

博士論文

シオミズツボワムシの
ストレス応答機構と増殖不調の予知に関する研究

指導教員 千葉洋明 准教授

北里大学大学院水産学研究科

田中千香也

2014

目次

| | |
|---|----------|
| 省略記号 | 1 |
| 第 1 章 序論 | 3 |
| 第 1 節 人口問題と水産資源 | 3 |
| 第 2 節 初期餌料 | 4 |
| 第 3 節 本研究の目的 | 6 |
| 第 4 節 各章の内容 | 8 |
| 第 2 章 ワムシの生理状態の定量的な評価方法の確立 | 9 |
| 第 1 節 目的 | 9 |
| 第 2 節 材料と方法 | 9 |
| 第 1 項 ユグロンの溶媒の検討 | 11 |
| 第 2 項 薬剤の致死濃度の検討 | 11 |
| 第 3 項 生理状態の異なる個体のユグロン耐性の比較 | 12 |
| 第 4 項 L 型ワムシと S 型ワムシのユグロン耐性の比較 | 13 |
| 第 5 項 ユグロンに対する応答機構の検証 | 13 |
| 第 6 項 ユグロンのストレス応答に関わる遺伝子群の探索 | 14 |
| 第 3 節 結果 | 20 |
| 第 1 項 ユグロンの溶媒の検討 | 20 |
| 第 2 項 薬剤の致死濃度の検討 | 20 |
| 第 3 項 生理状態の異なる個体のユグロン耐性の比較 | 21 |
| 第 4 項 L 型ワムシと S 型ワムシのユグロン耐性の比較 | 22 |
| 第 5 項 ユグロンに対する応答機構の存在の検証 | 22 |
| 第 6 項 ユグロンストレス応答に関わる遺伝子群の探索 | 23 |
| 第 4 節 考察 | 24 |
| 第 1 項 薬剤の検討 | 24 |
| 第 2 項 L 型ワムシと S 型ワムシの酸化ストレス耐性の違い | 26 |
| 第 3 項 ストレス耐性獲得の機構 | 28 |
| 第 4 項 生理状態の異なるワムシのユグロン耐性 | 31 |

| | | |
|--------------|------------------------------------|----|
| 第 3 章 | ワムシの増殖不調の予知法の開発 | 33 |
| 第 1 節 | 目的 | 33 |
| 第 2 節 | 材料と方法 | 33 |
| 第 3 節 | 結果 | 35 |
| 第 4 節 | 考察 | 37 |
| | | |
| 第 4 章 | 増殖不調に先立って発現量が変化する遺伝子群の探索 | 42 |
| 第 1 節 | 目的 | 42 |
| 第 2 節 | 材料と方法 | 42 |
| 第 1 項 | <i>de novo</i> アセンブリによるリファレンス配列の構築 | 48 |
| 第 2 項 | 既知の遺伝子群との比較 | 48 |
| 第 3 項 | 発現解析 | 49 |
| 第 3 節 | 結果 | 49 |
| 第 1 項 | <i>de novo</i> アセンブリによるリファレンス配列の構築 | 49 |
| 第 2 項 | 既知の遺伝子との比較 | 51 |
| 第 3 項 | 発現解析 | 52 |
| 第 4 節 | 考察 | 53 |
| 第 1 項 | ワムシにおける分子生物学的研究 | 53 |
| 第 2 項 | ユグロン刺激に対する応答機構 | 54 |
| 第 3 項 | 非モデル生物における次世代シーケンサの活用 | 59 |
| | | |
| 第 5 章 | 総合考察 | 62 |
| | | |
| 謝辞 | | 71 |
| 引用文献 | | 73 |
| 図表 | | 96 |

省略記号

本論文では以下の省略記号を用いた.

ATP: adenosine triphosphate

BLAST: basic local alignment search tool

bp: base pair

cDNA: complementary DNA

DMSO: Dimethyl sulfoxide

DNA: deoxyribonucleic acid

dNTP: deoxynucleotide triphosphate

EDTA: ethylenediaminetetraacetic acid

EST: expressed sequence tag

e-value: expectation value

FAO: food and agriculture organization of the united nations

FOXA: forkhead box protein A

HSP: heat shock protein

IGF: insulin-like growth factor

IPTG: isopropyl β -D-1-thiogalactopyranoside

LB: luria-bertani

PCR: polymerase chain reaction

qPCR: Quantitative PCR

RNA: ribonucleic acid

ROS: reactive oxygen species

RT-PCR: reverse transcription PCR

SIR2: silent information regulator 2

SOC: super optimal broth with catabolite repression

TE: tris-EDTA

Tris: tris (hydroxymethyl) aminomethane

X-gal: 5-bromo-4-chloro-3-indolyl β -D-galactopyranoside

第 1 章 序論

第 1 節 人口問題と水産資源

世界の人口は 2010 年の時点で約 69 億人と推計されており、2050 年には 90～100 億人にも達すると予想されている (FAO 2013). 人口の増加にともなって、水やエネルギーの不足といったさまざまな問題が起こることが懸念される。この中で、もっとも深刻なのは食料問題である。現在、すでに世界の 8 人に 1 人は慢性的な飢餓の状態であり、将来的に食料の不足はさらに深刻となる。これに対処するためには食料の増産を進めなければならないが、穀物の作付面積は 1970 年代から約 7 億ヘクタールで横ばいであり (FAO 2013), 砂漠化の進行などにより耕作可能な面積は今後さらに減少していく。そこで食料問題の解決策として有効なのは、水環境の資源、特に魚類の安定した確保にあると考えられる。

四方を海に囲まれた日本では魚食文化が発達し、古くは縄文時代の貝塚からも水産物を利用していた痕跡が見つかっている。また、塩蔵品や干物、発酵食品など長期間にわたって保存できる加工技術もあり、内陸部への輸送も可能である。さらに、太平洋戦争後の食糧難の時代においては、貴重な動物性タンパク質として水産資源は我が国の復興を支えた。一方、多くの魚種は天然資源に頼っているため、豊漁時と不漁時の漁獲量の差が激しい。例えば、マイワシ *Sardinops melanosticus*, マサバ *Scomber japonicus*, サンマ *Cololabus saira* などの多獲性浮魚類の漁獲量は、数十年～百年周期の規模で 3 桁の違いに及ぶ大変動をすることが知られている (伊藤 1982; 河井 1988, 1999; 松田 1995). さらに、資源管理が十分になされていないために、乱獲によって資源量が激減している種もいる (勝川 2011).

魚類は多産多死型の生存戦略をとるため、多くの卵を産むものの、成魚となるのはごく

く一部である（吉永 2010）。孵化直後の初期減耗を改善することで、多産少死型に近づけることができれば、より安定した供給が可能となる。栽培漁業は、仔稚魚期を人為的な管理下で育成し、ある程度まで成長した稚魚を生育に適した自然の水域に放流する技術である（松宮 2000）。日本では 1960 年代から始まり、現在では全国各地で広く行われている。また、対象となる魚種もヒラメ *Paralichthys olivaceus* やマダイ *Pagrus major*, アユ *Plecoglossus altivelis*, トラフグ *Takifugu rubripes*, クロダイ *Acanthopagrus schlegelii* など多様である（小磯 2007）。一方、栽培漁業の問題点として、(1) 放流による特定の魚種のみ増加によって、生態系のバランスが破綻する可能性があることや、(2) 有用形質を持った少数の親魚を用いることによる遺伝的多様性の低下が挙げられる（良永 2009）。また、種苗の形態学および生理学的な健全性（健苗性）と放流される環境への順応能力（種苗性）が高くなければ、漁獲回収率が低下する（伏見 2010）。今日の栽培漁業では、種苗生産に用いる親魚をできるだけ多数用いることで遺伝的多様性の低下を緩和したり、放流の効果を検証することで最適な放流量の検討を行うことで、これらの問題に対処し、水産資源の増産に寄与している。

第 2 節 初期餌料

栽培漁業の成否を決定する要因として、仔稚魚の餌の確保が挙げられる。それぞれの仔稚魚に適した餌を確保することができなければ、育成することができない。種苗生産の初期餌料に求められる条件は、(1) 仔魚の口径に見合った大きさであること、(2) 形状が単純で壊れやすいこと、(3) 十分な栄養価があり、消化吸収されること、(4) 大量培養が容易なこと、(5) 飼育水の水質を悪化させないこと、などが挙げられる（平野・

大島 1963；藤田 1973；日野・平野 1975)。現在、多くの魚種の初期餌料として用いられているシオミズツボワムシ *Brachionus plicatilis* sp. complex (以下ワムシと呼ぶ) は、これらの条件を全て満たしている。例えば、マハタ *Epinephelus septemfasciatus* では至適サイズのワムシを順次給餌することで、仔魚の成長や生残が改善することが報告されている (田中ら 2005)。

ワムシは遺伝子レベルで 14 種以上に分類される複合種である (Suatoni et al. 2006)。従来は、形態的な特徴やアロザイム分析から大型の L 型、小型の S 型、SS 型の 3 タイプに大別されていた (Fu et al. 1991a, 1991b；Kotani et al. 2005)。かつて、ワムシは養鰻場で大発生して水質を悪化させる害虫であった。一方、広塩性の本種を海水に馴致することで、アユ仔魚の初期飼料として有効であることが報告された (伊藤 1960)。これを契機に、さまざまな種類の海産魚の種苗生産が可能となった。その後、ワムシの餌に用いる濃縮餌料も開発され (Maruyama and Hirayama 1993)、現在では海産の魚介類の種苗生産に不可欠な初期餌料生物となっている (Fukusho 1983；Lubzens 1987；Lubzens et al. 1989；Hagiwara et al. 2007)。したがって、栽培漁業を成功させるためには、まずは安定してワムシを大量培養することが重要である。

一方、ワムシの大量培養の現場においては、増殖の停滞や突発的な大量へい死といった問題が未だに起こる (小磯・日野 2002；小磯ら 2009)。こうした問題の原因の究明に関して、多くの研究がなされてきた。これまでに餌料不足、水質の悪化、細菌叢の変化 (日野 1989；Yu et al. 1989；Hagiwara et al. 1994) などの培養環境の変化や、原生動物の関与 (日野ら 1981；Maeda and Hino 1991；Hagiwara et al. 1995；Cheng et al. 1997) が原因として指摘されている。しかし未だに問題は残されており、現場の担当者が長年

の経験からそのつと対応し、ワムシの確保に努めているのが現状である。これには多大な労力を要し、仔稚魚の餌を確保できない危険を常にともなっている。そこで、ワムシの生理状態を評価する研究が行われた。例えば、遊泳速度 (Korstad et al. 1995)、高塩分耐性 (小磯・日野 1999)、酵素活性 (de Araujo et al. 1998, 2000)、飢餓耐性 (Yoshinaga et al. 2001a)、高温耐性 (Yoshinaga et al. 2008) などが挙げられる。バッチ培養におけるワムシの個体群はシグモイド型の成長曲線を描くことが知られており (Yoshinaga et al. 2001b)、増殖が不活発な対数増殖期初期から指数関数的に増殖する対数増殖期へ移行する。その後、個体数がほとんど変化しない定常期を経て、退行期を迎える (Yúfera and Navarro 1995; 日野 2000a)。増殖が停滞した個体群を再び増殖するように回復させることは非常に困難であるため、ワムシを安定的に確保するためには、できるだけ早い時期に不調の兆候を検知して対応する必要がある。しかし、これまでの評価手法では不調の兆候の検知が困難であったために、増殖不調の解決には至らなかった。現場の担当者が簡便に不調を判断することができる予知法の開発が急務となっており、例えば目視のみで検出できるような方法が望まれている。

第 3 節 本研究の目的

好適な環境下で活発に繁殖するワムシは、一般的に健康と判断される。一方、ワムシが繁殖を抑制すると寿命は 2 倍以上にも長くなり、同時にストレス耐性も高くなることが知られている (Yoshinaga et al. 2000, 2003)。したがって、活発に増殖する個体群は、実際には増殖が停滞したときよりもストレス耐性は低くなっている。すなわち、順調に増殖する個体群は環境のストレスに対して脆弱になるため、軽度の環境条件の変化が増

殖の停滞や大量への死を引き起こすものと考えられる。

環境条件が悪化した時に、ワムシの個体レベルではストレスの影響を軽減するストレス応答が起こることが知られている。これは、例えば熱や酸化といったストレスの影響を軽減したり、傷害を分子レベルで修復するものである (Kaneko et al. 2002, 2011 ; Oo et al. 2010 ; Ozaki et al. 2010)。一方、ストレス耐性を個体群レベルで考える際には注意が必要である。まず、個体群には若齢から老齢までさまざまな個体が含まれる。齢はワムシのストレス耐性に影響することが知られており (Yoshinaga et al. 2003)、個体群の年齢構成によって群全体のストレス耐性は変化する。例えば老齢個体中心の個体群では、繁殖に多くのエネルギーを費やしてきたためにストレス耐性の低下が起こり、環境の変化に対して適応できず、個体群の減少が起こる。また、遺伝的に均一な単性生殖を営む個体群であっても、世代間でストレス応答に関わる分子が伝播することが知られている。親虫が飢餓を経験すると、それに応じて発現する抗酸化に関わる分子の転写産物が仔虫に伝わり、その結果としてより高い抗酸化ストレス耐性がもたらされる (Kaneko et al. 2011)。したがって、前世代が経験した環境の変化は、次世代にも直接的に作用することになる。さらに、ストレスの作用が軽度であった場合は、これによってストレス応答機構が活性化することにより、有害であるストレスがむしろ生体にとって有益な効果をもたらす“ホルミシス”と呼ばれる現象も知られている (Calabrese et al. 1999)。すなわち、ストレスとは非常に複雑な作用を有しており、特に個体群のレベルでその影響を見る場合は注意が必要である。そこで本研究は、ワムシ個体および個体群に対するストレスがもたらす応答機構の変化の影響を解明し、これを基にワムシ個体群の増殖不調を予測するための手法を開発することを目的とした。

第 4 節 各章の内容

本章に続いて第 2 章では、ワムシの生理状態の定量的な評価法を検討した。第 3 章では、給餌量に起因するワムシ個体群の増殖不調を予知できるかどうかを検証した。さらに第 4 章では、増殖不調に先立って発現量が変化する遺伝子群を同定するために、次世代シーケンサを用いた網羅的なトランスクリプトーム解析を行った。最後に第 5 章では、一連の結果をまとめて考察し、研究の展望について述べた。

第2章 ワムシの生理状態の定量的な評価方法の確立

第1節 目的

本章では、薬剤耐性を指標としてワムシの生理状態を定量的に評価する方法を確立することを目的とした。薬剤には、ユグロン (5-ヒドロキシ-1,4-ナフトキノン) とパラコート (1,1'-ジメチル-4,4'-ビピリジニウムジクロリド) の2種類を用いた。ユグロンとはクロクルミ *Juglans nigra* の葉や果皮に含まれる物質であり、センチュウ *Caenorhabditis elegans* などを対象とした実験で酸化ストレスを付加するための酸化剤としてよく用いられている (Cypser and Johnson 2002; Przybysz et al. 2009; Chen et al. 2013)。パラコートは除草剤として広く用いられ、ユグロンと同様に酸化ストレスを付加するための酸化剤としても利用されている (Zeitoun-Ghandour et al. 2011; Cai et al. 2012)。

本章ではまず、(1) ワムシに対するユグロンおよびパラコートの有効致死濃度を検証した。次に、(2) ワムシがユグロン刺激に対するストレス応答機構を有するかどうかを調べた。

第2節 材料と方法

材料

シオミズツボワムシ *Brachionus plicatilis* sp. complex (以下、ワムシと呼ぶ) 石川株、ジャワ産小型 (JS) 株、八重山株の計3株を用いた (表 2-1)。石川株および JS 株は長崎大学の萩原篤志教授より提供された。八重山株は独立行政法人水産総合研究センター水産生物遺伝資源保存事業 (ジーンバンク事業) から購入した。石川株は L 型、JS 株と八重山株は S 型である。実験に先立ち、ワムシを3ヶ月以上にわたって継代培養した。なお、実験により異なる株を用いた理由は、2011年3月の東日本大震災によって起こった長期間にわたる停電のために、株の維持が不可能となったためである。

海水

石川株および JS 株の培養に用いた 50%人工海水（塩分 16）は、以下のように作製した。純水 1 L に試験研究用・人工海水マリンアート SF-1（富田製薬株式会社）19.2 g を溶解した。その後、1.2 μm と 0.45 μm のメンブレンフィルタ（Millipore）で順次濾過した。さらに、使用する直前に 0.45 μm のメンブレンフィルタで再度濾過した。

八重山株の培養に用いた 50%滅菌海水（塩分 16）は、以下のように作製した。加圧蒸気滅菌（121°C, 20 分間）した天然海水をプランクトンネット（目合い 50 μm , DIN110-50, 田中三次郎商店）で濾過し、滅菌水で 2 倍に希釈した。再度、加圧蒸気滅菌（121°C, 20 分間）し、プランクトンネット（目合い 50 μm ）で濾過した。2 種類の飼育水を用いた理由は、2011 年 3 月の東日本大震災による研究場所の移転のためである。

餌料

石川株および JS 株の餌料（以下、餌と呼ぶ）は有限会社日海センター（東京）から購入した生濃縮淡水産クロレラを用いた。本種の商品名はクロレラであるが、正式な分類はナンノクロロプシス *Nannochloropsis oculata* である。生濃縮淡水産クロレラ 1 本（約 70 mL）あたりに 800 mL の 50%人工海水を加えて、1 時間攪拌した。その後、遠心分離機（LC-220, 株式会社トミー精工）で 1,580 $\times g$, 20 分間の条件で遠心分離を行い、沈殿を回収した。この操作を 3 回繰り返して、餌を洗浄した。これを 55 mg/mL（乾重量）になるように 50%人工海水で調製して、500 μL ずつ小分けにして -20°C で保存した。

八重山株には生クロレラ-V12（クロレラ工業株式会社、東京）を給餌した。生クロレラ-V12 は淡水クロレラであり、商品の細胞密度は 150 億細胞/mL である。4°C で保

存し、15 日ごとに新たに購入した。

第 1 項 ユグロンの溶媒の検討

ユグロン (420120, Calbiochem ; H47003, Sigma-aldrich) とパラコート (36541, Sigma-aldrich) を用いた。ユグロンは、エタノールおよびジメチルスルホキシド (DMSO) に溶解性を示す。そこで、まずワムシに対する 2 つの溶媒の毒性を比較した。5 mL の 50% 人工海水にエタノールまたは DMSO を 0.1, 1, 10% (v/v) の 3 段階の濃度になるようにそれぞれ加えて、この海水中でのワムシの生存時間を比較した。対照区として溶媒を加えないものを設けた。各濃度につき、6 穴カルチャープレート (Microplate 6well, Iwaki) の 3 つのウェルに、2 個の単性生殖卵を持った石川株 (L 型) を 10 個体ずつ収容した ($n=30$)。実験期間中は給餌しなかった。ワムシの生存数は、10 分から 12 時間の間隔で 86 時間にわたって観察した。ワムシの生死は外部器官および内部器官の動きの有無で判断した。死亡時間は死亡を確認した前後の観察時刻の平均として求めた。観察終了時に生存していた個体は打ち切りデータとして扱った。生存時間の解析には JMP 9.0.2 (SAS Institute Inc.) を用いた。Kaplan-Meier 法で生存関数を推定し、得られた生存関数の等質性は log-rank 検定で検出した。

第 2 項 薬剤の致死濃度の検討

ワムシに対するユグロンの致死濃度を以下の方法で調べた。ユグロンの溶媒にはエタノールを用いた (結果を参照)。ユグロンの濃度は 0.02, 0.2, 2, 20 μM の 4 段階とした。また溶媒であるエタノールの濃度は、ユグロンの濃度に関わらずいずれも 1% (v/v) になるように調節した。対照区には 1% (v/v) エタノールのみを与えた。実験期間中は

給餌しなかった。ユグロンを含む 50%人工海水を 48 穴カルチャープレート (Multidish 48wells nunclon™ delta surface, Nunc) のウェルに 1 mL ずつ分注した。1 個の単性生殖卵を持った石川株 (L 型) および JS 株 (S 型) をそれぞれ 1 個体/mL の密度で収容した ($n=8$)。10 分から 4 時間の間隔で 24 時間にわたって観察した。ワムシの生死の判断および生存時間の解析は上述の通りである。

ワムシに対するパラコートの致死濃度は以下の方法で調べた。パラコートは滅菌水で溶解した。パラコートの濃度は 0.1, 1, 10, 100 μM および 1, 10 mM の 6 段階とした。対照区には滅菌水を用いた。実験期間中は給餌しなかった。パラコートを含む 50%滅菌海水を 6 穴カルチャープレートのウェルに 5 mL ずつ分注した。1 個の単性生殖卵を持った八重山株 (S 型) を 4 個体/mL の密度で収容した ($n=20$)。30 分から 4 時間の間隔で 24 時間にわたって観察した。ワムシの生死の判断および生存時間の解析は上述の通りである。

第 3 項 生理状態の異なる個体のユグロン耐性の比較

ワムシの個体群には、孵化直後の個体や携卵個体、老齢個体など生理状態の異なる個体が同時に存在している。比較する個体の生理状態の違いによってユグロン耐性が変化すると、個体群のユグロン耐性を正しく評価することができない。そこで、(1) 孵化直後の個体、(2) 携卵個体、(3) 非携卵個体についてそれぞれ検討し、ユグロン耐性の比較に最適な段階を決定した。

八重山株 (S 型) を 1 個体/mL で収容して培養を開始した。培養開始日を 0 日目とし、6 日間にわたり行った。試験区を 2 区設け、一方を給餌制限区、もう一方を飽食区とした。餌は培養 1 日目まで全ての区に培養液中の餌料密度が 300 万細胞/mL となるように

給餌した。培養 2 日目以降は、給餌制限区ではワムシ 1 個体あたり 15 万細胞、飽食区ではワムシ 1 個体あたり 50 万細胞となるようにそれぞれ給餌した (図 2-1)。なお、培養方法の詳細は第 3 章に記述した。培養 6 日目の各個体群から 3 個以上の単性生殖卵を携卵したワムシを 5 mL の飼育水が入ったシャーレに収容し、室温で 2 時間にわたって静置した。2 時間後までに孵化したワムシ 20 個体 (孵化直後群) を採集した。同様に培養 6 日目の各個体群から、1 個の単性生殖卵を携卵したワムシ 20 個体 (携卵群)、および携卵していないワムシ 20 個体 (非携卵群) をそれぞれ採集した。これら 3 群のワムシ 20 個体ずつをそれぞれ 1 μ M ユグロンを含む 5 mL の飼育水に収容し、2 時間にわたり 15 分ごとに生死を観察した。ワムシの生死の判断および生存時間の解析は上述の通りである。

第 4 項 L 型ワムシと S 型ワムシのユグロン耐性の比較

ユグロン投与下における石川株 (L 型) と JS 株 (S 型) の生存時間の比較を行った。20 μ M ユグロンを含む 10 mL の 50% 人工海水を 6 穴カルチャープレートのウェルに分注した。1 個の単性生殖卵を携卵した石川株と JS 株を 10 個体ずつ同一のウェルに収容し、恒温器 (20°C) に静置した。どちらかの株の全個体が死亡するまで 10 分ごとに観察を行った。同様の作業を独立して 3 回繰り返した。石川株と JS 株の区別は、被甲長と被甲の形態の違いで行った (福所 1983)。ワムシの生死の判断および生存時間の解析は上述の通りである。

第 5 項 ユグロンに対する応答機構の検証

石川株 (L 型) と JS 株 (S 型) について、ユグロンに対するストレス応答機構を有す

るかどうかを調べた。実験のデザインは Cypser and Johnson (2002) を参照した。1 mL の 50%人工海水に 54 $\mu\text{g/mL}$ (乾重量) で餌を懸濁したものを培養液として用いた。実験には、1 個の単性生殖卵を持った個体を用いた。培養は 48 穴カルチャープレートで行った。処理の方法を図 2-2 に示した。処理区は、0.2 μM ユグロンを含む培養液にワムシを 1 個体/mL の密度で収容して ($n=8$)、恒温器 (27°C) 内で 1 時間の前処理を行った。対照区は、エタノールを 1% (v/v) で含む培養液にワムシを同じ密度で収容して、1 時間の前処理を行った。前処理の後、両区のワムシをユグロンを含まない新しい培養液に移して、恒温器 (27°C) 内で回復させた (回復培養)。回復時間は、石川株は 1, 12, 24, 48 時間の 4 段階、JS 株は 1, 24, 48 時間の 3 段階とした。その後、20 μM ユグロンを含む 1 mL の 50%人工海水に個別に移した。移動した時点を 0 分とし、ワムシの生残を 10 分ごとに 2 時間にわたって観察した。観察期間中は給餌を行わなかった。ワムシの生死の判断および生存時間の解析は上述の通りである。

第 6 項 ユグロンのストレス応答に関わる遺伝子群の探索

500 mL の海水に 92 $\mu\text{g/mL}$ (乾重量) の餌を懸濁して、ワムシを 6 日間にわたって培養した。培養は、恒温器 (27°C) 内で行った。3 日ごとに、55 $\mu\text{g/mL}$ (乾重量) の餌を与えた。

プランクトンネット (目合い 50 μm) でワムシを回収し、140 mL の 50%人工海水に移した。この 50%人工海水を 70 mL ずつに分け、ユグロンの処理区と対照区とした。処理区は、ワムシの入った 50%人工海水に 50 $\mu\text{g/mL}$ (乾重量) の餌を含む培養液と終濃度 0.2 μM のユグロンを加え、総量を 200 mL にした。恒温器 (27°C) 内で 1 時間培養し、ユグロン処理を行った。同様に、対照区は 1% (v/v) エタノールで処理を行った。

処理後、それぞれの培養液からプランクトンネット（目合い 50 μm ）でワムシを回収して、50%人工海水で洗浄した後、ユグロンを含まない新しい培養液に移した。恒温器（27°C）内で6時間の回復培養を行った。

