明である。それゆえ本研究では、淡水性単細胞生物コルポーダを研究対象として、コルポーダシストの塩耐性と沿岸環境に対する適応の可能性について解明することを目的とする。

## 3. 研究方法

### 3-1 コルポーダ細胞の塩耐性試験

コルポーダのシスト細胞を様々な濃度の塩類溶液に懸濁し、暴露後の生存率を計測することにより、コルポーダシスト細胞の塩に対する耐性を検証する。

### 3-2 次世代シーケンサーを利用した耐性遺伝子の探索

次世代シーケンサーを利用した RNA-Seq を行い、通常細胞とシス

トの遺伝子発現変化解析し、耐性遺伝子の同定を目指す。

・コルポダの栄養細胞、シスト細胞、蘇生途中の細胞から RNA を抽出し、それぞれの細胞で発現している遺伝子を次世代シーケンサーを用いた RNA-Seq により比較解析する。(膨大な遺伝子配列データを扱うバイオインフォマティクス解析を CMES 生態・保健科学部門に設置されている専用高速計算サーバ 4 台を活用して実施する。)

・明らかに発現変化(発現増加・発現減少)する遺伝子を発現変化比でソートし、それぞれ上位 10 遺伝子(標的遺伝子)をピックアップする。

・標的遺伝子に対してリアルタイム PCR 法による定量解析を行い、実際に発現変化していることを確認する。

#### 4. 研究成果と今後の課題

繊毛虫コルポダの休眠シストにおける塩耐性を検証することができた。また、耐性を獲得するために必要な遺伝子の解析において、RNA 抽出と次世代シーケンサーによる解析を実施することができた。現在明らかになった遺伝子群についてその機能を解析している。

当該研究期間における研究成果

1. 日本原生生物学会 奨励賞 (日本原生生物学会)

「繊毛虫 *Colpoda* の休眠シスト形成と環境ストレス耐性」(2022 年 9 月)

2. 十亀陽一郎 繊毛虫 *Colpoda* の休眠シスト形成と環境ストレス耐性 (受賞講演).

第 55 回日本原生生物学会大会 (2022 年 9 月 2 日)

3. 日本比較生理生化学会 吉田奨励賞 (日本比較生理生化学会)

「真核単細胞生物の休眠シストにおける無代謝休眠の分子機構解明」  
(2022 年 11 月)

4. 十亀陽一郎 真核単細胞生物の休眠シストにおける無代謝休眠の分子機構解明（受賞講演）日本比較生理生化学会第44回（2022年11月）

5. メディア報道 微生物研究、社会のために 福島高専・十亀助教が奨励賞ダブル受賞

福島民友4面（2023年1月22日）

6. メディア報道 受賞 単細胞生物コルポータ耐性メカニズム一部解明  
福島民報社掲載箇所13面（2022年12月10日）

## 5. 参考文献

1) Sogame et al. *African J. Microbiol. Res.* 2011.

2) Nakamura, Sogame et al. *J. Protozool. Res.* 2020.

3) Matsuoka, Sogame et al. *Acta Protozool.* 2020.

4) Saito, Sogame et al. *J. Protozool. Res.* 2020.

5) Saito, Sogame et al. *Acta Protozool.* 2020.