

南極線虫 *Panagrolaimus davidi* の乾燥耐性遺伝子の機能解析

鹿兒島 浩^{1,2}, 小原 雄治², 仁木 宏典^{1,2}

1) 新領域融合研究センター, 2) 国立遺伝学研究所

Functional analysis of anti-desiccation gene in Antarctic nematode *Panagrolaimus davidi*.

Hiroshi Kagoshima^{1,2}, Yuji Kohara², Hironori Niki^{1,2}

1) Transdisciplinary Research Integration Center, 2) National Institute of Genetics

Antarctica is an extreme environment for life. Antarctic nematode, *Panagrolaimus davidi*, must remain either frozen or dry for much of the year, and they can grow only during short period when liquid water is available from melting snow in the summer. *P. davidi* can survive intracellular ice formation and they can tolerate an almost complete loss of water. We aim to elucidate the molecular basis of these tolerances of *P. davidi* to the extreme environment.

We analyzed 63,418 cDNA sequences from *P. davidi* and found that they constitutively expressed high level of stress response genes, such as anti-desiccation gene, *lea-1*. The LEA proteins are proposed to function in preventing protein-aggregation by interacting with desiccation-sensitive proteins in a dehydrated condition. *P. davidi* has numbers of highly diverged-LEA family genes. Recent biochemical study on an anhydrobiotic tardigrade, *Ramazzottius varieornatus*, identified two novel protein families, Cytoplasmic- and Secretory-Abundant Heat Soluble (CAHS/SAHS) (Yamaguchi A. et al. (2012) PLoS ONE 7: e44209). They showed low similarity with LEA proteins, however changed their conformation to an α -helical structure in water-deficient conditions as LEA proteins do. Interestingly, a diverged-type LEA protein of *P. davidi* has intermediate feature between canonical LEA protein and CAHS proteins, suggesting that CAHS were evolved from canonical LEA through divergent LEA. We are analyzing LEA/CAHS/SAHS protein's function by introducing them into a model organism, *Caenorhabditis elegans*, to examine if these genes can confer desiccation tolerance to desiccation-sensitive *C. elegans*.

南極大陸は極低温で非常に乾燥した生命にとっての極限環境である。この環境に生息する南極線虫 *Panagrolaimus davidi* は、体内の水分の完全な喪失や、細胞内の凍結に対して強力な耐性を持っている。我々は、南極線虫 *P. davidi* を研究材料に使い、乾燥・凍結耐性を担う遺伝子の同定を行い、さらにこれらの耐性遺伝子の担う分子メカニズムを明らかにしたいと考えている。

これまでに我々は *P. davidi* の約6万本の cDNA 配列を解析し、複数の環境耐性遺伝子候補を見出したが、この中から特に3型 LEA 遺伝子に注目した。3型 LEA は初め植物の胚で高発現するタンパク質(Late Embryogenesis Abundant)として同定され、その後、乾燥耐性を持つ多くの生物種で発見された。LEA タンパク質は通常は無構造だが、乾燥時は両親媒性の α ヘリックス構造を取り、他のタンパク質に結合し沈殿の形成を阻害することで細胞質タンパク質の安定化を行っていると考えられている。他の生物に比べ *P. davidi* は非常に多くの LEA 遺伝子バリエーションを持つ。この中の典型的な LEA バリエーションはタンパク質の保護を行っていると考えられるが、非典型的な LEA バリエーションは細胞膜の保護などに働いている可能性が示唆されている。最近の研究で、強力な乾燥耐性を持つヨコヅナクマムシから CAHS、SAHS (細胞質型、および分泌型熱安定性タンパク質) の2種類の新規の LEA 様タンパク質が同定されたが(Yamaguchi A. et al. 2012 PLoS ONE 7: e44209)、興味深いことに *P. davidi* の非典型的な LEA は、典型的な LEA とクマムシの CAHS/SAHS との中間的な配列的特徴を持っていた。現在、我々は、LEA/CAHS/SAHS 遺伝子を、実験モデル生物 *Caenorhabditis elegans* に導入し、乾燥に弱い生物である *C. elegans* が耐性能を獲得できるかどうかについて検討している。