RNA の抽出

上述の処理したワムシをプランクトンネットで回収し、TRIzol reagent（15596-026, Invitrogen）を用いて RNA を抽出した。回収したワムシを 50%人工海水で2回洗浄した後、1 mL の TRIzol を加えた。注射器（1 mL 注射筒（SS-01T）と注射針（NN-2425R, いずれもテルモ株式会社）で吸い出しを20回繰り返して、組織を粉碎した。これに 200 μL のクロロホルムを加えて、15 秒間攪拌した。試料を 20,000 $\times g$, 4°C で 15 分間遠心分離して、450 μL の上清を新しいマイクロチューブに移した。これに 450 μL のイソプロパノールを加えて攪拌した後、20,000 $\times g$, 4°C で 20 分間遠心分離した。液相を除去し、沈殿した RNA を 20 μL の TE 緩衝液に溶解した。total RNA の純度および濃度を分光光度計（DU530, ベックマン株式会社）で測定した。また、total RNA の分解度を Dynamarker RNA easy measurement N（DM170, Biodynamics laboratory Inc.）で観察した。

RNA の精製

Poly(A)⁺ RNA の精製は、OligotexTM-dt30<super>mRNA purification kit（from total RNA）（9086, タカラバイオ株式会社）を用いた。処理区の total RNA（55 μg ）および対照区の total RNA（50 μg ）にそれぞれ 50 μL の 2 \times Binding buffer, 10 μL の Oligotex-dt30<super>を混合した後、RNase free 水で総量を 110 μL にした。おだやかによく混和し、70°C で 3 分間加温した後、室温で 10 分間静置した。その後、20,000 $\times g$ で 5 分間遠心分離して、

上清を除去した。350 μ L の Wash buffer を加え、よく懸濁した。スピнкаラムに全量を移し、20,000 $\times g$ で 30 秒間遠心分離した。さらに 350 μ L の Wash buffer を加え、よく懸濁し、20,000 $\times g$ で 30 秒間遠心分離した。70°C に加温した 20 μ L の RNase free 水を加えてよく懸濁し、20,000 $\times g$ で 30 秒間遠心分離した。この操作を 2 回繰り返した。得られた Poly(A)⁺ RNA 溶液 (38 μ L) をエタノール沈殿法で濃縮した。沈殿した RNA を 6 μ L の TE 緩衝液に溶解し、分光光度計で吸光度を測定して、濃度、収量、純度を求めた。

cDNA サブトラクション

cDNA サブトラクションは、Clontech PCR-select cDNA subtraction kit (637401, Clontech) を用いて行った。このキットは、(1) First-strand と Second-strand cDNA の合成、(2) 酵素消化、(3) アダプターライゲーション、(4) First hybridization、(5) Second hybridization、(6) Polymerase chain reaction (PCR) の 6 つの操作からなっている。本研究では、テスターにユグロン処理したワムシから得られた RNA を、ドライバーに対照区のワムシから得られた RNA を用いて、cDNA サブトラクションを 2 回行った。1 回目は、処理区および対照区の total RNA をそれぞれ 1 μ g ずつ用いた。2 回目は処理区の Poly(A)⁺ RNA を 20 ng、対照区の Poly(A)⁺ RNA を 48 ng ずつ用いた。方法は原則として取扱説明書に従い、(1) ~ (5) の反応は半量の系で行った。(6) Polymerase chain reaction (PCR) は以下のように行った。1 μ L のサブトラクションテンプレートに 2.5 μ L の 10 \times PCR buffer、終濃度 0.2 mM の dNTP、1 μ L のキット付属の Primer 1、1.5 μ L の 50 \times Advantage 2 polymerase mix を加え、滅菌水で総量を 25 μ L にした。75°C で 5 分間の加温、94°C で 25 秒間の加熱後、変性を 94°C で 10 秒間、アニーリングを 66°C で 30 秒間、伸長反応を 72°C で 90 秒間のサイクルを 30 回繰り返した。この PCR 産物を滅菌水で 10 倍に希

積した. 1 μ L の希釈 PCR 産物に 2.5 μ L の 10 \times PCR buffer, 終濃度 0.2 mM の dNTP, 1 μ L のキット付属の N-primer 1, 1 μ L のキット付属の N-primer 2R, 1.5 μ L の 50 \times Advantage 2 polymerase mix を加え, 滅菌水で総量を 25 μ L にした. 変性を 94 $^{\circ}$ C で 10 秒間, アニールリングを 68 $^{\circ}$ C で 30 秒間, 伸長反応を 72 $^{\circ}$ C で 90 秒間のサイクルを 15 回繰り返し, 72 $^{\circ}$ C で 7 分間の最終伸長反応を行った.

ライゲーション

1 μ L の PCR 産物を TE 緩衝液で総量を 50 μ L にした後, エタノール沈殿法により DNA を回収した. 回収した DNA は, pGEM-T easy vector systems (A1360, Promega) を用いて pGEM-T easy vector に組み込んだ. 精製した DNA に 5 μ L の 2 \times Rapid ligation buffer, 50 ng の pGEM-T easy vector, 3U の T4 DNA ligase をそれぞれ加え, 滅菌水で総量を 10 μ L にした. 反応は 4 $^{\circ}$ C で約 23 時間行った.

形質転換

5 μ L のライゲーション産物を 50 μ L の大腸菌コンピテントセル DH5 α (DNA-903, 東洋紡株式会社) に加えて, 氷上で 30 分間静置した. 42 $^{\circ}$ C で 30 秒間加温した後, 2 分間氷冷した. これに 900 μ L の SOC 培地を加え, 37 $^{\circ}$ C で 1 時間の振盪培養を行った. その後, カルベニシリン選択固相 LB 培地 (表 2-2) に菌体を塗布して, 37 $^{\circ}$ C で 18 時間の培養を行った.

インサートチェック

目的の DNA 断片を含むプラスミド DNA を持つ大腸菌コロニーを選択するため, コ

ロニーダイレクト PCR によるインサートチェックを行った。3 μ L の 10 \times PCR 緩衝液、終濃度 0.2 mM の dNTP、終濃度 0.5 μ M の M13P7 および M13P8 プライマ (表 2-3)、0.5U の KOD dash (LDP-101, 東洋紡株式会社) または KOD -plus- ver.2 (KOD-211, 東洋紡株式会社) を加えて、滅菌水で総量を 30 μ L にした。KOD plus を用いたときは終濃度 1.5 mM の硫酸マグネシウムも加えた。これに白色コロニーの一部をマイクロピペットチップの先端にとって加えて混合した。また、ネガティブコントロールとして青色コロニーの一部をピペットチップの先端にとって加えて混合した。95 $^{\circ}$ C で 10 分間の加熱後、変性を 94 $^{\circ}$ C で 30 秒間、アニーリングを 55 $^{\circ}$ C で 30 秒間、伸長反応を 74 $^{\circ}$ C で 90 秒間のサイクルを 30 回繰り返して、74 $^{\circ}$ C で 7 分間の最終伸長反応を行った。1% (w/v) アガロースゲルの電気泳動で PCR 産物を分画して、エチジウムブロマイド染色でバンドを可視化した。

プラスミド DNA の抽出

リボソーム RNA と相同性を示した PCR 産物の大腸菌コロニーを除いた陽性コロニー (結果を参照) を 1 mL の液体 LB 培地 (表 2-2) に植菌して、37 $^{\circ}$ C で約 18 時間の振盪培養を行った。培養した大腸菌から、QIAprep spin miniprep kit (27106, Qiagen) を用いてプラスミド DNA を抽出した。方法は取扱説明書に従った。抽出したプラスミド DNA を分光光度計 (DU530) で吸光度を測定して、濃度、収量、純度を求めた。

塩基配列の決定

塩基配列の決定は、目的の DNA 断片を含むプラスミド DNA を持つ大腸菌コロニーの PCR 産物および大腸菌から抽出したプラスミド DNA を用いて行った。PCR 産物は

塩基配列の決定を行うに先立って、余分な dNTP およびプライマを ExoSAP-IT (78200, USB corporation) で除去した。4 μ L の PCR 産物に滅菌水で 5 倍に希釈した Exo-SAP を 2 μ L 加えた。37°C で 30 分間の加温後、80°C で 15 分間加熱した。塩基配列の決定は、BigDye terminator v3.1 cycle sequencing kit (4337455, Applied biosystems) を用いたジデオキシ法によって行った。1 μ L の PCR 産物または 100 ng のプラスミド DNA に、PCR 産物の場合はシーケンス用のプライマである M13P7 もしくは M13P8 プライマ (表 2-3) のいずれか、プラスミド DNA の場合は M13P7 もしくは SP6 プライマ (表 2-3) のいずれかを 0.25 μ M, 2 μ L の 5 \times 緩衝液, 0.25 μ L の BigDye terminator 試薬を加えて、滅菌水で総量を 10 μ L にした。96°C で 2 分間の加熱後、変性を 96°C で 10 秒間、アニーリングを 50°C で 5 秒間、伸長を 60°C で 2 分間のサイクルを 40 回繰り返した。PCR 産物からの DNA 溶液はイソプロパノール沈殿、プラスミド DNA からの DNA 溶液はエタノール沈殿を行った。蛍光標識した PCR 産物からの DNA 溶液に 40 μ L の 75% (v/v) イソプロパノールを加え、2,380 $\times g$ で 30 分間遠心分離した。上清を除去して、沈殿を 65°C で 15 分間乾燥させた。蛍光標識した反応産物に終濃度 3.5 mM の EDTA, 終濃度 81 mM の酢酸ナトリウム, 終濃度 70% (v/v) エタノールを加え、総量を 65 μ L にした。室温で 15 分間の静置後、3,000 $\times g$ で 30 分間遠心分離した。上清を除去して、80 μ L の 4°C に冷やした 70% (v/v) エタノールを加えた。1,600 $\times g$ で 15 分間遠心分離した後、上清を捨て、沈殿を 65°C で 15 分間乾燥させた。乾燥した試料を 15 μ L の Hi-Di Formamide (4311320, Applied biosystems) に溶解して、98°C で 2 分間の熱変性を行った後、DNA シーケンサ (ABI PRISM 3100-Avant, Applied biosystems) を用いて塩基配列を決定した。

塩基配列の解析

決定した塩基配列は、Vector NTI (ver.10, Invitrogen) で精度を確認した後、BLASTX 検索 (nr データベース, 2013 年 3 月) で同一性を示す配列を検索した。

第 3 節 結果

第 1 項 ユグロンの溶媒の検討

10% (v/v) エタノールを含む海水中での生存時間 (メディアン生存時間 \pm 標準誤差, 0.8 ± 0.0 時間) は対照区 (0%) のそれ (72 時間で打ち切り) に比べて有意に短くなった ($P<0.0001$, log-rank 検定, 図 2-3)。10% (v/v) エタノールを含む海水中で死亡した個体は体が縮小していたものの, 0.1%~1% (v/v) エタノールを含む海水では見られなかった。

10% (v/v) DMSO および 1% (v/v) DMSO を含む海水の生存時間 (0.1 ± 0.7 時間および 79.0 ± 0.0 時間) は対照区 (0%) のそれ (86 時間で打ち切り) に比べて有意に短くなった (いずれも $P<0.0001$, log-rank 検定, 図 2-3)。1%~10% (v/v) の DMSO を含む海水の中の個体は, 6 穴カルチャープレートの底や側面に付着して動かなかった。

以上の結果より, 1% (v/v) 以下の濃度のエタノールがユグロンの溶媒として最適であることが分かった。

第 2 項 薬剤の致死濃度の検討

前項の結果から, エタノールの方が DMSO よりも毒性が低いことが分かった。そこで, ユグロンの溶媒には, 毒性の影響が見られなかった 1% (v/v) エタノールを用いることにした。

石川株に対するユグロンの致死濃度を調べた結果, 濃度が高いほど生存時間は短く

なった (図 2-4). 20 μM 区および 2 μM 区における生存時間 (メディアン生存時間 \pm 標準誤差, 15.0 \pm 3.8 分と 30.0 \pm 5.7 分) は, いずれも 0.2 μM 区および 0.02 μM 区のそれら (2 個体が死亡, 残りは 1440 分で打ち切り, 0.2 μM 区; 1 個体が死亡, 残りは 1440 分で打ち切り, 0.02 μM 区) と比べて有意に短くなった (いずれも $P < 0.001$, log-rank 検定). 一方, 20 μM 区と 2 μM 区, および 0.2 μM 区と 0.02 μM 区の間にはいずれも有意な差は認められなかった ($P = 0.1172$, 20 μM と 2 μM ; $P = 0.4832$, 0.2 μM と 0.02 μM).

JS 株に対するユグロンの致死濃度を調べた結果, 石川株と同様に濃度が高いほど生存時間は短くなった (図 2-4). 20 μM 区および 2 μM 区における生存時間 (5.0 \pm 1.6 分と 180.0 \pm 17.7 分) は, いずれも対照区のそれ (1440 分で打ち切り) と比べて有意に短くなった (いずれも $P < 0.001$, log-rank 検定). 一方, 0.2 μM 区における生存時間 (540 分後に 1 個体死亡, 7 個体は 1440 分で打ち切り) と対照区のそれの間には有意な差は認められなかった ($P = 0.3173$).

八重山株に対するパラコートの致死濃度を調べた結果, 0.1 μM ~10 mM の 6 段階の濃度で 24 時間の観察期間に死亡した個体はほとんどいなかった (図 2-5).

第 3 項 生理状態の異なる個体のユグロン耐性の比較

前項の結果より, ストレスを与える薬剤としてユグロンを用いることとした. 1 μM ユグロンを含む飼育水中での生存時間は, 孵化直後群では, 給餌制限区の生存時間 (37.5 \pm 0.8 分) と飽食区のそれ (37.5 \pm 0.0 分) との間には有意な差は認められなかった ($P = 0.3173$, log-rank 検定, 図 2-6). 携卵群では, 給餌制限区の生存時間 (82.5 \pm 1.6) 分は, 飽食区のそれ (112.5 \pm 1.4 分) に比べて, 有意に短くなった ($P < 0.0001$). 非携卵群では, 給餌制限区の生存時間 (67.5 \pm 1.8 分) と飽食区のそれ (112.5 \pm 3.4 分) との間には有

意な差は認められなかった ($P = 0.0841$). 以上の結果から, ユグロン耐性の比較は携卵個体を用いて行うこととした.

第 4 項 L 型ワムシと S 型ワムシのユグロン耐性の比較

石川株の生存時間 (5.0 ± 1.1 分) は, JS 株のそれ (25.0 ± 1.5 分) と比べて有意に短くなった ($P < 0.0001$, log-rank 検定; 図 2-7).

第 5 項 ユグロンに対する応答機構の存在の検証

石川株

1 時間回復区では, 処理区の生存時間 (25.0 ± 5.6 分) と対照区のそれ (25.0 ± 3.0 分) との間には有意な差は認められなかった ($P = 0.69$, 図 2-8). 一方, 12 時間回復区および 24 時間回復区では, 処理区の生存時間 (それぞれ 35.0 ± 10.1 分と 35.0 ± 2.5 分) は対照区のそれら (25.0 ± 1.8 分と 25.0 ± 1.6 分) に比べて有意に長くなった ($P < 0.05$, 12 時間回復区; $P < 0.01$, 24 時間回復区; log-rank 検定). しかし 48 時間回復区では, 処理区の生存時間 (25.0 ± 3.3 分) と対照区のそれら (25.0 ± 2.5 分) との間には有意な差は認められなかった ($P = 0.23$).

JS 株

1 時間回復区では, 処理区の生存時間 (40.0 ± 6.8 分) と対照区のそれ (45.0 ± 4.2 分) との間には有意な差は認められなかった ($P = 0.80$, 図 2-9). 一方, 24 時間回復区では, 処理区の生存時間 (65.0 ± 7.9 分) は対照区のそれ (40.0 ± 4.6 分) に比べて有意に長くなった ($P < 0.05$). しかし, 48 時間回復区では, 処理区の生存時間 (40.0 ± 4.6 分) と対照区

のそれ (45.0 ± 1.6 分) との間には有意な差は認められなかった ($P = 0.70$, 48 時間回復区).

第 6 項 ユグロンストレス応答に関わる遺伝子群の探索

本研究では、得られた RNA 量が少なかったため、ユグロンストレス応答の際に発現が増加するもののみの探索を行った. 1 回目の cDNA サブトラクションで得られた PCR 産物を用いてサブクローニングを行った結果、49 個の白色コロニーが得られた. これらの白色コロニーをインサートチェックした結果、26 個が陽性コロニーであった. 目的の DNA 断片を含むプラスミド DNA を持つ大腸菌コロニーの PCR 産物を用いて、塩基配列を決定した結果、20 個はリボソーム RNA であった. これら以外の 6 個の大腸菌コロニーからプラスミド DNA を抽出し、塩基配列を決定した. その結果、得られた塩基配列は 1 種類であり、その長さは 380 bp であった (図 2-10). これを基に演繹した 126 残基のアミノ酸配列を BLASTX 検索した結果、フロリダオオアリ *Camponotus floridanus* の Peroxidase (アセッション番号, EFN68225) と 16% の同一率を示した ($e\text{-value} = 1e-10$). Peroxidase は、過酸化水素を水に変換する酵素である (吉川ら 2000).

2 回目の cDNA サブトラクションで得られた PCR 産物を用いてサブクローニングを行った結果、63 個の白色コロニーが得られた. これらの白色コロニーをインサートチェックした結果、48 個が陽性コロニーであった. 目的の DNA 断片を含むプラスミド DNA を持つ大腸菌コロニーの PCR 産物を用いて、塩基配列を決定した結果、4 個はリボソーム RNA であった. これら以外の 44 個の大腸菌コロニーからプラスミド DNA を抽出し、その内の 20 個のプラスミド DNA について塩基配列を決定した. その結果、2 種類の塩基配列が得られた. 1 つ目は、塩基配列の長さが 159 bp であった (図 2-11).

演繹した 52 残基のアミノ酸配列を BLASTX 検索した結果、クロオオコウモリ *Pteropus alecto* の Tryptase (ELK10168) と 44% の同一率を示した (e-value=3e-10). Tryptase はマスト細胞に存在するセリンプロテアーゼの一種である (Vanderslice et al. 1990). 2 つ目は、塩基配列の長さが 376 bp であった (図 2-12). 演繹した 97 残基のアミノ酸配列を BLASTX 検索した結果、ウシ *Bos taurus* の far upstream element-binding protein 3 (NP_001094687) と 35% の同一率を示した (e-value=6e-16). far upstream element-binding protein は 1 本鎖 DNA に結合するタンパク質である (Davis-Smyth et al. 1996).

第 4 節 考察

第 1 項 薬剤の検討

本章では、薬剤耐性を指標としてワムシの生理状態を定量的に評価する方法の確立を目的とした。まず、ワムシに対するユグロンおよびパラコートの致死濃度の検証を行った。その結果、ユグロンは 0.02~20 μM の範囲で濃度依存的にワムシの死亡率を高めることがわかった (図 2-4)。一方、パラコートは 10 mM 以下の濃度ではワムシの生残にほとんど影響しなかった (図 2-5)。これにより、以降の解析にはユグロンを用いることとした。次に、ワムシがユグロン刺激に対するストレス応答機構を有するかどうかを調べた。その結果、石川株 (L 型)、JS 株 (S 型) とともに前処理に続いて特定の回復時間を設けると、致死的なユグロン投与下における生存時間が長くなった (図 2-8, 2-9)。また、石川株 (L 型) と JS 株 (S 型) の致死的なユグロン投与下における生存時間を比較すると、JS 株の方が有意に長くなった (図 2-7)。最後に、ワムシのユグロン刺激に対するストレス応答機構に関与する遺伝子群を cDNA サブトラクション法で探索した結果、3 種類の cDNA クローンを得ることができた (図 2-10~2-12)

本研究では、S 型ワムシ八重山株を 10 mM パラコートに曝したところ 24 時間の観察時間中に死亡する個体は見られなかった。一方、Kaneko et al. (2011) では、飽食状態で 4 日間培養した L 型ワムシ石川株を 10 mM のパラコートに曝したところ 14 時間で全個体が死亡した。この反応の違いは、実験に供したワムシの株の違いや生理状態の違いにより起こったものと考えられる。Kaneko et al. (2011) では、L 型ワムシ石川株を 1 mL の培養液で個別培養を行い、毎日新しい培養液に移した。一方、本研究では S 型ワムシ八重山株を 200 mL の培養液で個体群培養を行い、4 日ごとに 100 mL のワムシの入った培養液を 100 mL の新しい培養液に移した。対数増殖期の培養液はワムシの成熟を早める作用がある (Yoshinaga et al. 1999)。また、対数増殖期初期から対数増殖期にかけて増殖促進成分をワムシは産生し、体外に放出していることが示唆されている (Ohmori et al. 2011)。したがって、本研究での培養方法では他個体が分泌する物質のなんらかの影響を受けたため、個別に培養した時と比較して、生理状態に変化が起っていた可能性が考えられる。

本研究ではユグロンの溶媒としてエタノールを用いた。また、ユグロン処理の溶媒としてエタノールを用いる際に、終濃度 1% (v/v) となるように調製した。一方、Gallardo et al. (1997) によれば、終濃度 0.2~1% の 5 段階の濃度のエタノールを含む培養液中で L 型ワムシ NH3L 株を培養した場合、終濃度 0.2% 以上のエタノールはワムシの個体群の増殖に悪影響を及ぼすことを報告している。また、Yoshinaga et al. (2005) は、終濃度 1% のエタノールは胚発生に異常を引き起こすが、終濃度 0.002% では起こらないことを報告した。本研究は、単性生殖卵を携卵した成熟したワムシを用いていること、ユグロンによる前処理の時間は 1 時間と短時間であること、前処理および回復時間中に孵化した仔虫は取り除いていることから、終濃度 1% (v/v) のエタノールによるワムシの生

残への影響はほぼなかったものと考えられた。

第 2 項 L 型ワムシと S 型ワムシの酸化ストレス耐性の違い

ユグロンは、活性酸素種（以下 Reactive oxygen species, ROS）を発生させる薬剤である。これまでにセンチュウ *C. elegans* やキイロショウジョウバエ *Drosophila melanogaster* の酸化ストレス耐性の研究に用いられてきた。実際に、ROS はセンチュウの老化を促進させることが知られている（De Castro et al. 2004；Przybysz et al. 2007）。好氣的生物にとって必須の酸素は、生体内では ROS にもなっている。好氣的生物は、酸素の大部分をエネルギー産生に用いている。この時、同時に酸素は通常時でもその一部は ROS に変換されている（大柳・井上 2001）。ROS とは、酸素原子を含む反応性の高い化合物の総称のことであり、スーパーオキシド（ O_2^- ）や過酸化水素などが含まれる（大柳・井上 2001）。ROS による生体高分子の傷害の蓄積は、老化の主要因であると考えられている（鈴木・谷口 2002）。したがって、エネルギー産生を酸素代謝に依存している好氣的生物は、自ら取り込んだ酸素から変換された ROS によって酸化ストレスを受けていることになる。すなわち、酸化ストレスは好氣的生物にとっては、避けることのできないストレスである。

ワムシは型や株の違いにより増殖率が異なる。伊藤ら（1981）は L 型ワムシ 2 株および S 型ワムシ 3 株の計 5 株の内的自然増加率を比較した。その結果、S 型の方が増殖率が高く、また、同型のワムシでも株により増殖速度や水温耐性が異なることを報告した。さらに、同じワムシ株でも継代培養時の水温により至適水温が変化する可能性がある（小磯 2000）。本研究で用いたワムシの継代培養は、恒温器（27℃）を用いて水温を一定に保てるような条件で行ったため、至適水温の変化は起こっていない。S 型ワムシの

方がユグロンストレス耐性が高くなったことの原因として (図 2-7), 2 種の生息環境の違いに起因すると考えられる (Tanaka et al. 2009). S 型ワムシは自然環境下では 30°C 付近の場所で生息し, 一方で L 型ワムシは 20°C 付近に生息している (Hagiwara et al. 2001). 最も良く増殖する温度は S 型ワムシでは 35°C 付近, L 型ワムシでは 30°C 付近である (Hagiwara et al. 1995). すなわち L 型ワムシよりも高水温を好む S 型ワムシは, 代謝が活発であるため, より多くのエネルギー (ATP) を必要とする. ATP は好気呼吸によって産生される一方, 同時に多くの ROS も産生される. したがって, S 型ワムシは L 型ワムシよりも高い酸化ストレスに対応する機構を獲得したと考えられた.

石川株および JS 株の 20 μ M ユグロン存在下の生存時間は, 個別に比較した場合 (15.0 \pm 3.8 分, 石川株; 5.0 \pm 1.6 分, JS 株, 図 2-4) と混在した場合 (5.0 \pm 1.1 分, 石川株; 25.0 \pm 1.5 分, JS 株, 図 2-7) で異なった. 実験に用いるワムシは常に同じ状態を維持するように継代培養を行っているものの, 個体密度や培養液中の餌量, 水質の変化を一定に制御することは困難である. 環境が悪化すると, ストレスの影響を軽減するストレス応答が起こる (Kaneko et al. 2002, 2011; Oo et al. 2010; Ozaki et al. 2010). また, 活発に増殖する個体群は, 増殖が停滞した時よりもストレス耐性が低くなっている (Yoshinaga et al. 2000, 2003). したがって, 各実験に用いたワムシの生理状態が異なっていたため, このような結果になったと考えられた. また, ユグロンの調製は毎回同様の方法で行っているものの, 誤差が生じた可能性は否定出来ない. したがって, 本研究では 2 株のユグロンに対する耐性の違いを同じ培養液中で比較した場合の方が, より正しい結果を示していると考えられた,

第3項 ストレス耐性獲得の機構

本研究では低濃度のユグロンによる前処理後の回復時間を、石川株では4段階、JS株では3段階設けた。これは、石川株の結果（図2-8）をうけて、JS株でも12時間もしくは24時の回復時間を設けると、致死的なユグロン投与下における生存時間が長くなると考えられたからである。そこで、より回復時間が長い24時間の場合の致死的なユグロン投与下における生存時間のみを比較したためである。本研究では、低濃度のユグロンによる前処理の時間を1時間とした。前処理の時間によって致死的なユグロン投与下における生存時間が変化する可能性があるので、今後の実験のデザインを考える上での検討課題である。

低濃度のユグロンによる前処理に続いて特定の回復時間を設けると、致死的なユグロン投与下における生存時間が長くなった（図2-8, 2-9）。一般的に、ストレスの付加からそのストレスに対する耐性の向上を獲得するまでには数時間の時間経過が必要である。また、この向上は一過性のものである（酒井 2006）。例えば、熱ストレスに対して発現する熱ショックタンパク質（HSP）の場合、その種の生育の適温範囲内であれば、温度変化による一過性の応答が起こる（坂内 1994）。また、熱ショックによって HSP の合成が盛んになると、他のタンパク質の合成は低下する（坂内 1994）。一方、タンパク質には半減期があり、HSP70 は1～5時間、過酸化水素を酸素と水に変える反応を触媒する抗酸化酵素であるカタラーゼは5～50時間といわれている（上野・木南 2000）。

一般に、有害な刺激（ストレス）は生物にとって不利な影響を及ぼすと考えられている。一方、有害な刺激が逆に有利な影響をもたらすこともある。これは、ホルミシスと呼ばれている。その定義は、有害な刺激に低レベルでさらすことによって、生理機能に有益な効果が誘導される現象のことである。「ホルミシス」という言葉が初めて用いら

れたのは, Southam and Ehrlich (1943) による研究である. これは, ベイスギ *Thuja plicata* の心材から抽出した水溶性の抽出物を, さまざまな濃度で菌類に与え, 抽出物の入っていない対照区と成長率を比較したものである. その結果, エブリコ *Fomes officinalis* やカイメンタケ *Polyporus schweinitzii* などいくつかの種類では, 抽出物の濃度が高いときは成長を阻害したものの, 濃度が低いときは対照区よりも逆に成長を促進することが分かった. 以降ホルミシスに関する研究は, イエバエ *Musca domestica* (Allen and Sohal 1982) やキイロショウジョウバエ *D. melanogaster* (Khazaeli et al. 1997) などさまざまな生物で行われてきた. Le Bourg et al. (2001) は, キイロショウジョウバエ *D. melanogaster* に 1 日 5 分間の熱処理を 5 日間にわたって行ったとき, 平均 2 日間も寿命が延びることを報告した. 一方, 熱処理をより長い期間にわたって行くと, 寿命は対照区と同じかまたは短くなった. 別の例では, 正常ヒト表皮角化細胞に 41°C で 1 時間の熱処理を 1 週間に 2 回行った結果, 相対寿命の延長, プロテアソーム活性の増加, Na⁺/K⁺-ATPase ポンプの活性の向上が見られたものの, 熱処理の温度を 41°C から 43°C に上げると効果はなくなった (Rattan and Ali 2007). すなわち, ホルミシスの誘導は限定された条件下でのみ起こると考えられる. また, ホルミシスは, 性差, ストレスの種類, 株の違いによっても誘導されない場合があることが知られている. 例えば, Lamb (1964) は, ハエの一種 *D. subobscura* に X 線を照射し, 寿命の変化を調査した. この時, メスでは寿命が延びたものの, オスの場合は X 線の照射量にしたがって逆に寿命は短くなった. Cypser and Johnson (2002) は, センチュウ *C. elegans* に種々のストレス (酸素やユグロンによる酸化や熱, 紫外線, ガンマ線) を与えることで, 寿命が延びるかどうかを検証した. その結果, 熱および酸化ストレスによって寿命が延びることが観察された. 一方, 紫外線やガンマ線では効果がなかった. 以上のことから, 熱ストレスは, ハエやセンチュ

ウ、ヒトの細胞などさまざまな分類群でホルミシスを誘導することが分かる (Khazaeli et al. 1997 ; Le Bourg et al. 2001 ; Cypser and Johnson 2002 ; Rattan and Ali 2007). 一方、X 線やガンマ線の場合は、ハエやメスのマウスでホルミシスを誘導するものの (Lamb 1964 ; Caratero et al. 1998), センチュウでは効果がなかった (Cypser and Johnson 2002). すなわち、X 線やガンマ線は、生物種や性に特異的にホルミシスを引き起こすことが考えられる。酸化ストレスはこれまでに、センチュウでホルミシスを誘導することが報告されている (Cypser and Johnson 2002). 本研究では、ワムシでもホルミシスが誘導されることが分かった。また、ホルミシスの誘導には特定の回復時間を要することが示唆された (図 2-8, 2-9).

以上のことから、タンパク質の発現パタンの変化とホルミシスの誘導についてモデルを考察した (図 2-13). 回復時間が 1 時間の場合は、タンパク質の発現量が耐性を向上させるレベルまで合成されておらず、生存時間の延長が起こらなかったと考えられた。一方、回復時間が 12 時間および 24 時間の場合は、タンパク質が耐性を向上させるレベルまで合成されたため、生存時間の延長が起こったと考えられた。回復時間が 48 時間のワムシでは、回復時間中にユグロンによるストレスの影響がほぼ無くなり、耐性の向上に関わるタンパク質が分解されたため、生存時間の延長が起こらなかったと考えられた。このモデルを検証するためには、ユグロンストレス応答に関与する遺伝子群の発現量を定量 RT-PCR 法を用いて明らかにして、さらにタンパク質の発現量をウェスタンブロット法を用いて経時的な変化を明らかにする必要があると考えられた。

ホルミシスの誘導モデルでは、ユグロン刺激により耐性に関わる遺伝子群の発現量が増加した後、タンパク質の合成量が増加することで耐性を向上させる (図 2-13). 石川株では、回復時間が 1 時間ではホルミシスの誘導は起こらなかったが、12 時間ではホ

ルミシスが誘導され、生存時間の延長が起こった（図 2-9）。したがって、1～12 時間の回復時間の間でユグロン耐性に関わる遺伝子群の探索を行うことが効率が良いと考えられた。そこで、軽度のユグロン刺激に続き、6 時間回復した個体群を cDNA サブトラクション法に用いることとした。ユグロン刺激により発現量が増加する遺伝子群の候補として、3 種類の cDNA クローンを得ることができたものの、既知の分子との同一性は低く、機能の推定には至らなかった（図 2-10～2-12）。また、網羅的な解析により期待できるほどの数のクローンを得ることはできなかった。一方、近年になって cDNA サブトラクションよりも効率的に解析できる次世代シーケンサの利用が可能となってきた。そこで本研究では、cDNA サブトラクションによって得られたクローンの解析は終了し、次世代シーケンサを利用してより網羅的な解析を行うこととした（第 4 章）。

第 4 項 生理状態の異なるワムシのユグロン耐性

ユグロン耐性の比較に用いる供試ワムシの決定を行った結果、孵化直後群および非携卵群では、飽食区と給餌制限区の 2 区間に有意な差は認められなかった（図 2-6）。一方、携卵群では、飽食区の生存時間が有意に長くなった（図 2-6）。非携卵個体には親虫と同じ体サイズではあるが未成熟な個体や、成熟しているものの携卵していなかった個体、繁殖を終了した老齢個体が含まれている（Yoshinaga et al. 2001b）。このような生理状態の異なるワムシが混在していたため、ユグロン耐性に有意な差は認められなかったと考えられる。また、これらのワムシの齢を正確に分別することは困難であり、ユグロン耐性の比較には不適であると考えられた。親虫から仔虫に抗酸化物質であるカタラーゼや Mn-superoxide dismutase（Mn-SOD）の転写産物が伝播することが報告されている（Kaneko et al. 2011）。すなわち、孵化直後の個体は親虫の培養環境によりストレス耐性

が変化する。大量培養での培養槽中では全ての箇所での餌量や水温などの培養環境が均一になっているとは限らない。したがって、孵化直後の個体はユグロン耐性の比較には不適であると考えられた。携卵は成熟している個体の目安となり、生理状態が同じ個体を選別するための指標となる。一方、携卵している卵数により生理状態が異なることが考えられる。以上のことから、1 個の単性生殖卵を携卵した個体を用いてユグロン耐性の比較を行うことが最適と考えられた。

本章では、ワムシはユグロンに対する応答機構を有していることを明らかにし、ユグロンを用いたワムシの生理状態の評価法を確立した。第 3 章では、実際にこの評価法を用いて、個体群の増殖不調を予測することができるかどうかを検証した。

第 3 章 ワムシの増殖不調の予知法の開発

第 1 節 目的

第 2 章では、ユグロンを用いることでワムシの生理状態を定量的に評価できることが分かった。大量培養の現場では、ワムシを安定的に確保するために、できるだけ早い時期に不調の兆候を検知して対応する必要がある。一方、これまでの評価手法では不調の兆候の検知が困難であった。そこで本章では、ユグロン耐性を指標としてワムシ個体群の増殖不調を予知する方法を開発することを目的とした。特に本研究では、給餌量に着目した。ワムシでは個別培養実験において、給餌量とストレス耐性の関連性が明らかとなっている（Yoshinaga et al. 2001, 2003；Kaneko et al. 2002, 2011；Ozaki et al. 2010；Kailasam et al. 2011）。また、給餌量の不足は大量培養の現場で起こりうる増殖不調の要因の 1 つである。

第 2 節 材料と方法

材料

S 型ワムシ八重山株（以下、ワムシと呼ぶ）を用いた（第 2 章を参照）。ワムシの餌料（以下、餌と呼ぶ）には生クロレラ-V12 を用い、海水は 50%滅菌海水（塩分 16）を用いた（第 2 章を参照）。

培養装置

15 L 容プラスチック製容器（直径 30 cm，深さ 28 cm）に 10 L の海水を入れ、観賞魚用サーモスタット付ヒーター（ホットパック 65，ジェックス株式会社）で水温を 25°C に維持した（図 3-1）。また、観賞魚用エアーポンプ（e～AIR1500SB，ジェックス株式会社）とエアーストーン（バブルメイト S103-H，株式会社 スドー）を用いてエアレー

ションを行った。培養液の飛散防止および外部からの細菌等の侵入を最小限にするため、ビニール袋で蓋をした。

培養方法

まず計4回の予備実験を行い、観察期間や給餌方法、給餌量を決定した。培養装置にワムシを1個体/mLで収容して培養を開始した。培養開始日を0日目とし、7日間にわたり観察した。試験区を3区設け、給餌制限区、飽食区、制限-飽食区とした。培養開始から2日間は全ての区に共通して餌料密度が300万細胞/mLとなるように給餌した。培養2日目以降は、給餌制限区と制限-飽食区ではワムシ1個体あたり15万細胞、飽食区ではワムシ1個体あたり50万細胞となるようにそれぞれ給餌した。制限-飽食区では、ユグロン耐性が飽食区と比較して有意に変化した培養4日目以降（結果を参照）、飽食区と同様にワムシ1個体あたり50万細胞となるように給餌量を増加した（図3-2）。なお、給餌は後述のユグロン耐性の測定終了後に行った。

培養期間中、毎日定時に各試験区の培養液を採水し、培養液1 mL中に含まれる個体数、携卵個体数および卵数を計数した。個体数の計数は3〜9回繰り返して中央の値3回分を計数値とし、平均個体密度を算出した。平均携卵数は平均卵数を平均携卵個体数で除した値とした。個体数が多い場合は海水で適宜希釈を行った。統計解析には JMP 9.0.2 (SAS Institute Inc.) を用いた。平均個体密度および平均携卵数は Welch の検定で有意差を検出した。培養は給餌制限区および飽食区に関しては独立して3回ずつ行い、制限-飽食区に関しては1回行った。

ユグロン耐性の変化

培養期間中，毎日定時に各試験区の培養液を採水し，1 個の単性生殖卵を携卵したワムシのユグロン耐性を測定した．1 μ M ユグロンを含む 5 mL の海水に 20 個体のワムシを収容し，15 分ごと 2 時間にわたりワムシの生死を観察した．ワムシの生死は外部および内部器官の動きで判断した．死亡時間は死亡を確認した前後の観察時刻の平均時刻とした．観察終了時に生存していた個体の生存時間は打ち切りデータとして扱った．生存時間の解析には JMP 9.0.2 (SAS Institute Inc.) を用いた．Kaplan-Meier 法で生存関数を推定し，得られた生存関数の等質性は log-rank 検定で検出した．

第 3 節 結果

給餌制限区と飽食区の個体数変動

給餌制限区の平均個体密度は，1.0 個体/mL (0 日目) から 1172.2 ± 352.1 個体/mL (\pm 標準偏差, 7 日目) まで増大した (図 3-3)．飽食区は 1.0 個体/mL (0 日目) から 1497.8 ± 298.3 個体/mL (7 日目) まで増大した．培養 4 日目では，給餌制限区と飽食区の個体密度はそれぞれ 105.7 ± 36.6 個体/mL と 91.6 ± 54.9 個体/mL となり，有意な差は認められなかった ($P = 0.7331$, Welch 検定)．また，給餌制限区と飽食区の携卵数はそれぞれ 2.8 ± 0.1 個と 2.9 ± 0.2 個となり ($P = 0.7608$)，携卵個体数の占める割合はそれぞれ $35.5 \pm 4.0\%$ と $37.8 \pm 2.0\%$ となった (図 3-4, 3-5)．一方，培養 6 日目では，給餌制限区と飽食区の個体密度はそれぞれ 607.9 ± 239.3 個体/mL と 901.8 ± 453.4 個体/mL となり，有意な差は認められなかったものの ($P = 0.3932$)，給餌制限区は飽食区の 2/3 程度の個体密度となった．また，給餌制限区と飽食区の携卵数はそれぞれ 2.0 ± 0.3 個と 2.5 ± 0.7 個となり ($P = 0.3589$)，携卵個体数の占める割合はそれぞれ $34.7 \pm 2.0\%$ と $37.7 \pm 6.4\%$ となった．

給餌制限区と飽食区のユグロン耐性

3 回の培養実験において、給餌制限区と飽食区のユグロン耐性の変化はいずれも同様の傾向を示した（図 3-6～3-8）。そこで、ここでは培養 3 回目のユグロン耐性の変化の結果について詳しく説明した（図 3-8）。

培養 1 日目の給餌制限区と飽食区のユグロン存在下の生存時間はいずれも 82.5 ± 1.5 分（メディアン生存時間 \pm 標準誤差）となり、2 区間に有意な差は認められなかった（ $P = 0.4789$, log-rank 検定, 図 3-8）。同様に、培養 2 日目と 3 日目の給餌制限区と飽食区の生存時間はそれぞれ 82.5 ± 2.3 分と 82.5 ± 2.4 分、および 82.5 ± 1.5 分と 82.5 ± 1.6 分となり、2 区間に有意な差は認められなかった（ $P = 0.8475$, 2 日目； $P = 0.7266$, 3 日目）。一方、培養 4 日目では、給餌制限区の生存時間（ 82.5 ± 2.3 分）は飽食区のそれ（ 97.5 ± 1.9 分）と比べて有意に短くなった（ $P < 0.0001$ ）。同様に、培養 5 日目と 6 日目の給餌制限区と飽食区の生存時間はそれぞれ 67.5 ± 3.1 分と 97.5 ± 1.9 分、および 82.5 ± 2.5 分と 97.5 ± 2.1 分となり、いずれにおいても給餌制限区の生存時間は有意に短くなった（いずれも $P < 0.0001$ ）。一方、培養 7 日目では、給餌制限区の生存時間（10 個体が死亡、残りは 120 分で打ち切り）と飽食区のそれ（ 112.5 ± 1.7 分）の間には有意な差は認められなかった（ $P = 0.836$ ）。

制限-飽食区

個体密度は、1.0 個体/mL（0 日目）から 104.0 ± 8.7 個体/mL（4 日目）まで増大した（図 3-9）。また、培養 4 日目の携卵数は 2.9 個、携卵個体数の占める割合は、33.3%であった（図 3-4, 3-5）。ユグロン存在下の生存時間は培養 1 日目では 82.5 ± 2.4 分（メディアン生存時間 \pm 標準誤差）となり、飽食区のそれ（ 82.5 ± 1.5 分）との間に有意な差は認め

られなかった ($P=0.4789$, 図 3-8). 同様に, 培養 2 日目と 3 日目の制限-飽食区と飽食区の生存時間はそれぞれ 82.5 ± 2.8 分と 82.5 ± 2.4 分, および 82.5 ± 1.8 分と 82.5 ± 1.6 分となり, 2 区間に有意な差は認められなかった ($P=0.4645$, 2 日目; $P=0.7471$, 3 日目). 一方, 培養 4 日目では, 制限-飽食区の生存時間 (82.5 ± 2.4 分) は飽食区のそれ (97.5 ± 1.9 分) と比べて有意に短くなった ($P<0.001$). そこで, 培養 4 日目のユグロン耐性の測定終了後から給餌量を増加した. その結果, 培養 5 日目のユグロン存在下の生存時間は 97.5 ± 2.4 分となり, 飽食区のそれ (97.5 ± 1.9 分) との間に有意な差は認められなかった ($P=0.5612$). さらに, 培養 6 日目では, 制限-飽食区の生存時間 (97.0 ± 2.8 分) は飽食区のそれ (97.5 ± 1.9 分) と比べて有意に長くなった ($P<0.01$). 培養 7 日目では, 制限-飽食区と飽食区の生存時間はいずれも 112.5 ± 1.7 分となり, 制限-飽食区の生存時間は有意に長くなった ($P<0.0001$). また, 培養 7 日目の個体密度は 2166.7 ± 50.3 個体/mL まで増大した.

なお, 全ての培養実験について, 観察期間中の水温は一定に保たれていた (図 3-10).

第 4 節 考察

ワムシの大量培養では, 増殖不調や大量へい死といった問題が未だに残されている. このような不調を回避するために, これまでに数多くのワムシの健康診断法が開発されてきた. Korstad et al. (1995) は大量培養中のワムシの卵率および遊泳速度を測定し, 卵率は各ステージを通して常に減少することを明らかにした. また, 携卵個体の遊泳速度は対数増殖期では速く, 定常期後期では遅くなることを報告した. 別の例として, 定常期および退行期のワムシは対数増殖期のものに比べて, 高塩分海水 (70 ppt) 中での遊泳の活性が低下し, 増殖がピークになる付近で急激に活性が低下することが知られて

いる（小磯・日野 1999）。さらに、飢餓状態を経験した母虫から孵化した仔虫は、飽食状態の母虫に由来するそれに比べて、飢餓条件下での生存時間が有意に長くなることも報告されている（Yoshinaga et al. 2001a）。また、Yoshinaga et al. (2008) は 25°C から 35°C の 3 段階の水温で馴致したワムシを 45°C まで急激に加温した時の生残率を比較した結果、馴致水温が高い方が生残率は高くなることを明らかにした。これらの方法に共通する利点は、ワムシ個体そのものの状態を観察するため、操作が簡便であることが挙げられる。また、遊泳速度法や高塩分耐性法、高温耐性法は結果が迅速に得られることも利点の 1 つである。一方、それぞれに欠点もある。遊泳速度法では、遊泳速度が定常期に入ってから常にも減少するため、対数増殖期と定常期との境目が明確に判断できない。高塩分耐性法は対数増殖期から定常期への移行を判断することはできるものの、対数増殖期中にその後の増殖活性を予測することはできない。飢餓耐性法は結果が得られるまでに 3～5 日程度の時間を要するため、不調の回避には適さない。高温耐性法は機器により上昇させた時の水温の再現性を検証する必要がある。また異なる生理状態のワムシからなる個体群でも同様の結果が得られるかは不明である。de Araujo et al. (2000) が非解離アンモニアや原生生物の存在下でのワムシの酵素活性を測定した結果、非解離アンモニアの濃度が上昇するにしたがって繁殖量は低下し、グルコシダーゼの活性は減少した。また、原生生物の混在数が上昇するにしたがって、繁殖力は低下し、グルコシダーゼおよびホスホリパーゼ活性が減少した。この方法の利点として結果の精度が高いことや、結果が短時間で得られることが挙げられる。一方、欠点として、蛍光光度計などの機器を要することがある。

大量培養の現場でワムシの生理状態を評価し、不調を回避するための手法の条件として、操作が簡便であることや結果がすぐに得られることが挙げられる。そして、もっと

も重要な条件として、不調が起こる前にその前兆を検出できることが挙げられる。しかし、これら全ての条件を満たす診断法は依然として確立されていない。

そこで本章では、ワムシ個体群の増殖不調を、ユグロン耐性を指標として予知する方法の開発を目的とした。まず、給餌量の異なる給餌制限区と飽食区の培養期間中の個体密度およびユグロン耐性の変化を観察した。その結果、培養6日目の給餌制限区で見られた増殖率の低下に先立って、培養4日目の給餌制限区のユグロン耐性の低下が確認された(図 3-6~3-8)。4日目の時点では個体密度や携卵数に2区間では差は認められなかった(図 3-3)。したがって、ユグロン耐性の低下は人間の目では検知できないワムシの生理状態の変化を検出できたものと考えられる。

Kailasam et al. (2011) は、周期的な飢餓を経験した区と飽食区のワムシのユグロン耐性を比較した結果、終濃度 $0.05 \mu\text{M}$ 以上の濃度で6時間曝したとき、飽食区の生残率が有意に低下することを報告しており、本研究の結果とは一致しない。一方、本研究と Kailasam et al. (2011) では、給餌を制限した区の培養条件が大きく異なる。本研究では、培養2日目までは2区ともに300万細胞/mLの餌を給餌した。これは給餌不足による死亡を防ぐためである。2日目以降は飽食区では50万細胞/個体を、給餌制限区では15万細胞/個体をそれぞれ給餌した。ワムシが1日に摂餌するナンノクロロプシスの細胞数は、S型では9~30万細胞といわれている(山崎・平田 1986; 大上 1977)。これは淡水クロレラに換算すると、5~15万細胞といわれている(小磯 2010)。本研究では残餌量を計測してはいないものの、培養期間中に培養液が透明になることはなかったため、培養槽中の餌を完全が食べ尽くされてはいなかったものと推測される。一方、Kailasam et al. (2011) では、1日ごとに給餌と無給餌を交互に行った。完全に無給餌となる状態があったか否かが、本研究とは異なる結果を生じたと考えられる。大量培養の

現場では、給餌不足は起こるものの、完全な無給餌状態にはなりにくいと思われる。本章の培養条件はワムシの大量培養の現場で起こり得る状態を模したものであり、ワムシの安定した確保を目指す応用的な技術開発に有効であると考えられた。

本章ではさらに、ユグロン耐性を指標として増殖不調を予知し、給餌量を改善することで不調を回避することができるかを検証した。ユグロン耐性が低下した培養4日目に給餌量を増やしたところ、増殖不調は起こらないことが分かった(図 3-9)。したがって、試験間ごとにユグロン処理下の生存時間にばらつきはあるものの、携卵個体のユグロン耐性を指標とした予知法は、給餌量に起因する増殖不調の予知に利用でき、これを基に給餌量を増加することで大量培養を安定化できると考えられた。

本実験の培養では換水をほとんど行っていないため、水質の悪化が個体群の変動に影響を及ぼす可能性がある。アンモニア態窒素の濃度は、単位水量あたりの累積給餌量に比例して高くなることが報告されている(神奈川県淡水増殖試験場 1986)。1日に1回の給餌では、給餌直後に培養槽中の溶存酸素濃度が急激に低下する(小磯ら 2005)。溶存酸素の急激な低下はワムシの摂餌量を減少させることが報告されている(小磯・日野 2006)。また、S型ワムシは溶存酸素濃度が0.8 mg/Lで増殖率が低下することが報告されている(Yamasaki et al. 1987)。以上のことから、本研究では培養7日目で観察を終了した。もし7日目以降も培養を続けていた場合、飽食区ではアンモニア態窒素の濃度が上昇し続け、早い時期に個体数の減少が引き起こされることが予想される。また、給餌制限区は飽食区に比べ水質の悪化が少ないため、緩やかな個体数の増加をし続けた後、長い定常期を経て、減少すると予想される。培養3回目の7日目の飽食区の個体密度の減少とユグロン耐性の低下は、上述の水質の悪化によるものと考えられる。今後、実際にアンモニア態窒素の濃度を測定して検証する必要がある。

本章で開発した方法は、給餌量の不足による増殖不調を予知することが可能であり、給餌量を改善することで不調を回避できることを証明できた。一方、増殖不調の原因は水質の悪化、細菌叢の変化（日野 1989；Yu et al. 1989；Hagiwara et al. 1994）、原生動物の関与（日野ら 1981；Maeda and Hino 1991；Hagiwara et al. 1995；Cheng et al. 1997）など多岐にわたり、給餌量以外の要因についてもユグロン耐性の変化を見ることによって予知が可能かどうかを検証する必要がある。また、本研究で採用した培養方法はバッチ式培養である。ワムシの培養方法はバッチ式培養以外にも、連続培養（Fu et al. 1997；日野 1998；日野 2000b）、閉鎖循環式培養（手塚・森田 2013）がある。これらの培養方法でもユグロン耐性を指標とした予知法が有効であるかどうかを検証する必要があると考えられる。

ワムシ個体群の個体密度の変化に先立って、給餌制限区でユグロン耐性に変化が生じた。この変化はユグロン耐性に関わる遺伝子群の発現量の変化によって引き起こされたと考えられた。給餌制限による飢餓ストレスを受けると、センチュウやショウジョウバエなどのモデル生物で寿命の延長が確認されている（Chapman and Partridge 1996；Houthoofd et al. 2002）。この寿命の延長にはインスリン/IGF シグナル伝達経路やサーチュイン2などが関与していることが報告されている（Zhou et al. 2011 の総説を参照）。そこで次章では、給餌量に起因するワムシのユグロン耐性の変化に関わる遺伝子群の探索を次世代シーケンサを用いて行った。

第4章 増殖不調に先立って発現量が変化する遺伝子群の探索

第1節 目的

第3章の培養実験では、給餌量が不足すると、増殖率の低下に先立ってユグロン耐性に変化が生じることが分かった（図3-8）。そこで本章では、次世代シーケンサを用いて、給餌量に起因して発現量が変化する遺伝子群の探索を行った。まずリファレンスとなる配列を作製し、その上でトランスクリプトーム解析を行った。

第2節 材料と方法

S型ワムシ八重山株を用いた（第2章を参照）。海水は50%滅菌海水を用い、餌料は生クロレラ-V12を用いた（第2章を参照）。

total RNA の抽出

第3章の培養2回目および3回目の給餌制限区と飽食区の培養4日目の培養槽からそれぞれ500 mLの海水を回収した。培養は2回に分けて独立して行い、1回目の給餌制限区と飽食区をそれぞれ給餌制限区-1と飽食区-1、2回目をそれぞれ給餌制限区-2と飽食区-2とした。浮遊物を沈殿させるために室温で1~2時間にわたって静置した後、上清400 mLからプランクトンネット（目合い50 μm , DIN110-50, 田中三次郎商店）を用いてワムシを回収し、800 μL のISOGEN Π （311-07361, ニッポンジーン）に入れて-80°Cで保存した。total RNAの抽出はキット付属のマニュアルに従い、RNase-free water（129112, Qiagen）に溶解した。total RNAの純度および濃度をNano Drop 1000（Thermo fisher scientific）で測定した。また、total RNAの分解度をDynamarker RNA easy measurement N（DM170, Biodynamics laboratory Inc.）で観察した。

Poly(A)⁺ RNA の精製

Dynabeads oligo(dT)₂₅ (610.02, Invitrogen) を用いて Poly(A)⁺ RNA の精製を行った。給餌制限区-1 および飽食区-1 から抽出した 30 µg の total RNA をそれぞれ 1.5 mL チューブに移し、Nuclease-free water で総量を 150 µL とした。また、給餌制限区-2 および飽食区-2 から抽出した 100 µg の total RNA を 1.5 mL チューブに移し、Nuclease-free water を加え、総量 150 µL とした。Poly(A)⁺ RNA はキット付属のマニュアルに従って、2 回の精製を行い、Elution buffer に溶解した。回収した Poly(A)⁺ RNA の純度および濃度をバイオアナライザ (Agilent 2100 バイオアナライザ, アジレント・テクノロジー) と Agilent RNA6000 ピコキット (5067-1513, アジレント・テクノロジー) を用いて測定した。

Hiseq 2000 を用いた塩基配列の解析

ライブラリの作製は、独立行政法人理化学研究所 横浜研究所 オミックス研究基盤領域 LSA システム構築グループ (現ライフサイエンス技術基盤研究センター 機能性ゲノム解析部門 ゲノムネットワーク解析支援施設) においてイルミナ社のアプリケーションノート (Illumina 2010) を改変した方法を用いた。この方法は、(1) RNA の断片化、(2) Phosphatase 処理と Polynucleotide Kinase 処理、(3) アダプタライゲーション、(4) 逆転写と PCR、(5) ライブラリの精製の 5 つの操作から成っている。本研究では、給餌制限区-1、飽食区-1、給餌制限区-2、飽食区-2 から得た Poly(A)⁺ RNA をそれぞれ 100 ng ずつ用いた。

(1) RNA の断片化

Fragmentation reagents (AM8740, Ambion) による RNA の断片化を行った後、RNeasy

minelute cleanup kit (74204, Qiagen) で精製した. Poly(A)⁺ RNA に Elution buffer を加え, 総量を 38 μ L とした. これに 2 μ L の Fragmentation solution を加え, サーマルサイクラ (Gene Amp PCR system 9700, Applied biosystems) を用いて 70°C で 3.5 分間インキュベートした. 直ちに氷上に移し, 2 μ L の Stop solution を加え, ピペッティングにより混合した. 溶液を 1.5 mL チューブに移し, Nuclease-free water で総量を 100 μ L とした. これに 350 μ L の Buffer RLT (79216, Qiagen) を加えて, 混和した. さらに 675 μ L のエタノールを加え, 混和した後にカラムに移して 8,000 $\times g$ で 15 秒間遠心した. カラムに 500 μ L の Buffer RPE (1018013, Qiagen) を加えて 8,000 $\times g$ で 15 秒間遠心することで洗浄した. カラムをコレクションチューブに移し, 750 μ L の 80% (v/v) エタノールを加え, 8,000 $\times g$ で 2 分間遠心した. カラムを新しいコレクションチューブに移し, キャップを開けた状態で 10,000 $\times g$ で 5 分間遠心した. 最後にカラムを 1.5 mL チューブに移し, 18 μ L の Nuclease-free water を加え, 10,000 $\times g$ で 1 分間遠心して溶出した.

(2) Phosphatase 処理と Polynucleotide kinase 処理

Antarctic phosphatase (M0289S, New England Biolabs) を用いて 5'末端のリン酸基の除去を行った後, T4 polynucleotide kinase (M0201L, New England Biolabs) を用いて 5'末端のリン酸化を行った.

断片化した 16 μ L の Poly(A)⁺ RNA に 2 μ L の 10 \times Antarctic phosphatase reaction buffer, 1 μ L の Antarctic phosphatase, 1 μ L の RNase OUT (10777-019, Invitrogen) をそれぞれ加え, ピペッティングにより混合した. サーマルサイクラ (Gene Amp PCR system 9700) を用いて 37°C で 30 分間および 65°C で 5 分間, 加温した後, 4°C で静置した. Phosphatase 処理をした 20 μ L の溶液に 5 μ L の 10 \times T4 Polynucleotide kinase reaction buffer, 5 μ L の

Adenosine 5'-triphosphate (ATP ; P0756S, New England Biolabs), 1 μ L の RNase OUT, および 2 μ L の T4 Polynucleotide kinase を加え, Nuclease-free water で総量を 50 μ L とした. サーマルサイクラ (Gene Amp PCR system 9700) を用いて 37°C で 60 分間, 加温した後, 4°C で静置した. 溶液を 1.5 mL チューブに移し, Nuclease-free water で総量を 100 μ L とした. これに 350 μ L の Buffer RLT を加えて, 混和した. さらに 675 μ L のエタノールを加え, 混和した後にカラムに移して 8,000 $\times g$ で 15 秒間遠心した. カラムに 500 μ L の Buffer RPE を加えて 8,000 $\times g$ で 15 秒間遠心することで洗浄した. カラムをコレクションチューブに移し, 750 μ L の 80% (v/v) エタノールを加え, 8,000 $\times g$ で 2 分間遠心した. カラムを新しいコレクションチューブに移し, キャップを開けた状態で 10,000 $\times g$ で 5 分間遠心した. 最後にカラムを 1.5 mL チューブに移し, 18 μ L の Nuclease-free water を加え, 10,000 $\times g$ で 1 分間遠心して溶出した. miVac DNA concentrator (Genevac) を用いて室温, 溶媒 H₂O, 13 分間の条件で溶液が約 5 μ L になるように濃縮を行った.

(3) アダプタライゲーション

Polynucleotide kinase 処理した溶液に Nuclease-free water を加え, 総量を 5.7 μ L とした. そこに 1 μ L の AIR custom adenylated linker (表 4-1) を加え, 総量を 6.7 μ L とした. サーマルサイクラ (Gene Amp PCR system 9700) を用いて 70°C で 2 分間, 加温した後, 氷冷した. 溶液に 1 μ L の 10 \times T4 RNA ligase2 truncated reaction buffer, 0.8 μ L の 100 mM MgCl₂, 0.5 μ L の RNase OUT, 1 μ L の T4 RNA ligase2 truncated (M0242L, New England Biolabs) を加えてピペティングにより混合した. サーマルサイクラ (Gene Amp PCR system 9700) を用いて 20°C で 60 分間, 加温した後, 4°C で静置した. DmRNA-SE-5'Oligo (表 4-1) をサーマルサイクラ (Gene Amp PCR system 9700) を用いて 70°C で 2 分間,

加温した後、氷冷した。3'アダプタを付加した溶液に 1 μ L の DmRNA-SE-5'Oligo, 1 μ L の ATP, 1 μ L の T4 RNA ligase1 (M0204S, New England Biolabs) を加えてピペッティングにより混合した。サーマルサイクラ (Gene Amp PCR system 9700) を用いて 20°C で 60 分間、加温した後、4°C で静置した。

(4) 逆転写と PCR

アダプタを付加した 4 μ L の溶液に 1 μ L の DmRNA-SE-RT/REV (表 4-1) を加え、サーマルサイクラ (Gene Amp PCR system 9700) を用いて 70°C で 2 分間、加温した後、氷冷した。溶液に 2 μ L の 5 \times Primerscript buffer, 1 μ L の dNTP, 0.5 μ L の RNase OUT, 1 μ L の Primescript reverse transcriptase (2680A, Takara) を加え、Nuclease-free water で総量を 10.5 μ L とした。サーマルサイクラ (Gene Amp PCR system 9700) を用いて 44°C で 30 分間、加温した後、4°C で静置した。溶液に 10 μ L の 5 \times Phusion HF buffer, 終濃度 0.25 mM の dNTP, 終濃度 0.4 μ M の DmRNA-SE-FWD (表 4-1), 終濃度 0.4 μ M の Sequencing primer1 (表 4-1), 0.5 μ L の Phusion high-fidelity DNA polymerase (M0530S, New England Biolabs) を加え、Nuclease-free water で総量を 50.5 μ L とした。98°C で 30 秒間の加熱後、変性を 98°C で 10 秒間、アニーリングを 60°C で 30 秒間、伸長反応を 72°C で 15 秒間のサイクルを 12 回繰り返した後、72°C で 5 分間の最終伸長反応を行った。

(5) ライブラリの精製

Agencourt AMPure XP (A63880, Beckman coulter) を用いて、PCR 産物の精製を行った。PCR 産物に 60 μ L の AMPure XP 試薬を加えて十分に混和し、室温で 5 分間静置した。マグネットスタンドに立てて 1 分以上静置した後、上清を除去した。マグネットス

スタンドに立てたまま、200 μ L の 70% (v/v) エタノールを加えて 30 秒間静置した後に上清を除去した。再度、200 μ L の 70% (v/v) エタノールを加えて 30 秒間静置した後に上清を除去した。マグネットスタンドから外し、30 μ L の Nuclease-free water を加え、ピペッティングにより混合した。マグネットスタンドに立てて 2 分以上静置した後、上清を新しい 1.5 mL チューブに移した。移した溶液に 36 μ L の AMPure XP 試薬を加えて十分に混和し、室温で 5 分間静置した。マグネットスタンドに立てて 5 分以上静置した後、上清を除去した。マグネットスタンドに立てたまま、500 μ L の 70% (v/v) エタノールを加えて 30 秒間静置した後に上清を除去した。再度、500 μ L の 70% (v/v) エタノールを加えて 30 秒間静置した後に上清を除去した。1 分間風乾した後に 16 μ L の Nuclease-free water を加えて、ピペッティングにより混合した。マグネットスタンドに立てて 2 分以上静置した後、上清を新しい 1.5 mL チューブに移した。給餌制限区-2 および飽食区-2 の溶液については、Nuclease-free water で 5 倍に希釈した後、マグネットスタンドに立てて 3 分以上静置した後、上清 60 μ L を新しい 1.5 mL チューブに移した。ライブラリのサイズとモル濃度をバイオアナライザ (Agilent 2100 バイオアナライザ) と Agilent high sensitivity DNA キット (5067-4626, アジレント・テクノロジー) を用いて測定した。

塩基配列の読み取りは、独立行政法人理化学研究所 横浜研究所 オミックス研究基盤領域 LSA システム構築グループ (現、ライフサイエンス技術基盤研究センター 機能性ゲノム解析部門 ゲノムネットワーク解析支援施設) の GeNAS に委託した。

GS FLX+を用いた塩基配列の解析

給餌制限区-2 および飽食区-2 から得た Poly(A)⁺ RNA を用いた。ライブラリの作製お

よび塩基配列の読み取りは独立行政法人理化学研究所 横浜研究所 オミックス研究基盤領域 LSA システム構築グループ（現，ライフサイエンス技術基盤研究センター 機能性ゲノム解析部門 ゲノムネットワーク解析支援施設）の GeNAS に委託した。

解析環境

Hiseq 2000 および GS FLX+から得た塩基配列の解析は、主に Dell 製ワークステーション（PRECISION T5500, Intel Xeon E5620, メモリ 48 GB, CentOS release 5.8 (Final)) 上で、CLC Genomics workbench 4.9 (CLC bio) を用いて行った。

第 1 項 *de novo* アセンブリによるリファレンス配列の構築

Hiseq2000 と GS FLX+で得られた配列の *de novo* アセンブリ

得られた配列データのトリミングを行った。まず、アダプタ配列の除去、低クオリティ (limit = 0.01) 部分の配列の除去、N 表示される塩基を 3 塩基以上含む配列の除去を行った。その後、Hiseq2000 と GS FLX+で得られた配列について、それぞれ 20 塩基および 60 塩基以下の配列を除去し、アセンブルを行った。

ハイブリッドアセンブリ

Hiseq2000 および GS FLX+による解析から得られた配列の *de novo* アセンブリによるコンティグをあわせて、さらにアセンブルを行った。

第 2 項 既知の遺伝子群との比較

老化研究のモデル生物であるセンチュウ *Caenorhabditis elegans* で報告されている老

化関連遺伝子群やストレス耐性関連遺伝子群 (Zhou et al. 2011 の総説を参照), およびユグロン処理により発現量が変わることが報告されている遺伝子群 (Przybysz et al. 2009) を合わせた計 44 種類の遺伝子の演繹アミノ酸配列 (表 4-2) を用いて, それぞれ e 値が 10^{-4} 未満 (Mineta et al. 2003) を閾値として同一性を示すコンティグを BLASTX プログラムにより探索した.

第 3 項 発現解析

リファレンスデータセットに短鎖型解析により得られた給餌制限区-1, 飽食区-1, 給餌制限区-2, 飽食区-2 のトリミング後の配列をそれぞれマッピングした. 各コンティグにマッピングされたリード数から各区の RPKM (Reads per kilobase per million mapped reads) 値を算出した. RPKM 値を用いて, 各コンティグの発現倍率 (\log_2 (飽食区の平均 RPKM 値 / 給餌制限区の平均 RPKM 値)) および発現倍率の信頼度 ($-\log_{10}$ (t 検定の P 値)) を算出した. 本研究では, 発現倍率が 1 以上かつ信頼度が 1.301 ($P < 0.05$) より大きいものを飽食区で有意に高発現しているコンティグ, 発現倍率が -1 以下かつ信頼度が 1.301 ($P < 0.05$) より大きいものを飽食区で有意に低発現しているコンティグとした. これらのコンティグについて e 値が 10^{-4} 未満 (Mineta et al. 2003) を閾値として BLASTX 検索 (nr データベース) を行い, アノテーションした.

第 3 節 結果

第 1 項 *de novo* アセンブリによるリファレンス配列の構築

Hiseq2000 で得られた配列の *de novo* アセンブリ

給餌制限区-1 は 114,218,375 リード, 飽食区-1 は 124,171,401 リード, 給餌制限区-2 は 180,224,843 リード, 飽食区-2 は 127,537,803 リードがそれぞれ得られた (表 4-3).

トリミングを行った結果、給餌制限区-1 は 111,550,685 リード、飽食区-1 は 121,912,990 リード、給餌制限区-2 は 176,432,615 リード、飽食区-2 は 124,245,063 リードとなった。これらの配列を用いて *de novo* アセンブリを行った結果、計 187,321 コンティグが得られた。

GS FLX+で得られた配列の *de novo* アセンブリ

給餌制限区-2 は 519,387 リード、飽食区-2 は 451,505 リードがそれぞれ得られた（表 4-3）。トリミングを行った結果、給餌制限区-2 は 501,118 リード、飽食区-2 は 433,364 リードとなった。これらの配列を用いて *de novo* アセンブリを行った結果、計 26,344 コンティグが得られた。

ハイブリッドアセンブリ

Hiseq2000 の配列のアセンブルで得られた計 187,321 コンティグと GS FLX+の配列のアセンブルで得られた計 26,344 コンティグを用いてアセンブルを行った結果、計 26,112 コンティグが得られた（表 4-3）。この 26,112 コンティグとアセンブルに用いられなかった 72,325 コンティグを合わせた計 98,437 コンティグを暫定リファレンスデータセットとした（表 4-4）。このデータセットには、アセンブルのミスによってできた配列や、マッピング時に障害となる可能性のある短い配列が含まれていると考えられる。そこで、計 8 通りのデータセット（200 塩基以上、300 塩基以上、350 塩基以上、400 塩基以上、500 塩基以上、600 塩基以上、1,000 塩基以上、全コンティグ）に対して、Hiseq2000 による解析で得られたトリミング後の配列をマッピングした。全コンティグを用いた時にマッピングされたリード数と比較して 98%以上のリード数が得られたデータセットのうち、

最大の塩基長のデータセットをリファレンスとして用いることとした。その結果、全コンティグを用いた時にマッピングされたリード数は給餌制限区-1 では 68,117,291 リード、飽食区-1 では 74,954,716 リード、給餌制限区-2 では 102,335,514 リード、飽食区-2 では 74,336,953 リードであった（図 4-1）。350 塩基以上のコンティグを用いた時にマッピングされたリード数は給餌制限区-1 では 67,514,303 リード、飽食区-1 では 73,966,855 リード、給餌制限区-2 では 103,098,205 リード、飽食区-2 では 74,059,613 リードであった。400 塩基以上のコンティグを用いた時にマッピングされたリード数は給餌制限区-1 では 66,365,000 リード、飽食区-1 では 72,650,390 リード、給餌制限区-2 では 101,291,243 リード、飽食区-2 では 72,559,434 リードであった。全コンティグを用いた時にマッピングされたリード数の 98% のリード数は給餌制限区-1 では 66,754,945 リード、飽食区-1 では 73,455,622 リード、給餌制限区-2 では 100,288,804 リード、飽食区-2 では 72,850,214 リードである。以上の結果から、350 塩基以上のコンティグをリファレンスとして以降の解析を行った（表 4-4、図 4-2）。

第 2 項 既知の遺伝子との比較

リファレンスとして用いたデータセットを BLASTX 検索に供した結果、19,835 コンティグについては有効なアノテーション情報が得られた（表 4-5）。一方、残りの 15,079 コンティグについては機能が未知であった。

センチュウの老化関連遺伝子群やストレス耐性関連遺伝子群、およびユグロン処理により発現量が変わることが報告されている遺伝子群を合わせた計 44 種類の遺伝子の演繹アミノ酸配列（表 4-2）と同一性を示すコンティグを探索した結果、DAF-16 や SIR-2.1 など計 40 種類のタンパク質と同一性を示すコンティグが得られた。得られたコ

ンティグ配列を BLASTX 検索 (nr データベース, $e \text{ value} < 10^{-4}$) に供した結果, 計 26 種類のコンティグが目的のタンパク質と同じ名称のものと同一性を示した (図 4-3~4-28). これら 26 種類のコンティグについてドメイン検索を行った (Pfam 27.0, <http://pfam.sanger.ac.uk/>). その結果, ドメイン部分の配列は他の生物種と比較して, よく保存されていた. また, 給餌制限区と飽食区との間の発現量を比較した結果, CTL-2 と PHA-4 は給餌制限区で飽食区の約 2 倍で発現していた ($P = 0.066$, CTL-2; $P = 0.370$, PHA-4). 一方, その他のコンティグの発現量には有意な差が認められなかった (図 4-29).

第 3 項 発現解析

34,914 コンティグのリファレンスデータセットに対してマッピングを行った結果, マッピングされなかったコンティグは 82 コンティグ, 給餌制限区のみマッピングされたコンティグは 51 コンティグ, 飽食区のみマッピングされたコンティグは 24 コンティグ, 両区ともマッピングされたコンティグは 34,757 コンティグであった (図 4-30). 飽食区のみマッピングされたコンティグは 24 コンティグについて BLASTX 検索を行った結果, 餌である淡水クロレラ *Chlorella variabilis* 由来の可能性のある配列が 10 コンティグ含まれていた. 34,757 コンティグのうち, 飽食区で高発現しているコンティグは 66 個, 飽食区で低発現しているコンティグは 1,143 個であった (図 4-30). 高発現しているコンティグのうち, アノテーションができたコンティグは HSP70 と同一性を示すものを含む計 44 個であった (表 4-7). また, 低発現しているコンティグのうち, アノテーションができたコンティグはカタラーゼと同一性を示すものを含む計 468 個であった (表 4-8).

第4節 考察

第1項 ワムシにおける分子生物学的研究

ワムシの分子生物学的研究は 1990 年頃から行われてきた。King (1989) はワムシのミトコンドリア DNA の制限酵素切断地図を報告した。その後の研究で、ワムシは 11,153bp および 12,672bp からなる 2 種類のミトコンドリア DNA を持つことが明らかになった (Suga et al. 2008)。同様に、Hwang et al. (2013) は *Brachionus koreanus* も 2 種類のミトコンドリア DNA を持つことを報告した。また、ワムシの分子系統 (Gómez et al. 2002 ; Yoshinaga et al. 2004 ; Gilbert and Walsh 2005 ; Suatoni et al. 2006 ; Gribble and Welch 2012) やゲノムサイズ (Welch and Meselson 1998 ; Stelzer 2011 ; Stelzer et al. 2011) についての研究も行われてきた。さらに、性の進化を明らかにするための研究生物として用いられている (Welch and Meselson 2000, 2001 ; Hanson et al. 2013a, b)。

ワムシでは、さまざまな生命現象に関与している遺伝子の探索がいくつかの手法で行われてきた (Kaneko et al. 2002, 2011 ; Denekamp et al. 2010 ; Ozaki et al. 2010 ; Suga et al. 2011)。Kaneko et al. (2005) では、給餌量がワムシの Mn-SOD の発現に及ぼす影響を明らかにするため、Mn-SOD の全長配列を決定した。そのために、センチュウやマウス、ヒトなど既知の Mn-SOD 配列から相同性の高い部分を選択して PCR プライマを設計し、ワムシの Mn-SOD 配列を決定する方法をとった。Suga et al. (2007) はワムシの転写産物の基礎的知見を得るために Expressed Sequence Tags (EST) 解析を行った結果、2,362 クローンの EST 配列から 473 配列の転写産物を取得した。Denekamp et al. (2009) は 47,926 クローンの EST 配列から 18,000 配列の転写産物を取得し、休眠卵では胚発生後期に関与する Late Embryonic Abundant (LEA) タンパク質や小分子熱ショックタンパク質の発現量が増加することを明らかにした。Oo et al. (2010) はカロリー制限で発現が

変化する遺伝子群を cDNA サブトラクション法で探索し、発現量の変化を半定量 qPCR で解析した。さらに、Denekamp et al. (2011) はさまざまな条件の休眠卵で発現パターンが変化する遺伝子群を次世代シーケンサを用いて探索した。このように、遺伝子の探索技術の進歩にともなって、ワムシにおける遺伝子の探索方法は広がってきた。

ワムシにおける次世代シーケンサを用いた研究は Lee et al. (2011) や Denekamp et al. (2011), Hanson et al. (2013b) があり、これらの研究と本研究の次世代シーケンサで得られた情報の規模を比較した。Lee et al. (2011) は GS FLX Titanium (Roche) を用いて平均長 329.9 bp の配列を 2,062,621 リード取得した。Denekamp et al. (2011) は得られたリード数は不明であるが、Genome Analyzer (Illumina) を用いて 13 種類の異なる条件の雌虫や休眠卵の配列を解析した。Hanson et al. (2013b) は *B. calyciflorus* の周期的な単性生殖を行う株と単性生殖のみを行う株を比較するため、Genome Analyzer IIx (Illumina) を用いて mRNA-seq を行った結果、47,231,477~63,285,076 リードがそれぞれ得られた。本研究では Hiseq2000(短鎖型)では平均長 97 bp の配列が約 5.3 億リード、GS FLX+ (長鎖型) では平均長 409 bp の配列が約 970 万リード得られた (表 4-3)。これは先行研究と比較して遜色のない規模であり、解析を行っていく上で十分なデータ量であると考えられる。なお、本研究で得られた配列情報は、2015 年をめぐりに公共のデータベースに登録して公開する予定である。

第 2 項 ユグロン刺激に対する応答機構

本研究の第 2 章では、ユグロン刺激により発現量が増加する遺伝子群の候補を cDNA サブトラクション法を用いて探索した。その結果、3 種類の cDNA クローンを得ることができたものの、機能の推定には至らなかった。そこで本章では、大量の配列情報を取

得することができ、事前の遺伝子や転写産物の配列情報を必要としない次世代シーケンサを用いたトランスクリプトーム解析を行い、ワムシのユグロン耐性に関わる遺伝子群の探索を行った。その結果、34,914 のコンティグ配列が得られた。第 2 章で得られた 3 種類の cDNA クローンと相同性を示すコンティグは見られなかった。DAF-16 や SIR-2 など計 26 種類のタンパク質と同一性を示すコンティグが得られた。また、CTL-2 と PHA-4 は給餌制限区で飽食区の約 2 倍発現していることが分かった。CTL-2 は抗酸化酵素であるカタラーゼであり、ペルオキシソームに局在する (Petriv and Rachubinski 2004)。PHA-4 は FOXA のオーソログスであり、飢餓に応答して、グルカゴン産生やグルコース恒常性の制御を行う (Panowski et al. 2007)。

センチュウではインスリン/インスリン様成長因子伝達経路を介してストレス耐性が向上することが知られている (Guarente et al. 2000)。また、この経路の働きはワムシを含めたさまざまな生物で保存されている (Yoshinaga et al. 2005 ; Ozaki et al. 2013)。本研究でもこの経路に関わる遺伝子群が給餌制限区で高発現していると予想されたが、実際には飽食区との間で発現量に差は認められなかった (図 4-29)。今回行ったトランスクリプトーム解析は例数が少なかったため、発現量の差を検出できなかった可能性は残されているものの、ワムシにおいてはセンチュウとは別のストレス応答機構が働いている可能性も示唆された。

本研究では次世代シーケンサを用いたトランスクリプトーム解析により、計 34,914 種類の分子について発現パターンを網羅的に解析した。Linsen et al. (2009) や Pradervand et al. (2010) では、次世代シーケンサと定量的 PCR (qPCR) でそれぞれ得られた発現量のデータを比較し、両者には高い相関があることを示した。したがって、本研究のトランスクリプトーム解析によって得られたデータは、異なる処理区間で遺伝子の発現

量を網羅的に比較するのに十分な精度を持ったものと考えられる。この精度を検証するためには、発現量が変化した遺伝子について qPCR を行い、相関性を比較することが挙げられる。一方、本研究で得られたリファレンスデータセットは精度を高めるために 350 未満のコンティグ配列を除いたものの、5'末端と 3'末端が別々のコンティグとして存在する可能性がある。この問題を解消するためには、配列の両端を読むペアエンド解析やメイトペア解析を併用することが挙げられる（小椋・林 2012）。

発現解析の結果、飽食区でのみ発現している遺伝子の候補として 24 コンティグ、給餌制限区でのみ発現している遺伝子の候補として 51 コンティグが得られた（図 4-30）。飽食区でのみ発現が認められた 24 コンティグについて BLASTX 検索を行った結果、餌由来と思われる配列が多数含まれていたため（表 4-6）、その後の解析の対象から除外した。トリミング後の配列を餌である淡水クロレラの配列にあらかじめマッピングすることで餌由来の配列を除外することが可能であると考えられるので、今後の解析の流れを考える上で考慮すべき課題である。また、アセンブリの方法を変えることで飽食区または給餌制限区でのみ特異的に発現しているコンティグの候補数が変化する可能性は残されているので、今後の解析において考慮すべき課題である。本章で用いた培養 4 日目のワムシ個体群は、飽食区と給餌制限区の 2 区間で個体密度には差が認められないものの、飽食区のユグロン耐性が有意に高い個体群である。つまり、飽食区で高発現している遺伝子群がユグロン耐性の向上をもたらしたと考えられる。したがって、給餌制限区でのみ発現が認められた 51 コンティグについてはユグロン耐性の向上に関与している可能性は低いと考えられたため、その後の解析の対象から除外した。一方、これら 51 コンティグには、給餌ストレスに深く関与する遺伝子やユグロン耐性の低下に関与する遺伝子が含まれていると考えられるので、給餌ストレスを対象とした今後の研究におい

ては有益な知見であると考えられる。

本研究のトランスクリプトーム解析では、飽食区で高発現している遺伝子群として、*hsp70*, *hsp60*, *Cu/Zn-sod*, アデノシルホモシステイナーゼと相同性を示すコンティグを含む計 66 コンティグが得られた。以下に、これらの分子の機能について考察する。

HSP70 や HSP60 は分子シャペロンであり、タンパク質のフォールディングに関与する。シャペロンとは未熟な状態のタンパク質に一時的に結合し、成熟するのを介添えるタンパク質と定義される (Hartl 1996)。酵母や大腸菌において、HSP104, HSP70, HSP40 は尿素や熱で変性して凝集したタンパク質を再生するために必要であることが知られている (Glover and Lindquist 1998; Goloubinoff et al. 1999)。ワムシでは、定常期と比較して対数増殖期に *hsp70* 遺伝子の発現量が増加することが報告されている (Kaneko et al. 2002)。ユグロンによって産生された活性酸素によるタンパク質の変性が引き起こされた時、分子シャペロンとして HSP60 や HSP70 が機能して変性の影響が軽減された結果として、飽食区でユグロン耐性が向上したと考えられる。

Cu/Zn-SOD は抗酸化酵素であり、活性酸素の 1 種であるスーパーオキシドを過酸化水素と酸素に変換する (大柳・井上 2001)。SOD には Cu/Zn-SOD, Mn-SOD, EC-SOD の 3 タイプがあり、局在や発現パターンが異なる (Zelko et al. 2002)。Cu/Zn-SOD は細胞質に分布しており、Cu が活性に関与し、Zn は構造の安定化に寄与している (大柳・井上 2001)。ワムシでは周期的な飢餓条件で培養した区は飽食区に比べて、酸化ストレス条件下での Mn-SOD の転写産物の発現量が有意に増加する (Kailasam et al. 2011)。ユグロンによって産生された活性酸素種 (ROS) が Cu/Zn-SOD による触媒作用によって無毒化した結果として、酸化ストレスの度合いが軽減され、飽食区でユグロン耐性が向上したと考えられる。

メチオニンアデノシルトランスフェラーゼは L-メチオニンを S-アデノシル-L-メチオニンに変換する酵素であり、アデノシルホモシステイナーゼは S-アデノシル-L-ホモシステインを L-ホモシステインに変換する酵素である (Voet and Voet 2005)。これら 2 種類の酵素は、L-メチオニンから L-システインを合成し、抗酸化物質であるグルタチオン (GSH) の合成に関与する (図 4-32)。メラノーマ腫瘍細胞において、ユグロンの濃度が高くなるにしたがって ROS の濃度は上昇する一方、グルタチオンの濃度は減少する (Aithal et al. 2009)。また、センチュウでは、酸化型グルタチオン (GSSG) の濃度がユグロン処理により増加し、GSSG を GSH に還元する NADPH 依存性グルタチオン還元酵素 (GSR-1) を過剰発現させるとユグロン耐性が向上することが報告されている (Lüersen et al. 2013)。したがって、グルタチオンは直接的にユグロンに作用して、ROS の発生を抑制すると考えられる。一方、本研究においてこの合成系に関わる 6 種類の酵素のうち、メチオニンアデノシルトランスフェラーゼおよびアデノシルホモシステイナーゼについてのみ有意に発現量が多いという結果が得られた (表 4-5)。これは、解析した例数が少なかったため、発現量の差を検出できなかった可能性がある。したがって、今後より多くの例数を解析し、qPCR 等も併用して確認する必要がある。

以上をまとめると、(1) 抗酸化物質であるグルタチオンによるユグロンからの ROS 産生の抑制、(2) Cu/Zn-SOD による活性酸素の無毒化、(3) 分子シャペロンである熱ショックタンパク質による変性タンパク質のリフォールディング、の 3 経路からなるストレス応答機構が働いてユグロン耐性の向上がもたらされることが示唆された (図 4-33)。

第3項 非モデル生物における次世代シーケンサの活用

次世代シーケンサを用いた研究は近年盛んに行われており、対象となる生物はヒトやセンチュウ、ショウジョウバエなどモデル生物に限らず、非モデル生物でも行われている。Kawahara-Miki et al. (2011) はホッケイエビ *Pandalus latirostris* の2個体群間の表現型の多様性を比較した。その結果、*hsp70* や *hsc70* などと相同性を示す計29コンティグの発現量が増加した。Fujian カキ *Crassostrea angulata* では、初期発生のメカニズムの解明を目的としたトランスクリプトーム解析が行われ、120,786配列の冗長性のない遺伝子セットから25,654配列の機能が推定された (Qin et al. 2012)。また、follistatin precursor や上皮成長因子受容体 (EGFR)、ドーパミン受容体など成長に関わる6種類の配列を発生段階ごとの発現量の変化を調べた結果、EGFR など4種類の遺伝子の発現パターンが似ていることを明らかにした。Ji et al. (2012) は、コイ *Cyprinus carpio* の高精度な大量のトランスクリプトーム配列を取得することを目的として解析し、平均長888bpの36,811コンティグが得られ、そのうち19,165コンティグは機能が推定された。29,869コンティグはOpen Reading Frames (ORFs) が決定した。27,693コンティグはゼブラフィッシュのタンパク質レファレンス配列と同一性を示した。また、1,730コンティグから計2,064ヶ所のマイクロサテライトが初めて確認された。Zhang et al. (2012) はツマアカオオヒメテントウ *Cryptolaemus montrouzieri* の殺虫剤耐性に関わる遺伝子群の探索のためにトランスクリプトーム解析を行った。その結果、38,369配列の冗長性のない遺伝子セットを取得し、23,248配列の機能を推定した。また、シトクロムP450などを含む993個の転写産物の発現量が有意に変化し、殺虫剤耐性に関わっていることを明らかにした。水産学の分野では、太平洋クロマグロ *Thunnus orientalis* (Nakamura et al. 2013a) やスサビノリ *Pyropia yezoensis* (Nakamura et al. 2013b)、アコヤガイ *Pinctada fucata*

(Takeuchi et al. 2012), マガキ *Crassostrea gigas* (Zhang et al. 2012), ニホンウナギ *Anguilla japonica* (Henkel et al. 2012) などのゲノム解読が行われている。以上のように、次世代シーケンサの利用が可能となった 2007 年以降、非モデル生物を対象としたゲノム研究が活発化している。

非モデル生物を対象とした分子生物学的研究において次世代シーケンサを用いることの利点として、(1) 費用と時間の節約、および (2) 事前のゲノムや転写産物の配列情報を必要としないことが挙げられる。長鎖型の次世代シーケンサでは 1 回の解析により約 700 bp の配列を 100 万リード取得することができる。一方、従来の技術を用いて同等のデータ量を得ようとする、多大なコストと時間を要する。本研究では、Hiseq2000 (短鎖型) では平均長 97 bp の配列が約 5.3 億リード、GS FLX+ (長鎖型) では平均長 409 bp の配列が約 970 万リード得られた。一方、欠点として (1) 解析するにあたって、コンピュータ関連の知識が必要、(2) 解析手法が定まっていない、(3) 得られた配列のほとんどは断片的な配列であり、完全長の配列を得るためには従来の方法で決定しなければならない、が挙げられる。本研究では商用ソフトである CLC genomics workbench 4.9 (CLC bio) を用いて解析を行った。このソフトはグラフィカルユーザインタフェース (GUI) で一般的なコンピュータソフトと同様にマウスの操作だけで解析を行うことができる。一方、より詳しく解析を行うためには、Perl などのプログラミング言語の知識が必要となってくる。モデル生物の場合、解析手法は多くの先行研究があり、その中から選択することで最適な解析ができる。一方、非モデル生物の場合、先行研究がないものがほとんどで、解析手法の検討から行わなければならない。本研究では、リード配列のトリミングを行うためのパラメータの設定やアセンブリの方法などを 1 つずつ検討しながら、最適な解析手法を決定していった。本研究ではアセンブリにより

得られたコンティグの中で完全長の配列はほとんど見られなかった。その原因として、アセンブリなどの技術的な問題が考えられるが、使用したソフトではこれ以上の精度を求めることは難しいと考えられる。より精度の高いコンティグを得るためには、他のソフトを用いて解析を行う必要がある。このように、非モデル生物を次世代シーケンサで解析することは、解析手法など技術的な困難さはあるものの、それに見合うだけの利点があり、今後も有効な解析手法の一つとして幅広く発展していくものと思われる。

本研究で得られた情報は、ワムシの分子生物学的な研究の基本データとして有益である。給餌量に起因して発現量が変化する遺伝子のカタログや、*sir-2* や *pha-4* などのこれまでワムシでは部分配列も決定されていない遺伝子に関する情報が得られた。これらの情報を基に、次世代シーケンサよりも簡便で安価に遺伝子の発現解析が可能なマイクロアレイに転用することで、さまざまなストレス条件下での発現量の変化が明らかとなれば、ワムシのストレス応答機構の全貌の解明につながると考えられる。

第 5 章 総合考察

本研究は、シオミズツボウムシ *Brachionus plicatilis* sp. complex のストレス応答の機構に着目し、これを基にしてワムシ個体群の増殖不調を予測するための手法を開発することを目的とした。第 2 章では、薬剤であるユグロンがワムシの生存に及ぼす影響を詳細に調べ、生理状態を把握する上での有効性を明らかにした。続く第 3 章では、給餌量に起因するワムシ個体群の増殖不調の予測を検討し、ユグロン耐性の変化を基に給餌量を改善することで不調を回避することが可能であることを示唆した。さらに第 4 章では、次世代シーケンサを用いた網羅的なトランスクリプトーム解析を行い、3 経路からなるストレス応答機構がユグロン耐性に関わる可能性が示唆された。また、少なくとも 26 種類のストレス応答や老化に関わる遺伝子を同定することが出来た。本章では、第 2 ～4 章で得られた知見を総合的に考察した。

ワムシのストレス応答機構

“ストレス (stress)”とはもともと物理学の用語で、ある物体に何らかの力が加わっていて、その力に対して物体が元の形に戻ろうとしている状態を表す用語である (水島 2012)。このストレスの考え方を最初に生物学の分野へ応用したのが、カナダ人の生理学者 Hans Selye である (Selye 1952)。Selye は、ストレスを「体に何らかの力や物質が働いて歪みが生じている状態、そしてそれに対して体が元に戻ろうとしている状態」と定義した (水島 2012)。生物学におけるストレスとは、物理的ストレス (温度、圧力、放射線など)、化学的ストレス (活性酸素、毒物など)、生物学的ストレス (細菌、老化など)、精神的ストレス (不安、恐怖など) に分けられる。これらのストレス状態から

元に戻ろうとする反応を、ストレス応答と呼ぶ（水島 2012）。生物は生息環境の変化に適応するために、さまざまな種類のストレス源に対する応答機構を進化の過程で獲得してきた。

ストレスは一般的に生体に有害な作用を引き起こす要因と考えられるが、実際にはその作用は複雑である。同一のストレス源についても、その程度（強さ）によって生じる影響は異なりうる。例えば、Lamb（1964）は、ハエの一種 *Drosophila subobscura* に X 線を照射し、寿命の変化を調査した。その結果、メスの場合は X 線の照射量が 68000 r のときは寿命が短くなったものの、照射量が 34 kR 以下のときは逆に寿命の延長が見られた。Allen and Sohal（1982）は、イエバエ *Musca domestica* の成虫に 0～66 kR のガンマ線を照射後、代謝率の異なる 2 つの環境状態に収容して寿命を調べた。その結果、代謝率の高い環境に収容されたオスの寿命は、66 kR のガンマ線を照射した場合は短くなったが、40 kR 以下のガンマ線を照射した場合は逆に延びた。したがって、ストレスの影響を明らかにするためにはその程度によって異なる作用を示すことを考慮しなければならない。さらに、ストレスの影響は性や齢でも異なりうる（第 2 章の考察を参照）。すなわち、生物学におけるストレスとは、その度合や受ける生物の生理状態によって大きく変わりうる複雑な生命現象である。

ストレス源から受ける影響は常に一定ではなく、軽度では応答機構の活性化により有益な作用を及ぼすが（ホルミシス効果）、中程度では有害となり、そして重度になると致命的な作用が起こると考えられる（図 5-1）。本研究では、ワムシでもホルミシスが誘導されることが分かった（第 2 章）。また、ホルミシスの誘導には特定の回復時間を要することが示唆された（図 2-8～2-9）。さらに、生息域の違いで致死的なストレス条件

下での生存時間が異なることが分かった (図 2-7)。また、ユグロン耐性に関わるストレスの応答機構は少なくとも 3 経路からなる複雑な機構である可能性が示唆された (第 4 章)。ワムシの大量培養を安定させるためには、生じうる各種のストレス源について、“有益”，“有害”，“致命的”となるレベルをそれぞれ明らかにすることで，増殖に好適な条件を決めることができると考えられる。一方，実際の培養では複数のストレスが同時に作用するため，その影響を総合的に判断することは難しい。例えば，2 種類のストレスがそれぞれ軽度および中程度で作用した場合，前者は有益，後者は有害な作用を生じる。こうした場合に起こる影響を知ることは難しい。実際にワムシの大量培養で生じるストレス源は水温や餌量，個体密度，水質の変化など多岐にわたり，その組み合わせは膨大な数となるため，個々のストレスの影響を評価することは不可能である。また，ワムシは齢 (Yoshinaga et al. 2003) や世代間の影響 (Kaneko et al. 2011) を受けてストレス耐性が決定するため，同量のストレスの影響を受けていた場合でも，異なる挙動を示す可能性がある。こうして複雑に決まるストレスの影響を評価する方法として，ストレスマーカー遺伝子の発現パターンを利用することが挙げられる。本研究の第 4 章では，次世代シーケンサを利用して大量の配列データを得た (表 4-4)。現時点ではアノテーションが出来なかったものも多いが，この中には複数種のストレス源に対して機能する汎用性の高いものもあると予想される。将来，こうした分子を同定することができれば，さまざまなストレスを受けるワムシの生理状態を総合的に評価できると考えられる。

天然の資源変動の予測への応用

生物の個体数は常に一定ではなく、季節や年ごとに変動する。その要因として、温暖化やエルニーニョ現象などの地球規模の環境の変化や、乱獲などの人為的要因が挙げられるものの、変動を予測することは困難である。魚類の中には、数十年～百年周期の規模で3桁の違いに及ぶ大変動をする種がいることが知られている（伊藤 1982；河井 1988, 1999；松田 1995）。魚類の資源管理は、漁獲量や齢構成などの“量”の変動に基づいて行われている。一方、個体の寿命や繁殖はストレス耐性など生理状態の変化、つまり“質”の変化によって決まり、その結果として個体群は変動する。この質的な変化の指標となるマーカー遺伝子を同定することができれば、資源の変動を予測することができると考えられる。ワムシは個体群変動のモデル生物としても用いられており（King and Pulik 1967；Halbach et al. 1983；Preston and Snell 2001；Yoshinaga et al. 2001b；Kaneko et al. 2002, 2011；Yoshimatsu et al. 2006；Alver and Hagiwara 2007）、こうして得られる知見を野生生物に応用することで、資源の変動を予測することが可能となり、効率的な資源の管理と持続的な利用が可能となると期待できる。

水産学上の意義

ワムシの大量培養の現場では、担当者はワムシの培養だけに従事するのではなく、仔魚の育成管理も兼務する場合がほとんどである。そのため、ワムシの培養の省力化が求められている。培養方法に関しては、従来のバッチ式培養法や植継ぎ式培養法に代わり、理論上常に対数増殖期を維持することができる粗放連続培養法（Fu et al. 1997；日野 1998；日野 2000b）が開発され、省力化が進んでいる。一方、増殖不調の防止に関して

は、これまでに高塩分耐性（小磯・日野 1999）や飢餓耐性（Yoshinaga et al. 2001）、酵素活性（de Araujo et al. 2000）などさまざまな手法が開発されてきた。大量培養の現場でワムシの生理状態を評価し、不調を回避するための手法の最も重要な条件として、不調が起こる前にその前兆を検出できることが挙げられる。しかし、これら全ての条件を満たす診断法は依然として確立されていない。本研究では、給餌量に起因した増殖率の低下に先立ち、ユグロン耐性の低下が確認された（第3章）。したがって、本研究でのユグロン耐性を指標とした手法は、給餌量に起因した増殖不調を予知することができる画期的な手法であり、ワムシの安定した確保の一助となると考えられる。一方、現場では複数の培養槽を用意し、対照区となる培養槽を設けることは困難であり、また作業量が増加するため現実的ではない。そこで、本研究で確立した手法を実際に現場に応用するための方法を考案した（図 5-2）。

まず、培養槽から1個の単性生殖卵を携卵した個体を20個体集め、1 μ M ユグロンを含む海水に収容する。そして、90分後から10分ごとに120分後まで4回にわたってワムシの生死を観察する。90分後の時点で半数以上の個体が死亡していた場合は“危険”，120分後でも半数以上が生存している場合は“安全”，その中間を“注意”として判定する。“危険”と判断された場合は、給餌量や水質の改善を行うなど不調の回避に直ちに取り組む対応をとる。“注意”と判断された場合は、前日までのユグロン耐性と比較して耐性が低下傾向にあった場合は、増殖不調が起こる可能性が考えられる。観察する項目は生死の判断のみであるため、顕微鏡カメラを用いて自動的に生死を判定するシステムを開発することで、さらなる作業の省力化も可能となる。

本研究では、給餌量に起因して発現量が変化する遺伝子群の候補を大量に取得することができた（第4章）。これを利用して、さらに簡便かつ正確な予知法の開発が可能となる。ストレス応答遺伝子の発現パターンを緑色蛍光タンパク質（Green Fluorescent Protein, GFP）などの蛍光タンパク質を利用して可視化することができれば、目視のみでワムシの生理状態を把握できる。ワムシにおける遺伝子導入の技術はすでに報告例がある（Shearer and Snell 2007；Snell et al. 2011；Liu et al. 2013）。遺伝子組み換えを行ったワムシを稚魚の餌として用いることに対する倫理的な問題を解決できれば、担当者がワムシ個体群の状態を目で見て判断することができ、これ以上ない省力的な予知法となると考えられる。

本研究の第4章では、ワムシの遺伝情報を大量に取得した。このデータは、有用形質を備えたワムシ株の作出にも応用しうる。ワムシは体の大きさで3タイプに大別され、背甲長は0.1～0.3 mmの範囲である。一方、SS型ワムシを摂餌できない魚種の種苗生産のためのより小さいワムシや、アルテミアの代替となるL型よりも大きいワムシが求められている。より小さいワムシについては近年スナワムシ科の微小ワムシ *Proales similis* の有用性が示され、実際にマハタ *Epinephelus septemfasciatus* やメガネモチノウオ *Cheilinus undulatus* の仔魚で実証されている（Wullur et al. 2009, 2011；平井ら 2012）。アルテミアは多くを輸入に頼っており、コスト面や供給の安定性に問題がある。そのため、L型よりも大きいワムシが求められている。単性生殖によって生まれるワムシは、体細胞分裂によって900～1000個の体細胞に分裂・分化し、孵化の前には体細胞分裂が終了する（Hyman 1951）。そのため、より大きいワムシを得るためには細胞自体を巨大化させる方法が考えられるが、技術的には困難である。そこで、淡水性のフクロワムシ

Asplanchna priodonta に着目した (田中 2002)。フクロワムシは体長が 600~1400 μm とシオミズツボワムシの約 1.5 倍である。一方、フクロワムシは海水中では生育できない。そこで、本研究で得られたシオミズツボワムシの遺伝情報に関する知見とフクロワムシの遺伝情報を比較することで、海水適応に関する機構を明らかにし、フクロワムシにおいて海水適応に関わる遺伝子を発現させ、海水適応化させることが可能となれば、この要求の実現に近づくと考えられる。

ワムシの培養は仔魚飼育の環境条件と異なる水温や塩分下で行われることが多い (Yoshimura et al. 1997; Fu et al. 1997; 桑田 2000)。例えば、ヒラメ *Paralichthys olivaceus* の飼育水温は 18°C であるのに対し (友田ら 2005, 2006)、ワムシの培養は 20~30°C である。そのため、仔魚の飼育水槽に投与されるワムシは急激な環境の変化の影響を受ける。水温などの急変はワムシの代謝作用に影響し、遊泳力の低下につながる (Oie and Olsen 1993)。遊泳力の低下したワムシは水槽底面に沈下しやすくなり、“餌料生物”としての有効性は低くなると考えられている (友田ら 2008)。Fielder et al. (2000) では、ワムシを 23°C から 18°C の低温に移送すると遊泳活性が減少するが、逆に 23°C から 28°C の高温への移送では影響がないことを明らかにした。そのため、ワムシの培養は低水温かつ仔魚の飼育水槽と同じ塩分で培養するか、移送前に 6 時間以上は仔魚の飼育条件に馴致する必要があることを指摘している。また、友田ら (2008) はワムシ培養とヒラメ飼育水槽間で、5°C の温度差はヒラメ仔魚の飼育成績に支障はなかったものの、10°C では大きな影響を及ぼすことを報告した。そのため、熱帯性の S 型ワムシの低温適応化が求められる。本研究で得られた遺伝情報の中から、低温誘導性遺伝子である *Samui* 遺伝子 (Moribe et al. 2001) などの低温適応に関わる遺伝子群を選び出し、株による発

現量の違いや、飼育水温による変化を明らかにしていくことで、より低温耐性の高い株を作出できると考えられる。

現在、シオミズツボウムシは最低でも 14 種を含む複合種とされている (Suatoni et al. 2006)。生物分類学では、形態の類似性や進化的な系統類縁関係などを基準として同種と別種の判定を行う。これには研究者それぞれの価値観も含まれており、分類学の大きな問題となっている。これに対し、分子生物学的な手法の発展により、進化の過程を客観的および定量的に解析する分子系統学が主流となってきた。しかし、例えばある遺伝子座の塩基配列の変異量を比較した時に、同種（種内変異）と別種（種間変異）の閾値を決めるには主観的な要素を排除できないのが実際である。一方、餌料生物としてシオミズツボウムシ複合種を“分類”する際には、増殖特性や栄養価など種苗生産の現場で必要とされる情報に基づいた分類が鍵となる。使用の目的に応じて適した種（株）を選ぶことができれば、効率のよい種苗生産が可能となる。複合種を構成する各種（株）について、餌料生物としての価値に関わるような遺伝子群の比較を行うことにより、“初期餌料生物シオミズツボウムシ”の実用的な分類体系が確立されるものと考えられる。

展望

本研究では、ユグロン耐性を指標として給餌量に起因するワムシ個体群の増殖不調の予知が可能であることを示し、給餌量を改善することで不調を回避することが可能であることが示唆された。一方、ワムシ個体群の増殖不調の要因は水質の悪化、細菌叢の変化（日野 1989；Yu et al. 1989；Hagiwara et al. 1994）、原生動物の関与（日野ら 1981；Maeda and Hino 1991；Hagiwara et al. 1995；Cheng et al. 1997）など多岐にわたる。これ

らの要因に対してもユグロンを指標とした予知法の有効性を検証していくことが必要である。多くの要因に対して本研究の予知法の有効性を示すことができれば、種苗生産における餌料のより安定的な確保につながると考えられる。

謝辞

本研究課題の端緒を頂き、8年間にわたり終始懇切丁寧なご指導を受け賜った北里大学海洋生命科学部水族増殖学研究室の千葉洋明准教授ならびに吉永龍起講師に深甚なる謝意を申し上げる。また、同研究室の岩田宗彦元教授に心より御礼を申し上げる。

北里大学海洋生命科学部の森山俊介教授には、本論文の主査を引き受けて頂き、有益なご助言を数多く頂いた。東京大学大学院農学生命科学研究科の渡部終五教授（現、北里大学海洋生命科学部）、長崎大学大学院水産・環境科学総合研究科の萩原篤志教授、北里大学海洋生命科学部の小檜山篤志准教授ならびに吉永龍起講師には本論文の審査をして頂き、有益なご助言を数多く頂いた。心より御礼を申し上げる。

東京大学大気海洋研究所の塚本勝巳教授（現、日本大学生物資源学部）を始めとする行動生態計測分野の皆様には、2011年の東日本大震災の際に研究場所の提供を快諾して下さい、また有益なご助言を頂いた。東京大学大学院農学生命科学研究科の金子元博士、ならびに尾崎依博士（現、明治大学農学部）には、実験手技についてご指導して頂き、また有益なご助言を頂いた。心より御礼を申し上げる。

独立行政法人理化学研究所 横浜研究所 オミックス研究基盤領域 LSA システム構築グループの河井純博士（現、社会知創成事業 予防医療・診断技術開発プログラム）、樽井寛博士（現、ライフサイエンス技術基盤研究センター 機能性ゲノム解析部門）、野間将平氏、大野（酒井）瑞穂博士、田上道平氏、Sengstag Thierry 博士には、次世代シーケンサを用いた解析についてご指導して頂き、また数々の有益なご助言を頂いた。独立行政法人水産総合研究センター日本海区水産研究所の小磯雅彦博士（現、西海区水産研究所）には、ワムシの大量培養の現場を見学することを快諾して下さい、さらに貴重なご助言を頂いた。心より御礼を申し上げる。

北里大学海洋生命科学部の佐藤繁准教授，奥村誠一准教授，神保充准教授，水澤寛太講師，ならびに安元剛講師には本研究をまとめるにあたり有益なご助言を頂いた。同，筒井繁行講師には，実験手技についてご指導して頂き，また数多くの暖かいご助言を頂いた。心より御礼を申し上げる。

8年間の研究生活で，公私にわたりお世話になった小島大輔博士，原田賢史氏，勝又信博氏，池田葉子氏，橋本祥明氏，村上典江氏に厚く御礼申し上げます。また，2006～2013年度に水族増殖学研究室（旧，水産増殖学研究室）に所属し，本研究の遂行に協力して頂いた4年生の皆様に御礼申し上げます。

最後に，これまで見捨てることなく暖かく見守ってくれた両親，祖母，弟に深く謝意を表する。

引用文献

- Aithal, B.K., Kumar, M.R., Rao, B.N., Udupa, N. Rao, B.S. 2009. Juglone, a naphthoquinone from walnut, exerts cytotoxic and genotoxic effects against cultured melanoma tumor cells. *Cell Boil. Int.* 33:1039-1049.
- Allen, R.G., Sohal, R.S. 1982. Life-lengthening effects of gamma-radiation on the adult housefly, *Musca domestica*. *Mech. Ageing Dev.* 20:369-375.
- Alver, M.O., Hagiwara, A. 2007. An individual-based population model for the prediction of rotifer population dynamics and resting egg production. *Hydrobiologia* 593:19-26.
- An, J.H., Blackwell, T.K. 2003. SKN-1 links *C. elegans* mesendodermal specification to a conserved stress response. *Genes Dev.* 17:1882-1893.
- Arantes-Oliveira, N., Apfeld, J., Dillin, A., Kenyon, C. 2002. Regulation of life-span by germ-line stem cells in *Caenorhabditis elegans*. *Science* 295:502-505.
- de Araujo, A.B., Gallardo, W.G., Snell, T.W., Hagiwara, A. 1998. Enzyme activity as a tool for assessing the cultured condition of rotifers and fish larvae—a preliminary study. *Bull. Aquacult. Assoc. Canada* 98:30–34.
- de Araujo, A.B., Snell, T.W., Hagiwara, A. 2000. Effect of unionized ammonia, viscosity and protozoan contamination on the enzyme activity of the rotifer *Brachionus plicatilis*. *Aquacult. Res.* 31:359–365.
- Arum, O., Johnson, T.E. 2007. Reduced expression of the *Caenorhabditis elegans* p53 ortholog cep-1 results in increased longevity. *J. Gerontol. A. Biol. Sci.* 62:951-959.
- 坂内四郎. 1994. 「ストレス探究-分子レベルでみると-」. 化学同人. 京都. 9-40 頁.

- Boehm, M., Slack, F.J. 2005. A developmental timing microRNA and its target regulate life span in *C. elegans*. *Science* 310:1954-1957.
- Brisbin, S., Liu, J., Boudreau, J., Peng, J., Evangelista, M., Chin-Sang, I. 2009. A role for *C. elegans* Eph RTK signaling in PTEN regulation. *Dev. Cell.* 17:459-469.
- Cai, K., Jiang, S., Ren, C., He, Y. 2012. Significant damage-rescuing effects of wood vinegar extract in living *Caenorhabditis elegans* under oxidative stress. *J. Sci. Food Agric.* 92:29-36.
- Calabrese, E.J., Baldwin, L.A., Holland, C.D. 1999. Hormesis: a highly generalizable and reproducible phenomenon with important implications for risk assessment. *Risk Anal.* 19:261–281.
- Caratero, A., Courtade, M., Bonnet, L., Planel, H., Caratero, C. 1998. Effect of continuous gamma irradiation at a very low dose on the life span of mice. *Gerontology* 44:272-276.
- de Castro, E., de Castro S.H., Johnson T.E. 2004. Isolation of longlived mutants in *Caenorhabditis elegans* using selection for resistance to juglone. *Free Rad. Biol. Med.* 37:139-145.
- Chapman, T., Partidge, L. 1996. Female fitness in *Drosophila melanogaster*: an interaction between the effect of nutrition and of encounter rate with males. *Proc. Bio. Sci.* 263:755-759.
- Chen, W., Rezaizadehnajafi, L., Wink, M. 2013. Influence of resveratrol on oxidative stress resistance and life span in *Caenorhabditis elegans*. *J. Pharm. Pharmacol.* 65:682-688.
- Cheng, S.H., Suzaki, T., Hino, A. 1997. Lethality of heliozoon *Oxnerella maritima* on the rotifer *Brachionus rotundiformis*. *Fish. Sci.* 63:543-546.

- Cui, Y., McBride, S.J., Boyd, W.A., Alper, S., Freedman, J.M. 2007. Toxicogenomic analysis of *Caenorhabditis elegans* reveals novel genes and pathways involved in the resistance to cadmium toxicity. *Genome Biol.* 8:R122.
- Cypser, J.R., Johnson, T.E. 2002. Multiple stressors in *Caenorhabditis elegans* induce stress hormesis and extended longevity. *J. Gerontol. Biol. Sci.* 57A:B109-B114.
- Davis-Smyth, T., Duncan, R.C., Zheng, T., Michelotti, G., Levens, D. 1996. The far upstream element-binding proteins comprise an ancient family of single-strand DNA-binding transactivators. *J. Biol. Chem.* 271:31679-31687.
- Denekamp, N.Y., Thorne, M.A.S., Clark, M.S., Kube, M., Reinhardt, R., Lubzens, E. 2009. Discovering genes associated with dormancy in the monogonont rotifer *Brachionus plicatilis*. *BMC Genomics* 10:108.
- Denekamp, N.Y., Reinhardt, R., Kube, M., Lubzens, E. 2010. Late embryogenesis abundant (LEA) protein in nondesiccated, encysted, and diapausing embryos of rotifers. *Biol. Reprod.* 82:714-724.
- Denekamp, N.Y., Reinhardt, R., Albrecht, M.W., Drungowski, M., Kube, M., Lubzens, E. 2011. The expression pattern of dormancy-associated genes in multiple life-history stages in the rotifer *Brachionus plicatilis*. *Hydrobiologia* 662:51-63.
- Dorman, J.B., Albinder, B., Shroyer, T., Kenyon, C. 1995. The age-1 and daf-2 genes function in a common pathway to control the lifespan of *Caenorhabditis elegans*. *Genetics.* 141:1399-1406.
- FAO. FAOstat. <http://faostat.fao.org/site/291/default.aspx> (accessed 2013-11-22).

- Feng, J., Bussière, F., Hekimi, S. 2001. Mitochondrial electron transport is a key determinant of life span in *Caenorhabditis elegans*. *Dev. Cell.* 1:633-644.
- Fu, Y., Hirayama, K., Natukari, Y. 1991a. Morphological differences between two types of the rotifer *Brachionus plicatilis* O. F. Müller. *J. Exp. Mar. Biol. Ecol.* 151:29-41.
- Fu, Y., Hirayama, K., Natukari, Y. 1991b. Genetic divergence between S and L type strains of the rotifer *Brachionus plicatilis* O. F. Müller. *J. Exp. Mar. Biol. Ecol.* 151:43-56.
- Fu, Y., Hada, A., Yamashita, T., Yoshida, Y., Hino, A. 1997. Development of a continuous culture system for stable mass production of the marine rotifer *Brachionus*. *Hydrobiologia* 358:145-151.
- Fukusho, K. 1983. Present status and problems in culture of the rotifer *Brachionus plicatilis* for fry production of marine fishes in Japan. Symposium international de acacultura coquimbo, Chile. 361-374.
- 福所邦彦. 1983. 形態とその変異. 35-51 頁. 日本水産学会編「シオミズツボワムシー生物学と大量培養」. 恒星社厚生閣, 東京.
- 伏見浩. 2010. 種苗生産の原理と栽培漁業. 278-284 頁. 竹内俊夫, 中田英昭, 和田時夫, 上田宏, 有元貴文, 渡部終五, 中前明編「改訂 水産ハンドブック」. 生物研究社, 東京.
- Gallardo, W.G., Hagiwara, A., Tomita, Y., Soyano, K., Snell, T.W. 1997. Effect of some vertebrate and invertebrate hormones on the population growth, mictic female production, and body size of the marine rotifer *Brachionus plicatilis* Müller. *Hydrobiologia* 358:113-120.

- Gilbert, J.J., Walsh, E.J. 2005. *Brachionus calyciflorus* is a species complex: mating behavior and genetic differentiation among four geographically isolated strains. *Hydrobiologia* 546:257–265.
- Glover, J.R., Lindquist, S. 1998. Hsp104, Hsp70, and Hsp40: a novel chaperone system that rescues previously aggregated proteins. *cell* 94:73-82.
- Goloubinoff, P., Mogk, A., Zvi, A.P., Tomoyasu, T., Bukau, B. 1999. Sequential mechanism of solubilization and refolding of stable protein aggregates by a bichaperone network. *Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.* 96:13732-13737.
- Gómez, A., Serra, M., Carvalho, G.R., Lunt, D.H. 2002. Speciation in ancient cryptic species complexes: evidence from the molecular phylogeny of *Brachionus plicatilis* (Rotifera). *Evolution* 56:1431-1444.
- Gribble, K.E., Welch, D.B.M. 2012. The mate recognition protein gene mediates reproductive isolation and speciation in the *Brachionus plicatilis* cryptic species complex. *BMC Evol.Biol.* 12:134.
- Guarente, L., Kenyon, C. 2000. Genetic pathways that regulate ageing in model organisms. *Nature* 408:255–262.
- Hagiwara, A., Hamada, K., Hori, S., Hirayama, K. 1994. Induction of monogonont rotifer (*Brachionus plicatilis*) sexual reproduction with bacteria coexistence and addition of rotifer extracts. *J. Exp. Mar. Biol. Ecol.* 181:1-8.
- Hagiwara, A., Juug, M.M., Sato, T., Hirayama, K. 1995. Interspecific relations between marine rotifer *Brachionus Rotundiformis* and Zooplamcton species contaminating in the rotifer mass culture tank. *Fish. Sci.* 61:623-627.

- Hagiwara, A., Gallardo, W.G., Assavaaree, M., Kotani, T., de Araujo, A.B. 2001. Live food production in Japan: recent progress and future aspects. *Aquaculture* 200:111–127.
- Hagiwara, A., Suga, K., Akazawa, A., Kotani, T., Sakakura, Y. 2007. Development of rotifer strains with useful traits for rearing fish larvae. *Aquaculture* 268:44-52.
- Halbach, U., Siebert, M., Westermayer, M., Wissel, C. 1983. Population ecology of rotifers as a bioassay tool for ecotoxicological tests in aquatic environments. *Ecotoxicol. Environ. Saf.* 7:484-513.
- Hanson, S.J., Schurko, A.M., Hecox-Lea, B., Welch, D.B.M., Stelzer, C.P., Logsdon, J.M. Jr. 2013a. Inventory and phylogenetic analysis of meiotic genes in monogonont rotifers. *J. Hered.* 104:357-370.
- Hanson, S.J., Stelzer, C.P., Welch, D.B.M., Logsdon, J.M. Jr. 2013b. Comparative transcriptome analysis of obligately asexual and cyclically sexual rotifers reveals genes with putative functions in sexual reproduction, dormancy, and asexual egg production. *BMC Genomics* 14:412.
- Hartl, F.U. 1996. Molecular chaperones in cellular protein folding. *Nature* 381:571-579.
- Henkel, C.V., Dirks, R.P., de Wijze, D.L., Minegishi, Y., Aoyama, J., Jansen, H.J., Turner, B., Knudsen, B., Bundgaard, M., Hvam, K.L., Boetzer, M., Pirovano, W., Weltzien, F.A., Dufour, S., Tsukamoto, K., Spaink, H.P., van den Thillart, G.E. 2012. First draft genome sequence of the Japanese eel, *Anguilla japonica*. *Gene* 511:195-201.
- Hertweck, M., Göbel, C., Baumeister, R. 2004. *C. elegans* SGK-1 is the critical component in the Akt/PKB kinase complex to control stress response and life span. *Dev. Cell.* 6:577-588.

- 日野明德, 平野礼次郎. 1975. 輪虫の生活史—とくに両性生殖誘導要因について. 化学と生物 13:516-521.
- 日野明德, 野上義夫, 平野礼次郎. 1981. 排水処理生成物によるシオミズツボウムシ培養に関する基礎研究—I. 水産増殖 28:174-178.
- 日野明德. 1989. 細菌による抑制. 205-208 頁. 福所邦彦, 平山和次編「初期餌料生物—シオミズツボウムシ」. 恒星社厚生閣, 東京.
- 日野明德. 2000a. I-3 増殖特性-株間の差-. 10-12 頁. 「栽培漁業技術シリーズ No.6 海産ワムシ類の培養ガイドブック」. 日本栽培漁業協会, 東京.
- 日野明德. 2000b. 3 新しく開発された連続培養法. 80-81 頁. 「栽培漁業技術シリーズ No.6 海産ワムシ類の培養ガイドブック」. 日本栽培漁業協会, 東京.
- 平井慈恵, 小磯雅彦, 照屋和久, 奥澤公一, 小林真人, 武部孝行, 佐藤琢, 中村航, 後藤敬行, 萩原篤志. 2012. メガネモチノウオ仔魚の飼育条件と微小餌料生物プロアレス *Proales similis* の餌料価値の検討. 水産技術 4:57-64.
- 平野礼次郎, 大島泰雄. 1963. 海産動物幼生の飼育とその餌料について. 日水誌 29:283-293.
- Houthoofd, K., Braeckman, B.P., Lenaerts, I., Brys, K., De Vreese, A., Van Eygen, S., Vanfleteren, J.R. 2002. Axenic growth up-regulates mass-specific metabolic rate, stress resistance, and extends life span in *Caenorhabditis elegans*. *Exp. Gerontol.* 37:1371-1378.
- Hsu, A.L., Murphy, C.T., Kenyon, C. 2003. Regulation of aging and age-related disease by DAF-16 and heat-shock factor. *Science* 300:1142-1145.

- 藤田矢郎. 1973. 魚類種苗生産の初期餌料としてのプランクトンの重要性. 日本プランクトン学会報 20:49-53.
- Hwang, D.S., Suga, K., Sakakura, Y., Park, H.G., Hagiwara, A., Rhee, J.S., Lee, J.S. 2013. Complete mitochondrial genome of the monogonont rotifer, *Brachionus koreanus* (Rotifera, Brachionidae). *Mitochondrial DNA* doi:10.3109/19401736.2013.775274.
- Hyman, L.H. 1951. The Invertebrates: Acanthocephala, Aschelminthes, and Entoprocta. The pseudocoelomate Bilateria. Vol.Ⅲ. McGraw-Hill Book Com., New York.
- Illumina. 2010. Directional mRNA-Seq Sample Preparation. Application Note: RNA Analysis #15018460. Illumina, Inc., San Diego.
- 伊藤史朗, 坂本久, 堀正和, 平山和次. 1981. 系統の異なるシオミズツボムシの形態および増殖適温. 長崎大学水産学部研究報告 51:9-16.
- 伊藤隆. 1960. 輪虫の海水培養と保存について. 三重県立大学研報 3:708-740.
- 伊藤嘉昭. 1982. 「社会生態学入門」. 東京大学出版, 東京. 1-73 頁.
- Ji, P., Liu, G., Xu, J., Wang, X., Li, J., Zhao, Z., Zhang, X., Zhang, Y., Xu, P., Sun, X. 2012. Characterization of common carp transcriptome: sequencing, *de novo* assembly, annotation and comparative genomics. *PLoS One* 7:e35152.
- Jia, K., Chen, D., Riddle, D.L. 2004. The TOR pathway interacts with the insulin signaling pathway to regulate *C. elegans* larval development, metabolism and life span. *Development* 131:3897-3906.

Kailasam, M., Kaneko, G., Oo, A.K.S., Ozaki, Y., Thirunavukkarasu, A.R., Watabe, S. 2011.

Effects of calorie restriction on the expression of manganese superoxide dismutase and catalase under oxidative stress conditions in the rotifer *Brachionus plicatilis*. *Fish. Sci.* 77:403–409.

神奈川県淡水魚増殖試験場. 1986. 昭和 60 年度特定研究開発促進事業. 初期餌料の培養技術開発研究報告書－IV, 21 頁.

Kaneko, G., Kinoshita, S., Yoshinaga, T., Tsukamoto, K., Watabe, S. 2002. Changes in expression patterns of stress protein genes during population growth of the rotifer *Brachionus plicatilis*. *Fish. Sci.* 68:1217–1323.

Kaneko, G., Yoshinaga, T., Kinoshita, S., Yanagawa, Y., Tsukamoto, K., Watabe, S. 2005. Molecular characterization of Mn-superoxide dismutase and gene expression studies in dietary restricted *Brachionus plicatilis* rotifers. *Hydrobiologia* 546:117-123.

Kaneko, G., Yoshinaga, T., Yanagawa, Y., Ozaki, Y., Tsukamoto, K., Watabe, S. 2011. Calorie restriction-induced maternal longevity is transmitted to their daughters in a rotifer. *Funct. Ecol.* 25:209–216.

勝川俊雄. 2011. 「日本の魚は大丈夫か 漁業は三陸から生まれ変わる」. NHK 出版, 東京. 43-104 頁.

Kawahara-Miki, R., Wada, K., Azuma, N., Chiba, S. 2011. Expression profiling without genome sequence information in a non-model species, Pandalid shrimp (*Pandalus latirostris*), by next-generation sequencing. *PLoS One* 6:e26043.

河井智康. 1988. 「イワシと逢えなくなる日」. 情報センター出版局, 東京. 15 頁.

河井智康. 1999. 「消えたイワシからの暗号」. 三五館, 東京. 34-78 頁.

- Kenyon, C., Chang, J., Gensch, E., Rudner, A., Tabtiang, R. 1993. A *C. elegans* mutant that lives twice as long as wild type. *Nature* 366:461-464.
- Khazaeli, A.A., Tatar, M., Pletcher, S.D., Curtsinger, J.W. 1997. Heat-induced longevity extension in *Drosophila*. I. Heat treatment, mortality, and thermotolerance. *J. Gerontol. Biol. Sci.* 52A:B48-B52.
- King, C.E., Paulik, G.J. 1967. Dynamic model and the stimulation of ecological systems. *J. Theoret. Biol.* 16:251-267.
- King, C.E. 1989. Molecular genetics of rotifers: preliminary restriction mapping of the mitochondrial genome of *Brachionus plicatilis*. *Hydrobiologia* 186/187:375-380.
- 小磯雅彦, 日野明德. 1999. ワムシの活力判定と個体群の増殖予測に関する研究. 水産増殖 47:249-256.
- 小磯雅彦. 2000. E-4-1 水温. 12-13 頁, 「栽培漁業技術シリーズ No.6 海産ワムシ類の培養ガイドブック」, 日本栽培漁業協会, 東京.
- 小磯雅彦, 日野明德. 2002. シオミズツボワムシの大量培養における増殖停滞の機構に関する研究. 水産増殖 50:197-204.
- 小磯雅彦, 桑田博, 日野明德. 2005. 短時間の飢餓がシオミズツボワムシの生残, 発達, 生物学的最小形および卵の大きさに及ぼす影響. 水産増殖 53:1-5.
- 小磯雅彦, 日野明德. 2006. 高塩分耐性を指標としたシオミズツボワムシ各成長段階における活力の評価. 水産増殖 54:95-99.
- 小磯雅彦. 2007. ワムシ培養に関するアンケート調査結果 (2006 年度). 栽培技術 35:63-71.

- 小磯雅彦, 吉川雅代, 桑田博, 萩原篤志. 2009. シオミズツボウムシ *Brachionus plicatilis* の親世代の餌料環境が次世代以降の生活史特性にあたえる影響. *Nippon Suisan Gakkaishi* 75:828-833.
- 小磯雅彦. 2010. ワムシ講座 第3回培養用餌料の種類と給餌量. http://ncse.fra.affrc.go.jp/15kouza/15kouza_w03.html.
- Korstad, J., Neyts, A., Danielsen, T., Overrein, I., Olsen, Y. 1995. Use of swimming speed and egg ratio as predictors of the status of rotifer cultures in aquaculture. *Hydrobiologia* 313/314:395-398.
- Kotani, T., Hagiwara, A., Snell, T.W., Serra, M. 2005. Euryhaline *Brachionus* strains (Rotifera) from tropical habitats: morphology and allozyme patterns. *Hydrobiologia* 546:161-167.
- 桑田博. 2009. II-3-2 粗放連続培養. 92-107 頁. 「栽培漁業技術シリーズ No.6 海産ワムシ類の培養ガイドブック」. 日本栽培漁業協会, 東京.
- Lakowski, B., Hekimi, S. 1996. Determination of life-span in *Caenorhabditis elegans* by four clock genes. *Science* 272:1010-1013.
- Lamb, M.J. 1964. The effect of radiation on the longevity of female *Drosophila subobscura*. *J. Insect Physiol.* 10:487-497.
- Larsen, P.L., Albert, P.S., Riddle, D.L. 1995. Genes that regulate both development and longevity in *Caenorhabditis elegans*. *Genetics* 139:1567-1583.
- Le Bourg, E., Valenti, P., Lucchetta, P., Payre, F. 2001. Effects of mild heat shocks at young age on aging and longevity in *Drosophila melanogaster*. *Biogerontology* 2:155-164.

- Lee, S.S., Lee, R.Y.N., Fraser, A.G., Kamath, R.S., Ahringer, J., Ruvkun, G. 2003. A systematic RNAi screen identifies a critical role for mitochondria in *C. elegans* longevity. *Nat. Genet.* 33:40-48.
- Li, J., Ebata, A., Dong, Y., Rizki, G., Iwata, T., Lee, S.S. 2008. *Caenorhabditis elegans* HCF-1 functions in longevity maintenance as a DAF-16 regulator. *PLoS Biol.* 6:e233.
- Linsen, S.E., de Wit, E., Janssens, G., Heater, S., Chapman, L., Parkin, R.K., Fritz, B., Wyman, S.K., de Bruijn, E., Voest, E.E., Kuersten, S., Tewari, M., Cuppen, E. 2009. Limitations and possibilities of small RNA digital gene expression profiling. *Nat. Methods* 6:474-476.
- Lithgow, G.J., White, T.M., Melov, S., Johnson, T.E. 1995. Thermotolerance and extended life-span conferred by single-gene mutations and induced by thermal stress. *Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.* 92:7540-7544.
- Liu, B.R., Liou, J.S., Chen, Y.J., Huang, Y.W., Lee, H.J. 2013. Delivery of Nucleic Acids, Proteins, and Nanoparticles by Arginine-Rich Cell-Penetrating Peptides in Rotifers. *Mar. Biotechnol.* DOI 10.1007/s10126-013-9509-0.
- Lubzens, E. 1987. Raising rotifers for use in aquaculture. *Hydrobiologia* 147:245-255.
- Lubzens, E., Tandler, A., Minkoff, G. 1989. Rotifers as food in aquaculture. *Hydrobiologia* 186/187:387-400.
- Lüersen, K., Stegehake, D., Daniel, J., Drescher, M., Ajonina, I., Ajonina, C., Hertel, P., Woltersdoorf, C., Liebau, E. 2013. The glutathione reductase GSR-1 determines stress tolerance and longevity in *Caenorhabditis elegans*. *PLoS One* 8:e60731.

- Maeda, M., Hino, A. 1991. Environmental management for mass culture of rotifer, *Brachionus plicatilis*. Pp. 125-133 in W. Fulks & K. L. Main(eds.), Rotifer and microalgae culture systems. Proc. of a U.S.-Asia Workshop, Oceanic Institute, Honolulu.
- Maruyama, I., Hirayama, K. 1993. The culture of the rotifer *Brachionus plicatilis* with *Chlorella vulgaris* containing vitamin B12 in its cells. *J. World Aquacul. Soc.* 24:194-198.
- Masse, I., Molin, L., Mouchiroud, L., Vanhems, P., Palladino, F., Billaud, M., Solari, F. 2008. A novel role for the SMG-1 kinase in lifespan and oxidative stress resistance in *Caenorhabditis elegans*. *PLoS One* 3:e3354.
- 松田裕之. 1995. 「共生」とは何か. 現代書館, 東京. 1-255 頁.
- 松宮義晴. 2000. 「魚をとりながら増やす」. 成山堂書店, 東京. 1-165 頁.
- Meissner, B., Boll, M., Daniel, H., Baumeister, R. 2004. Deletion of the intestinal peptide transporter affects insulin and TOR signaling in *Caenorhabditis elegans*. *J. Biol. Chem.* 279:36739-36745.
- Melendez, A., Tallozy, Z., Seaman, M., Eskelinen, E.L., Hall, D.H., Levine, B. 2003. Autophagy genes are essential for dauer development and life-span extension in *C. elegans*. *Science* 301:1387-1391.
- Mineta, K., Nakazawa, M., Cebrià, F., Ikeo, K., Agata, K., Gojobori, T. 2003. Origin and evolutionary process of the CNS elucidated by comparative genomics analysis of planarian ESTs. *Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.* 100:7666-7671.
- 水島徹. 2012. 「HSP と分子シャペロン 生命を守る驚異のタンパク質」. 講談社, 東京. 13-23 頁.

- Moribe, Y., Niimi, T., Yamashita, O., Yaginuma, T. 2001. *Samui*, a novel cold- inducible gene, encoding a protein with a BAC domein similar to silencer of death domeins (SODD/BAG-4) isolated from *Bombyx* diapause eggs. *Eur. J. Biochem.* 268:3432-3442.
- Nakamura, Y., Mori, K., Saitho, K., Oshima, K., Mekuchi, M., Sugaya, T., Shigenobu, Y., Ojima, N., Muta, S., Fujiwara, A., Yasuike, M., Oohara, I., Hirakawa, H., Chowdhury, V.S., Kobayashi, T., Nakajima, K., Sano, M., Wada, T., Tashiro, K., Ikeo, K., Hattori, M., Kuhara, S., Gojobori, T., Inouye, K. 2013a. Evolutionary changes of multiple visual pigment genes in the complete genome of Pacific Bluefin tuna. *Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.* 110:11061-11066.
- Nakamura, Y., Sasaki, N., Kobatashi, M., Ojima, N., Yasuike, M., Shigenobu, Y., Satomi, M., Fukuma, Y., Shiwaku, K., Tsujimoto, A., Kobayashi, T., Nakamura, I., Ito, F., Nakajima, K., Sano, M., Wada, T., Kuhara, S., Inouye, K., Gojobori, T., Ikeo, K. 2013b. The first symbiont-free genome sequence of marine red alga, Susabi-nori (*Pyropia yezoensis*). *PLos One* 8:e57122.
- 小椋義俊, 林哲也. 2012. 細菌ゲノム. 120-129 頁. 菅野純夫, 鈴木穰監修「細胞工学別冊 次世代シーケンサ 目的別アドバンスメソッド」. 学研メディカル秀潤社, 東京.
- Oh, S.W., Mukhopadhyay, A., Svrikapa, N., Jiang, F., Davis, R.J., Tissenbaum, H.A. 2005. JNK regulates lifespan in *Caenorhabditis elegans* by modulating nuclear translocation of forkhead transcription factor/DAF-16. *Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.* 102:4494-4499.

- Ohmori, F., Kaneko, G., Saito, T., Watabe, S. 2011. A novel growth-promoting protein in the conditioned media from the rotifer *Brachionus plicatilis* at an early exponential growth phase. *Hydrobiologia* 667:101–117.
- 大上皓久. 1977. シオミズツボワムシの摂餌量および増殖率と培養温度との関係. 静岡水試伊豆分場だより 187:2-5.
- 大柳善彦, 井上正康. 2001. 「活性酸素と老化制御」. 共立出版, 東京. 1-43 頁.
- Oo, A.K.S., Kaneko, G., Hirayama, M., Kinoshita, S., Watabe, S. 2010. Identification of genes differentially expressed by calorie restriction in the rotifer (*Brachionus plicatilis*). *J. Comp. Physiol. B* 180:105–116.
- Ozaki, Y., Kaneko, G., Yanagawa, Y., Watabe, S. 2010. Calorie restriction in the rotifer *Brachionus plicatilis* enhances hypoxia tolerance in association with the increased mRNA levels of glycolytic enzymes. *Hydrobiologia* 649:267-277.
- Ozaki, Y., Kaneko, G., Hakuno, F., Takahashi, S., Watabe, S. 2013. Insulin/insulin-like growth factor-like activity in the aqueous extracts of the rotifer *Brachionus plicatilis*. *Fish. Sci.* 79:47-53.
- Panowski, S.H., Wolff, S., Aguilaniu, H., Dillin, A. 2007. PHA-4/Foxa mediates diet-restriction-induced longevity of *C. elegans*. *Nature* 447:550-555.
- Petriv, O.I., Rachubinski, R.A. 2004. Lack of peroxisomal catalase cause a progeric phenotype in *Caenorhabditis elegans*. *J. Biol. Chem.* 279:19996-20001.
- Preston, B.L., Snell, T.W. 2001. Direct and indirect effects of sublethal toxicant exposure on population dynamics of freshwater rotifers: a modeling approach. *Aquat. Toxicol.* 52:87-99.

- Pradervand, S., Weber, J., Lemoine, F., Consales, F., Paillusson, A., Dupasquier, M., Thomas, J., Richter, H., Kaessmann, H., Beaudoin, E., Hagenbüchle, O., Harshman, K. 2010. Concordance among digital gene expression, microarrays, and qPCR when measuring differential expression of microRNAs. *BioTechniques* 48:219-222.
- Przybysz, A.J., Choe, K.P., Roberts, L.J., Strange, K. 2009. Increased age reduces DAF-16 and SKN-1 signaling and the hormetic response of *Caenorhabditis elegans* to the xenobiotic juglone. *Mech. Ageing Dev.* 130: 357–369.
- Qin, J., Huang, Z., Chen, J., Zou, Q., You, W., Ke, C. 2012. Sequencing and *de novo* Analysis of *Crassostrea angulata* (Fujian Oyster) from 8 Different Developing Phases Using 454 GSFlx. *PLoS one* 7:e43653.
- Rattan, S.I.S., Ali, R.E. 2007. Hormetic prevention of molecular damage during cellular aging of human fibroblasts and keratinocytes. *Ann. N.Y. Acad. Sci.* 1100:424-430.
- 酒井一夫. 2006. 低線量放射線に対する生体の応答-ホルミシスと適応応答-. *Yakugaku Zasshi* 126:827-831.
- Selye, H. 1952. The story of the Adaptation Syndrome. Acta Inc., Montreal.
- Shearer, T.L., Snell, T.W. 2007. Transfection of siRNA into *Brachionus plicatilis* (Rotifera). *Hydrobiologia* 593:141–150.
- Snell T.W., Shearer T.L., Smith H.A. 2011. Exposure to dsRNA elicits RNA interference in *Brachionus manjavacas* (Rotifera). *Mar. Biotechnol.* 13:264–274.
- Southam, C.M., Ehrlich, J. 1943. Effects of extract of western red-cedar heartwood on certain wood-decaying fungi in culture. *Phytopathology* 33:517-524.

- Stelzer, C.P. 2011. A first assessment of genome size diversity in Monogonont rotifers. *Hydrobiologia* 662:77-82.
- Stelzer, C.P., Riss, S., Stadler, P. 2011. Genome size evolution at the speciation level: The cryptic species complex *Brachionus plicatilis* (Rotifera). *BMC Evol. Biol.* 11:90.
- Suatoni, E., Vicario, S., Rice, S., Snell, T.W., Caccone, A. 2006. An analysis of species boundaries and biogeographic patterns in a cryptic species complex : The rotifer-*Brachionus plicatilis*. *Mol. Phylogenet. Evol.* 41:86-98.
- Suga, K., Welch, D.M., Tanaka, Y., Sakakura, Y., Hagiwara, A. 2007. Analysis of expressed sequence tags of the cyclically parthenogenetic rotifer *Brachionus plicatilis*. *PLoS One* 2:e671.
- Suga, K., Welch, D.B.M., Tanaka, Y., Sakakura, Y., Hagiwara, A. 2008. Two Circular Chromosomes of Unequal Copy Number Make Up the Mitochondrial Genome of the Rotifer *Brachionus plicatilis*. *Mol. Biol. Evol.* 25:1129-1137.
- Suga, K., Oshiyama, N., Tanaka, Y., Sakakura, Y., Hagiwara, A. 2011. Isolation of mixis-related genes from the rotifer *Brachionus plicatilis* using subtractive hybridization. *Hydrobiologia* 662:83-88.
- 鈴木敬一郎, 谷口直之. 2002. 活性酸素の増減による老化・延命効果. 69-77 頁. 井出利憲編「わかる実験医学シリーズ 老化研究がわかる」. 羊土社, 東京.
- Syntichaki, P., Troulinaki, K., Tavernarakis, N. 2007. eIF4E function in somatic cells modulates ageing in *Caenorhabditis elegans*. *Nature* 445:922-926.

- Takeuchi, T., Kawashima, T., Koyanagi, R., Gyoja, F., Tanaka, M., Ikuta, T., Shoguchi, E., Fujiwara, M., Shinzato, C., Hisata, K., Fujie, M., Usami, T., Nagai, K., Maeyama, K., Okamoto, K., Aoki, H., Ishikawa, T., Masaoka, T., Fujiwara, A., Endo, K., Endo, H., Nagasawa, H., Kinoshita, S., Asakawa, S., Watanabe, S., Satoh, N. 2012. Draft Genome of the Pearl Oyster *Pinctada Fucata*: A Platform for Understanding Bivalve Biology. *DNA Res.* 19:117-130.
- Tanaka, C., Hashimoto, Y., Nakao, S., Yoshinaga, T. 2009. Effect of juglone on the survival time of two *Brachionus* species (Rotifera): species-specific tolerance against oxidative stress. *Fish. Sci.* 75:191-194.
- 田中正明. 2002. 日本淡水産動植物プランクトン図鑑. 名古屋大学出版会, 愛知. 88-91 頁.
- 田中由香里, 阪倉良孝, 中田久, 萩原篤志, 安元進. 2005. マハタ仔魚のワムシサイズに対する摂餌選択性. *Nippon Suisan Gakkaishi* 71:911-916.
- 手塚信弘, 森田哲男. 2013. シオミズツボワムシ(S型)の閉鎖循環式連続培養法の開発. 日本海リサーチ&トピックス 13:11-14.
- 友田努, 小磯雅彦, 桑田博, 陳昭能, 竹内俊郎. 2005. 増殖ステージが異なるシオミズツボワムシのヒラメ仔魚に対する飼料価値. 日水誌 71:555-562.
- 友田努, 小磯雅彦, 桑田博, 陳昭能, 竹内俊郎. 2006. 増殖ステージが異なるワムシを摂餌したヒラメ仔魚の発育と形態異常の出現. 日水誌 72:725-733.
- 上野隆, 木南栄紀. 2000. 第 13 章 タンパク質の死 リソソームにより新たな再生に向けて. 181-195 頁. 中野明彦, 遠藤斗志也/日本生化学会編「タンパク質の一生 – タンパク質の誕生, 成熟から死まで」. 共立出版, 東京.

- Vanderslice, P., Ballinger, S.M., Tam, E.K., Goldstein, S.M., Craik, C.S., Caughey, G.H. 1990. Human mast cell tryptase: multiple cDNAs and genes reveal a multigene serine protease family. *Proc. Natl. Acad. Sci. U S A* 87:3811-3815.
- Van Raamsdonk, J.M., Hekimi, S. 2009. Deletion of the mitochondrial superoxide sod-2 extends lifespan in *Caenorhabditis elegans*. *PLoS Genet.* 5:e1000361.
- Vellai, T., Takacs-Vellai, K., Zhang, Y., Kovacs, A.L., Orosz, L., Müller, F. 2003. Genetics: Influence of TOR kinase on lifespan in *C. elegans*. *Nature* 426:620.
- Voet, D., Voet, J.G. 2005. ヴォート生化学（下） 第3版（田宮信雄，村松正実，八木達彦，吉田浩，遠藤斗志也訳）。東京化学同人，東京。773-829 頁。
- Wang, Y., Tissenbaum, H.A. 2006. Overlapping and distinct functions for a *Caenorhabditis elegans* SIR2 and DAF-16/FOXO. *Mech. Ageing Dev.* 127:48-56.
- Welch, D.B.M., Meselson, M. 1998. Measurements of the genome size of the monogonont rotifer *Brachionus plicatilis* and of the bdelloid rotifers *Philodina roseola* and *Habrotrocha constricta*. *Hydrobiologia* 387/388:395-402.
- Welch, D.B.M., Meselson, M. 2000. Evidence for the evolution of bdelloid rotifers without sexual reproduction or genetic exchange. *Science* 288:1211-1215.
- Welch, D.B.M., Meselson, M. 2001. Rates of nucleotide substitution in sexual and anciently asexual rotifers. *Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.* 98:6720-6724.
- Wullur, S., Sakakura, Y., Hagiwara, A. 2009. The minute monogonont rotifer *Proales similis* de Beauchamp: Culture and feeding to small mouth marine fish larvae. *Aquaculture* 293:62-67.

- Wullur, S., Sakakura, Y., Hagiwara, A. 2011. Application of the minute monogonont rotifer *proales similis* de Beauchamp in larval rearing of seven-band grouper *Epinephelus septemfasciatus*. *Aquaculture* 315:355-360.
- Wolff, S., Ma, H., Burch, D., Maciel, G.A., Hunter, T., Dillin, A. 2006. SMK-1, an essential regulator of DAF-16-mediated longevity. *Cell* 124:1039-1053.
- 山崎繁久, 平田八郎. 1986. L 型及び S 型シオミズツボワムシの摂餌率. 水産増殖 34, 137-140.
- Yamasaki, S., Secor, D.H., Hirata, H. 1987. Population growth of two types of rotifer (L and S) *Brachionus plicatilis* at different dissolved oxygen levels. *Nippon Suisan Gakkaishi* 53:1303.
- Yanase, S., Yasuda, K., Ishii, N. 2002. Adaptive responses to oxidative damage in three mutants of *Caenorhabditis elegans* (age-1, mev-1 and daf-16) that affect life span. *Mech. Ageing Dev.* 123:1579-1587.
- Yang, W., Li, J., Hekimi, S. 2007. A measurable increase in oxidative damage due to reduction in superoxide detoxification fails to shorten the life span of long-lived mitochondrial mutants of *Caenorhabditis elegans*. *Genetics* 177:2063-2074.
- 吉川敏一, 河野雅弘, 野原一子. 2000. 「活性酸素・フリーラジカルのすべて —健康から環境汚染まで—」. 丸善出版, 東京. 85-92 頁.
- Yoshimatsu, T., Higuchi, T., Zhang, D., Forthés, N.R., Tanaka, K., Yoshimura, K. 2006. Effect of dietary cobalt supplementation on the population growth of rotifer *Brachionus rotundiformis*. *Fish. Sci.* 72:214-216.

- Yoshimura, K., Usuki, K., Yoshimatsu, T., Kitajima, C., Hagiwara, A. 1997. Recent development of a high density mass culture system for the rotifer *Brachionus rotundiformis* Tschugunoff. *Hydrobiologia* 358:139-144.
- Yoshinaga, T., Hagiwara, A., Tsukamoto, K. 1999. Effect of conditioned media on the asexual reproduction of the monogonont rotifer *Brachionus plicatilis* O. F. Müller. *Hydrobiologia* 412:103–110.
- Yoshinaga, T., Hagiwara, A., Tsukamoto, K. 2000. Effect of periodical starvation on the life history of *Brachionus plicatilis* O. F. Müller (Rotifer): a possible strategy for population stability. *J. Exp. Mar. Bio. Ecol.* 253:253-260.
- Yoshinaga, T., Hagiwara, A., Tsukamoto, K. 2001a. Effect of periodical starvation on the survival of offspring in the rotifer *Brachionus plicatilis*. *Fish. Sci.* 67:373–374.
- Yoshinaga, T., Hagiwara, A., Tsukamoto, K. 2001b. Why do rotifer populations present a typical sigmoid growth curve? *Hydrobiologia* 446(447):99–105.
- Yoshinaga, T., Hagiwara, A., Tsukamoto, K. 2003. Life history response and age-specific tolerance to starvation in *Brachionus plicatilis* O. F. Müller (Rotifera). *J. Exp. Mar. Bio. Ecol.* 287:261-271.
- Yoshinaga, T., Minegishi, Y., Rumengan, I.F.M., Kaneko, G., Furukawa, S., Yanagawa, Y., Tsukamoto, K., Watabe, S. 2004. Molecular phylogeny of the rotifers with two Indonesian *Brachionus* lineages. *Coast. Mar. Sci.* 29:45-56.
- Yoshinaga, T., Kaneko, G., Kinoshita, S., Furukawa, S., Tsukamoto, K., Watabe, S. 2005. Insulin-like growth factor signaling pathway involved in regulating longevity of rotifers. *Hydrobiologia* 546:347–352.

- Yoshinaga, T., Tanaka, C., Yasuda, H. 2008. Monitoring of the physiological status as the heat stress tolerance in the rotifer: a novel test for health diagnosis and ecological monitoring. *Coast.Mar.Sci.* 32: 30–32.
- 吉永龍起. 2010. 生活史. 12-18 頁. 塚本勝巳編「魚類生態学の基礎」. 恒星社厚生閣, 東京.
- 良永知義. 2009. 資源の増殖. 111-119 頁. 会田勝美編「水圏生物科学入門」. 恒星社厚生閣, 東京.
- Yu, J.P., Hino, A., Hirano, R., Hirayama, K. 1988. Vitamine B₁₂-producing bacteria as a nutritive complement for a culture of the rotifer *Brachionus plicatilis*. *Nippon Suisan Gakkaishi* 54:1873-1880.
- Yúfera, M., Navarro, N. 1995. Population growth dynamics of the rotifer *Brachionus plicatilis* cultured in non-limiting food condition. *Hydrobiologia* 313/314:399-405.
- Zeitoun-Ghandour, S., Leszczyszyn, O.I., Blindauer, C.A., Geier, F.M., Bundy, J.G., Stürzenbaum, S.R. 2011. *C. elegans* metallothioneins: response to and defence against ROS toxicity. *Mol. Biosyst.* 7:2397-2406.
- Zelko, I.N., Mariani, T.J., Folz, R.J. 2002. Superoxide dismutase multigene family: a comparison of the CuZn-SOD (SOD1), Mn-SOD (SOD2), and EC-SOD (SOD3) gene structures, evolution, and expression. *Free Radic. Biol. Med.* 33:337-349.

Zhang, G., Fang, X., Li, L., Luo, R., Xu, F., Yang, P., Zang, L., Wang, X., Qi, H., Xiong, Z., Que, H., Xie, Y., Holland, P.W.H., Paps, J., Zhu, Y., Wu, F., Chen, Y., Wang, J., Peng, C., Meng, J., Yang, L., Liu, J., Wen, B., Zang, N., Huang, Z., Zhu, Q., Feng, Y., Mount, A., Hedgecock, D., Xu, Z., Liu, Y., Domazet-Loso, T., Du, Y., Sun, X., Zhang, S., Liu, B., Cheng, P., Jiang, X., Li, J., Fan, D., Wang, W., Fu, W., Wang, T., Wang, B., Zhang, J., Peng, Z., Li, Y., Li, N., Wang, J., Chen, M., He, Y., Tan, F., Song, X., Zheng, Q., Huang, R., Yang, H., Du, X., Chen, L., Yang, M., Graffney, P.M., Wang, S., Luo, L., She, Z., Ming, Y., Huang, W., Zhang, S., Huang, B., Zhang, Y., Qu, T., Ni, P., Maio, G., Wang, J., Wang, Q., Steinberg, C.E.W., Wang, H., Li, N., Qian, L., Zhang, G., Li, Y., Yang, H., Liu, X., Wang, J., Yin, Y., Wang, J. 2012. The oyster genome reveals stress adaptation and complexity of shell formation. *Nature* 490:49-54.

Zhang, Y., Xu, J., Puscau, C., Kim, Y., Wang, X., Alam, H., Hu, P.J. 2008. *Caenorhabditis elegans* EAK-3 inhibits dauer arrest via nonautonomous regulation of nuclear DAF-16/FoxO activity. *Dev. Biol.* 315:290-302.

Zhang, Y., Jiang, R., Wu, H., Liu, P., Xie, J., He, Y., Pang, H. 2012. Next-generation sequencing-based transcriptome analysis of *Cryptolaemus montrouzieri* under insecticide stress reveals resistance-relevant genes in ladybirds. *Genomics* 100:35-41.

Zhou, K.I., Pincus, Z., Slack, F.J. 2011. Longevity and stress in *Caenorhabditis elegans*. *Aging* 3:1-21.

図表

表

第 2 章

表 2-1. 各実験に用いたシオミズツボウムシ *Brachionus plicatilis* sp. complex の一覧

表 2-2. 第 2 章で用いた培地の組成

表 2-3. 第 2 章で用いたプライマの配列

第 4 章

表 4-1. 第 4 章で用いたアダプタおよびプライマの配列

表 4-2. センチュウ *Caenorhabditis elegans* の老化関連遺伝子

表 4-3. Hiseq2000 および GS FLX+で得られた配列の *de novo* アセンブリ

表 4-4. リファレンスデータセット

表 4-5. リファレンスデータセットの BLASTX 検索

表 4-6. 飽食区でのみ発現が認められたコンティグ

表 4-7. 飽食区で発現量が変化したコンティグ

表 4-8. 給餌制限区で発現量が変化したコンティグ

図

第 2 章

図 2-1. 生理状態の異なる個体のユグロン耐性の比較のための培養の給餌条件

図 2-2. 実験のデザイン

図 2-3. エタノール (a) および DMSO (b) 中でのシオミズツボウムシ *Brachionus plicatilis* sp. complex の生存時間

図 2-4. ユグロン投与下におけるシオミズツボウムシ *B. plicatilis* sp. complex 石川

株 (L 型) および JS 株 (S 型) の生存時間

図 2-5. パラコート投与下におけるシオミズツボウムシ *B. plicatilis* sp. complex の

生存時間

図 2-6. 生理状態の異なる個体群のユグロン耐性の比較

図 2-7. 20 μ M のユグロンにさらしたときのシオミズツボウムシ *B. plicatilis* sp.

complex 石川株 (L 型) および JS 株 (S 型)の生存時間の比較

図 2-8. 軽度のユグロン処理後の回復時間がシオミズツボウムシ *B. plicatilis* sp.

complex 石川株の致死的な 20 μ M ユグロン処理下の生存時間に及ぼす影響

図 2-9. 軽度のユグロン処理後の回復時間がシオミズツボウムシ *B. plicatilis* sp.

complex JS 株の致死的な 20 μ M ユグロン処理下の生存時間に及ぼす影響

図 2-10. ユグロン処理で発現が増加した候補遺伝子の塩基配列と演繹アミノ酸配

列 (1)

図 2-11. ユグロン処理で発現が増加した候補遺伝子の塩基配列と演繹アミノ酸配

列 (2)

図 2-12. ユグロン処理で発現が増加した候補遺伝子の塩基配列と演繹アミノ酸配

列 (3)

図 2-13. タンパク質の発現量の変化とストレス耐性の向上のモデル

第 3 章

図 3-1. 本研究で用いた培養装置

図 3-2. 各実験区の給餌条件と給餌量

図 3-3. 給餌制限区および飽食区の平均個体密度の変化

図 3-4. 平均携卵数の変化

図 3-5. 携卵個体の占める割合の変化

図 3-6. 給餌条件がユグロン処理下のシオミズツボワムシ *B. plicatilis* sp. complex の
生残に及ぼす影響（培養 1 回目）

図 3-7. 給餌条件がユグロン処理下のシオミズツボワムシ *B. plicatilis* sp. complex の
生残に及ぼす影響（培養 2 回目）

図 3-8. 給餌条件がユグロン処理下のシオミズツボワムシ *B. plicatilis* sp. complex の
生残に及ぼす影響（培養 3 回目）

図 3-9. 制限-飽食区の平均個体密度の変化

図 3-10. 培養期間中の水温の変化

第 4 章

図 4-1. リファレンスとなるデータセットの検討

図 4-2. リファレンスデータセットのヒストグラム

図 4-3. センチュウ *eat-2* 遺伝子のアミノ酸配列と同一性を示したコンティグの塩
基配列と演繹アミノ酸配列

図 4-4. センチュウ *daf-2* 遺伝子のアミノ酸配列と同一性を示したコンティグの塩
基配列と演繹アミノ酸配列

図 4-5. センチュウ *age-1* 遺伝子のアミノ酸配列と同一性を示したコンティグの塩
基配列と演繹アミノ酸配列

図 4-6. センチュウ *daf-18* 遺伝子のアミノ酸配列と同一性を示したコンティグの塩

基配列と演繹アミノ酸配列

図 4-7. センチュウ *vab-1* 遺伝子のアミノ酸配列と同一性を示したコンティグの塩

基配列と演繹アミノ酸配列

図 4-8. センチュウ *daf-16* 遺伝子のアミノ酸配列と同一性を示したコンティグの塩

基配列と演繹アミノ酸配列

図 4-9. センチュウ *sir-2.1* 遺伝子のアミノ酸配列と同一性を示したコンティグの塩

基配列と演繹アミノ酸配列

図 4-10. センチュウ *jnk-1* 遺伝子のアミノ酸配列と同一性を示したコンティグの塩

基配列と演繹アミノ酸配列

図 4-11. センチュウ *hsf-1* 遺伝子のアミノ酸配列と同一性を示したコンティグの塩

基配列と演繹アミノ酸配列

図 4-12. センチュウ *smg-1* 遺伝子のアミノ酸配列と同一性を示したコンティグの塩

基配列と演繹アミノ酸配列

図 4-13. センチュウ *let-363* 遺伝子のアミノ酸配列と同一性を示したコンティグの

塩基配列と演繹アミノ酸配列

図 4-14. センチュウ *ife-2* 遺伝子のアミノ酸配列と同一性を示したコンティグの塩

基配列と演繹アミノ酸配列

図 4-15. センチュウ *bec-1* 遺伝子のアミノ酸配列と同一性を示したコンティグの塩

基配列と演繹アミノ酸配列

図 4-16. センチュウ *lrs-2* 遺伝子のアミノ酸配列と同一性を示したコンティグの塩

基配列と演繹アミノ酸配列

図 4-17. センチュウ *cchl-1* 遺伝子のアミノ酸配列と同一性を示したコンティグの

塩基配列と演繹アミノ酸配列

図 4-18. センチュウ *sod-1* 遺伝子のアミノ酸配列と同一性を示したコンティグの塩

基配列と演繹アミノ酸配列

図 4-19. センチュウ *ctl-2* 遺伝子のアミノ酸配列と同一性を示したコンティグの塩

基配列と演繹アミノ酸配列

図 4-20. センチュウ *gss-1* 遺伝子のアミノ酸配列と同一性を示したコンティグの塩

基配列と演繹アミノ酸配列

図 4-21. センチュウ *cbs-2* 遺伝子のアミノ酸配列と同一性を示したコンティグの塩

基配列と演繹アミノ酸配列

図 4-22. センチュウ *cgl-2* 遺伝子のアミノ酸配列と同一性を示したコンティグの塩

基配列と演繹アミノ酸配列

図 4-23. センチュウ *gcs-1* 遺伝子のアミノ酸配列と同一性を示したコンティグの塩

基配列と演繹アミノ酸配列

図 4-24. センチュウ Asparagine synthetase 遺伝子のアミノ酸配列と同一性を示した

コンティグの塩基配列と演繹アミノ酸配列

図 4-25. センチュウ *ckb-2* 遺伝子のアミノ酸配列と同一性を示したコンティグの塩

基配列と演繹アミノ酸

図 4-26. センチュウ *gst-30* 遺伝子のアミノ酸配列と同一性を示したコンティグの

塩基配列と演繹アミノ酸配列

図 4-27. センチュウ *mpk-1* 遺伝子のアミノ酸配列と同一性を示したコンティグの

塩基配列と演繹アミノ酸配列

図 4-28. センチュウ *pha-4* 遺伝子のアミノ酸配列と同一性を示したコンティグの塩

基配列と演繹アミノ酸配列

図 4-29. センチュウ *C. elegans* の配列と同一性を示したコンティグのボルケーノプ

ロット上での位置

図 4-30. マッピングの結果

図 4-31. ボルケーノプロットによるコンティグの倍率変化と信頼度の関係

図 4-32. グルタチオンの合成経路

図 4-33. ユグロンに対する応答機構

第 5 章

図 5-1. ストレスの度合と生物への影響

図 5-2. 大量培養の現場でのユグロン耐性を指標とした予知法の方法案

表2-1. 各実験に用いたシオミズツボワムシ*Brachionus plicatilis* sp. complexの一覧

| | L型ワムシ 石川株 | S型ワムシ ジャワ産小型 (JS) 株 | S型ワムシ 八重山株 |
|---------------------------------|-----------|------------------------|------------|
| ユグロンの溶媒の検討 (第2章) | ○ | | |
| ユグロンの致死濃度の検討 (第2章) | ○ | ○ | |
| パラコート の致死濃度の検討 (第2章) | | | ○ |
| 生理状態の異なる個体の ユグロン耐性の比較 (第2章) | | | ○ |
| ユグロンに対する応答機構の 存在の検証 (第2章) | ○ | ○ | |
| ユグロンストレス応答に関わる 遺伝子群の探索 (第2章) | ○ | | |
| ワムシの増殖不調の予知法の開発 (第3章) | | | ○ |
| ユグロン耐性に関わる 遺伝子群の探索 (第4章) | | | ○ |

表2-2. 第2章で用いた培地の組成

| 培地名 | 組成 | 販売元※ |
|--------|--------------------------------|------|
| 固相LB培地 | 1% (w/v) Bacto Tryptone | 1 |
| | 0.5% (w/v) Bacto Yeast Extract | 1 |
| | 1.5% (w/v) 培地用寒天・BA-30 | 2 |
| | 1% (w/v) 塩化ナトリウム | 3 |
| | 50 µg/mL カルベニシリンナトリウム | 3 |
| | 0.5 mM IPTG | 4 |
| | 40 µg/mL X-Gal | 4 |
| 液体LB培地 | 1% (w/v) Bacto Tryptone | 1 |
| | 0.5% (w/v) Bacto Yeast Extract | 1 |
| | 1% (w/v) 塩化ナトリウム | 3 |
| | 50 µg/mL カルベニシリンナトリウム | 3 |

※ 1：日本ベクトン・ディッキンソン株式会社

2：フナコシ株式会社

3：和光純薬工業株式会社

4：プロメガ株式会社

表2-3. 第2章で用いたプライマの配列

| 名称 | 配列 (5' - 3') |
|-------|----------------------------|
| M13P7 | CGCCAGGGTTTTCCCAGTCACGAC |
| M13P8 | AGCGGATAACAATTTACACAGGAAAC |
| SP6 | ATTTAGGTGACACTATAGAA |
| T7 | ATTATGCTGAGTGATATCCC |

表4-1. 第4章で用いたアダプタおよびプライマの配列

| 名称 | 配列 (5' - 3') ※ |
|--|--|
| アダプタ | |
| AIR custom adenylated linker (DmRNA-seq SE 3' Oligo) | App/ATCTCGTATGCCGTCTTCTGCTTG/idT |
| DmRNA-SE-5'Oligo | GUUCAGAGUUCUACAGUCCGACGAUCGAAA |
| プライマ | |
| DmRNA-SE-RT/REV | CAAGCAGAAGACGGCATACGA |
| DmRNA-SE-FWD | AATGATACGGCGACCACCGACAGGTTTCAGAGTTCTA CAGTCCGA |
| Sequencing primer 1 | CGACAGGTTTCAGAGTTCTACAGTCCGACGATCGAAA |

※ App : アデニル化修飾

idT : idT修飾

表 4-2. センチュウ *Caenorhabditis elegans* の老化関連遺伝子

| 遺伝子 | ホモログ | 引用文献 | 同一性のあるコン ティグの有無 | センチュウの演 繹アミノ酸配列 との同一性 (e-value) |
|----------------|--|-------------------------|--------------------|--|
| <i>eat-2</i> | non-alpha-subunits of nicotinic acetylcholine receptor (nAChR) | Houthoofd et al. (2002) | 2 | 2.81819E-76 |
| <i>pep-2</i> | oligopeptide transporter | Meissner et al. (2004) | 1 | 3.3594E-75 |
| <i>daf-2</i> | mammalian insulin and insulin growth factor (IGF-1) receptors | Kenyon et al. (1993) | 2 | 1.0867E-65 |
| <i>age-1</i> | p11, catalytic subunit of human phosphatidylinositol 3-kinase (PI3K) | Lithgow et al. (1995) | 2 | 1.20216E-44 |
| <i>akt-1</i> | mammalian S/T kinase Akt/PKB | Zhang et al. (2008) | 1 | 3.21176E-95 |
| <i>sgk-1</i> | serum- and glucocorticoid-inducible kinase SGK | Hertweck et al. (2004) | 1 | 2.21765E-84 |
| <i>daf-18</i> | human tumor suppressor PTEN | Larsen et al. (1995) | 2 | 9.23008E-33 |
| <i>vab-1</i> | Eph receptor tyrosine kinase | Brisbin et al. (2009) | 2 | 1.4518E-103 |
| <i>daf-16</i> | Forkhead box proteins class O (FOXO) | Hsu et al. (2003) | 2 | 1.57466E-43 |
| <i>sir-2.1</i> | yeast Sir2, mammalian SIRT | Wang et al. (2006) | 2 | 7.09263E-45 |
| <i>jnk-1</i> | mammalian c-Jun N-terminal kinase (JNK) | Oh et al. (2005) | 2 | 0 |
| <i>lin-14</i> | (putative transcription factor) | Boehm et al. (2005) | 0 | |
| <i>hsf-1</i> | heat-shock transcription factor | Hsu et al. (2003) | 2 | 5.51499E-36 |
| <i>smk-1</i> | mammalian suppressor of MEK1 null (SMEK) | Wolff et al. (2006) | 1 | 3.5319E-140 |
| <i>hcf-1</i> | mammalian host cell factor 1 (HCF-1) | Li et al. (2008) | 1 | 2.1741E-124 |

2：同一性のあるコンティグがあり，blastx 検索の結果，同一のものと判断したもの

1：同一性のあるコンティグがあるものの，blastx 検索の結果，同一のものと判断できなかったもの

0：同一性のあるコンティグがなかったもの

表 4-2. の続き

| 遺伝子 | ホモログ | 引用文献 | 同一性のあるコン ティグの有無 | センチュウの演 繹アミノ酸配列 との同一性 (e-value) |
|----------------|--|------------------------------------|--------------------|--|
| <i>cep-1</i> | tumor suppressor p53 | Arum and Johnson (2007) | 0 | |
| <i>smg-1</i> | S/T kinase in nonsense mediated mRNA decay | Masse <i>et al.</i> (2008) | 2 | 1.2573E-131 |
| <i>skn-1</i> | transcription factor | An and Blackwell (2003) | 1 | 1.64976E-16 |
| <i>let-363</i> | S/T kinase target of rapamycin (TOR) | Vellai <i>et al.</i> (2003) | 2 | 0 |
| <i>daf-15</i> | Regulated Associated Protein of TOR (Raptor) | Jia <i>et al.</i> (2004) | 1 | 3.1208E-05 |
| <i>ife-2</i> | eukaryotic initiation factor 4E (eIF4E) | Syntichaki <i>et al.</i> (2007) | 2 | 6.42347E-37 |
| <i>bec-1</i> | yeast and mammalian autophagy genes Apg6/Vps30p/beclin1 | Melendez <i>et al.</i> (2003) | 2 | 6.46164E-39 |
| <i>isp-1</i> | iron sulfur protein of complex III in ETC | Feng <i>et al.</i> (2001) | 1 | 9.1794E-59 |
| <i>lrs-2</i> | mitochondrial leucyl-tRNA synthetase | Lee <i>et al.</i> (2003) | 2 | 2.67446E-46 |
| <i>clk-1</i> | hydroxylase for ubiquinone synthesis | Lakowski and Hekimi (1996) | 0 | |
| <i>mev-1</i> | subunit of complex II | Brisbin <i>et al.</i> (2009) | 1 | 1.38462E-19 |
| <i>cchl-1</i> | cytochrome c heme lyase | Lee <i>et al.</i> (2003) | 2 | 2.10954E-62 |
| <i>sod-1</i> | cytosolic Cu/ZnSOD | Yang <i>et al.</i> (2007) | 2 | 5.78757E-63 |
| <i>sod-2</i> | mitochondrial MnSOD | Van Raamsdonk and Hekimi (2009) | 1 | 6.23087E-28 |
| <i>ctl-2</i> | catalase | Petriv and Rachubinski (2004) | 2 | 2.22368E-66 |

表 4-2. の続き

| 遺伝子 | ホモログ | 引用文献 | 同一性のあるコンティグの有無 | センチュウの演繹アミノ酸配列との同一性 (e-value) |
|------------------------------|---|---------------------------------------|----------------|-------------------------------|
| <i>glp-1</i> | Notch family receptors (N-glycosylated transmembrane protein) | Arantes-Oliveira <i>et al.</i> (2002) | 1 | 3.94463E-13 |
| <i>mes-1</i> | receptor tyrosine kinase | Arantes-Oliveira <i>et al.</i> (2002) | 1 | 4.93436E-13 |
| <i>gss-1</i> | glutathione synthase | Kuwabara and O'Neil (2001) | 2 | 1.12249E-80 |
| <i>cbs-2</i> | cystathionine beta-synthase | Kuwabara and O'Neil (2001) | 2 | 1.24895E-84 |
| <i>cth-2</i> | Cystathionine gamma-lyase | Mckay <i>et al.</i> (2003) | 2 | 3.51432E-70 |
| <i>gcs-1</i> | Gamma-glutamylcysteine synthetase | An and Blackwell (2003) | 2 | 8.9591E-159 |
| <i>Asparagine synthetase</i> | Asparagine synthetase | Przybysz <i>et al.</i> (2010) | 2 | 2.43754E-35 |
| <i>ckb-2</i> | Choline kinase | Przybysz <i>et al.</i> (2010) | 2 | 5.9064E-33 |
| <i>gst-30</i> | Glutathione S-transferase | Przybysz <i>et al.</i> (2010) | 2 | 1.00493E-35 |
| <i>hmit-1.1</i> | Proton-dependent myo-inositol transporter | Przybysz <i>et al.</i> (2010) | 1 | 6.55424E-15 |
| <i>Y4C6B.2</i> | Amino acid transporter | Przybysz <i>et al.</i> (2010) | 1 | 3.90492E-61 |
| <i>ZK742.4</i> | NADH:flavin oxidoreductase | Przybysz <i>et al.</i> (2010) | 0 | |
| <i>mpk-1</i> | mitogen-activated protein (MAP) kinase an ERK | Lackner <i>et al.</i> (1994) | 2 | 2.4928E-165 |
| <i>pha-4</i> | FoxA transcription factor | Panowski <i>et al.</i> (2007) | 2 | 7.06849E-59 |

表4-3. Hiseq2000およびGS FLX+で得られた配列の*de novo* アセンブリ

| | Hiseq2000 | | | | GS FLX+ | |
|-----------------------------|-------------|-------------|-------------|-------------|------------|---------|
| | 給餌制限区-1 | 飽食区-1 | 給餌制限区-2 | 飽食区-2 | 給餌制限区-2 | 飽食区-2 |
| トリミング前 | | | | | | |
| リード数 | 114,218,375 | 124,171,401 | 180,224,843 | 127,537,803 | 519,387 | 451,505 |
| 平均長 (bp) | 97.4 | 98.1 | 96.4 | 97 | 416.7 | 402.7 |
| トリミング後 | | | | | | |
| リード数 | 111,550,685 | 121,912,990 | 176,432,615 | 124,245,063 | 501,118 | 433,364 |
| 平均長 (bp) | 91.8 | 92.7 | 87.8 | 90.7 | 333.9 | 325.7 |
| <i>de novo</i> アセンブリ | | | | | | |
| コンティグ数 | 187,321 | | | | 26,344 | |
| 平均長 (bp) | 329 | | | | 657 | |
| 全塩基長 (bp) | 61,646,609 | | | | 17,321,541 | |
| N50 | 317 | | | | 797 | |
| 最大長 (bp) | 10,034 | | | | 7,342 | |
| 最小長 (bp) | 27 | | | | 34 | |
| ハイブリット アセンブリ | | | | | | |
| コンティグ数 | 26,112 | | | | | |
| 平均長 (bp) | 958 | | | | | |
| 全塩基長 (bp) | 25,034,167 | | | | | |
| N50 | 1,325 | | | | | |
| 最大長 (bp) | 13,445 | | | | | |
| 最小長 (bp) | 34 | | | | | |

表4-4. リファレンスデータセット

| | 暫定データセット | コンティグデータセット |
|-----------|------------|-------------|
| コンティグ数 | 98,437 | 34,914 |
| 平均長 (bp) | 473 | 891.4 |
| 全塩基長 (bp) | 46,563,451 | 31,122,950 |
| N50 | 625 | 1,107 |
| 最大長 (bp) | 13,445 | 13,445 |
| 最小長 (bp) | 34 | 350 |

表4-5. リファレンスデータセットのBLASTX検索

| | コンティグ数 |
|--------------------|--------|
| 全コンティグ | 34,914 |
| アノテーション情報のついたコンティグ | 19,835 |
| ヒットしなかったコンティグ | 15,079 |

表4-6. 飽食区でのみ発現が認められたコンティグ

| コンティグ名 | e-value | Accession | Description |
|--|-------------|---------------|---|
| s_3_sequence_trimmed_contig_142400 | 7.6746E-124 | EFN58077 | hypothetical protein CHLNCDRAFT_56045 [Chlorella variabilis] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_37353 | 7.59299E-96 | EFN58023 | 40S ribosomal protein S18 [Chlorella variabilis] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_173494 | 4.1176E-64 | EFN58366 | hypothetical protein CHLNCDRAFT_20549 [Chlorella variabilis] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_166017 | 3.37216E-87 | EFN51602 | hypothetical protein CHLNCDRAFT_56382 [Chlorella variabilis] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_7578 | 2.3224E-90 | EFN56456 | hypothetical protein CHLNCDRAFT_59661 [Chlorella variabilis] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_16703 | 1.56449E-53 | EFN57963 | heat shock protein 70 [Chlorella variabilis] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_37946 | 1.773E-62 | EFN57638 | hypothetical protein CHLNCDRAFT_59621 [Chlorella variabilis] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_16598 | 5.47668E-90 | EFN51038 | hypothetical protein CHLNCDRAFT_37575 [Chlorella variabilis] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_contig_3715 | 1.29388E-92 | EFN55986 | hypothetical protein CHLNCDRAFT_30965 [Chlorella variabilis] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_16665 | 8.38522E-70 | EFN57430 | 40S ribosomal protein S15 [Chlorella variabilis] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_contig_676 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_contig_2099 | 9.9396E-67 | XP_002589347 | hypothetical protein BRAFLDRAFT_279923 [Branchiostoma floridae] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_143556 | 1.65808E-08 | XP_002157072 | PREDICTED: hypothetical protein [Hydra magnipapillata] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_contig_13703 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_contig_18338 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_contig_17300 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_contig_13415 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_contig_25370 | 7.12876E-41 | AAC72962 | unknown [Homo sapiens] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_contig_21413 | 1.92558E-52 | BAC00864 | heat shock protein 70 [Brachionus plicatilis] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_contig_12771 | 4.24927E-09 | XP_001940802 | von Willebrand factor [Pyrenophora tritici-repentis Pt-1C-BFP] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_contig_14470 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_124236 | 1.65997E-23 | ABC67746 | beta-actin [Anthopleura elegantissima] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_contig_5910 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_contig_112 | 0 | not available | |

表4-7. 飽食区で発現量が変化したコンティグ

| コンティグ名 | log2(飽食区_平均_RPKM / 餓制限区_平均_RPKM) | -log10(t-test_p-value) | e-value | Accession | Description |
|--|----------------------------------|------------------------|-----------|---------------|---|
| s_3_sequence_trimmed_contig_6284 | 6.4673513 | 1.7115446 | 6.00E-75 | AFG26344 | elongation factor-1 alpha, partial [Conidiobolus sp. YN-2012b] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_16572 | 5.4821757 | 1.4060441 | 4.00E-109 | ABF97261 | 40S ribosomal protein S3, putative, expressed [Oryza sativa Japonica Group] |
| contig_sequences_from_LSI400_trimmed_de_novo_assembly_contig_18675 | 3.9518417 | 1.3297261 | 6.00E-161 | NP_001121727 | methylenetetrahydrofolate reductase [Danio rerio] |
| contig_sequences_from_LSI400_trimmed_de_novo_assembly_contig_20272 | 3.6374354 | 2.2665092 | 1.00E-38 | NP_001011685 | methylenetetrahydrofolate reductase [Bos taurus] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_175691 | 3.3657632 | 1.6002127 | 7.00E-10 | EGI58365 | UNC93-like protein [Acromyrmex echinator] |
| contig_sequences_from_LSI400_trimmed_de_novo_assembly_contig_2675 | 3.253537 | 2.0075154 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LSI400_trimmed_de_novo_assembly_contig_2277 | 3.2488967 | 1.6942542 | 9.37E-27 | XP_002435565 | mitogen-activated protein kinase kinase MKK4, putative [Ixodes scapularis] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_26230 | 3.1925751 | 1.4413781 | 7.63E-11 | YP_003600535 | hypothetical protein LCRIS_00063 [Lactobacillus crispatus ST1] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_143897 | 3.1480406 | 1.4565418 | 2.00E-07 | WP_019991304 | 4-hydroxytetrahydrobiopterin dehydratase [Rudanella lutea] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_51861 | 3.1464118 | 1.6828811 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LSI400_trimmed_de_novo_assembly_contig_20286 | 3.1168977 | 1.4231948 | 2.09E-52 | WP_009720840 | CobW/P47K family protein [Streptomyces himastatinicus] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_165965 | 2.5682714 | 1.8050108 | 6.00E-15 | NP_001167350 | phosphoethanolamine N-methyltransferase 3 [Salmo salar] |
| HMP1RHD01_(single)_trimmed_contig_10356 | 2.5398933 | 1.3642469 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LSI400_trimmed_de_novo_assembly_contig_2876 | 2.4767554 | 1.6314922 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LSI400_trimmed_de_novo_assembly_contig_11710 | 2.4603021 | 1.3427728 | 0 | not available | |
| HMP1RHD01_(single)_trimmed_contig_3404 | 2.4541752 | 1.4830198 | 5.47E-31 | XP_001901095 | Adenosylhomocysteinase [Brugia malayi] |
| HMP1RHD01_(single)_trimmed_contig_17788 | 2.4538003 | 1.3100061 | 1.00E-175 | NP_954688 | adenosylhomocysteinase [Danio rerio] |
| contig_sequences_from_LSI400_trimmed_de_novo_assembly_contig_2490 | 2.4419112 | 2.7795778 | 4.22E-62 | AFQ62002 | 5,10-methylenetetrahydrofolate reductase isoform 2 [Homo sapiens] |
| contig_sequences_from_LSI400_trimmed_de_novo_assembly_contig_8569 | 2.4086179 | 1.4420471 | 1.00E-31 | EKC36785 | Transmembrane protein 63B [Crassostrea gigas] |
| contig_sequences_from_LSI400_trimmed_de_novo_assembly_contig_19615 | 2.3852321 | 1.4628863 | 4.47E-08 | AAI35513 | LOC100124841 protein [Xenopus (Silurana) tropicalis] |
| HMP1RHD01_(single)_trimmed_contig_4841 | 2.2955776 | 1.5194455 | 3.00E-113 | NP_001096276 | phosphoethanolamine methyltransferase [Xenopus (Silurana) tropicalis] |
| contig_sequences_from_LSI400_trimmed_de_novo_assembly_contig_17313 | 2.1665175 | 1.8575833 | 4.00E-42 | EKC17215 | Zinc transporter ZIP12 [Crassostrea gigas] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_57809 | 2.0014334 | 2.991286 | 7.07E-11 | AGO87582 | homocysteine hydrolase, partial [Barnettozyma salicaria] |
| contig_sequences_from_LSI400_trimmed_de_novo_assembly_contig_6563 | 1.9006126 | 1.5015851 | 1.32E-18 | ABG74349 | heat shock protein [Bursaphelenchus xylophilus] |
| contig_sequences_from_LSI400_trimmed_de_novo_assembly_contig_8146 | 1.8446599 | 1.6517378 | 7.00E-104 | EKC40043 | Phosphatidylserine synthase 2 [Crassostrea gigas] |
| HMP1RHD01_(single)_trimmed_contig_12597 | 1.8389449 | 2.063454 | 0.00E+00 | NP_068814 | heat shock-related 70 kDa protein 2 [Homo sapiens] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_183160 | 1.8335676 | 1.860418 | 1.00E-10 | AEP19214 | HSP70-1 [Ditylenchus destructor] |
| contig_sequences_from_LSI400_trimmed_de_novo_assembly_contig_25443 | 1.8187264 | 1.4780708 | 2.12E-83 | AAR11487 | heat shock protein 70 [Mizuhopecten yessoensis] |
| contig_sequences_from_LSI400_trimmed_de_novo_assembly_contig_12724 | 1.7771525 | 1.306156 | 1.62E-145 | NP_001070105 | phosphoethanolamine methyltransferase [Danio rerio] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_35439 | 1.751633 | 1.3357532 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LSI400_trimmed_de_novo_assembly_contig_18303 | 1.7153496 | 1.8445089 | 3.95E-64 | CBX24529 | Hsp70 protein [Porcellio laevis] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_158165 | 1.6370517 | 2.403778 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LSI400_trimmed_de_novo_assembly_contig_18575 | 1.6110345 | 1.5451481 | 2.00E-74 | EFN76148 | S-adenosylmethionine synthetase [Harpegnathos saltator] |
| contig_sequences_from_LSI400_trimmed_de_novo_assembly_contig_6221 | 1.6104157 | 1.4293109 | 2.00E-95 | XP_001994129 | GH17323 [Drosophila grimshawi] |
| HMP1RHD01_(single)_trimmed_contig_12781 | 1.6042836 | 1.7372005 | 0.00E+00 | EFN65945 | Heat shock 70 kDa protein cognate 4 [Camponotus floridanus] |
| contig_sequences_from_LSI400_trimmed_de_novo_assembly_contig_20861 | 1.5614755 | 1.952696 | 0 | not available | |

表4-7. の続き

| コンティグ名 | log2(飽食 区_平均 _RPKM / 給餌制限 区_平均 _RPKM) | -log10(t- test_p- value) | e-value | Accession | Description |
|--|--|--------------------------------|-----------|---------------|---|
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_1095 | 1.5243076 | 1.7272724 | 1.03E-06 | NP_001086039 | heat shock 70kDa protein 2 [Xenopus laevis] |
| HMP1RHD01_(single)_trimmed_contig_24594 | 1.5085234 | 1.6209125 | 3.00E-10 | XP_002029680 | GM25027 [Drosophila sechellia] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_26095 | 1.4945845 | 1.5827525 | 1.04E-29 | ADA68802 | HET-E [Podospora anserina] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_51121 | 1.4568177 | 1.7669561 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_54412 | 1.4549108 | 1.6509246 | 2.00E-10 | XP_002029680 | GM25027 [Drosophila sechellia] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_1461 | 1.4375808 | 1.4218695 | 5.05E-05 | EGT36309 | hypothetical protein CAEBREN_30466 [Caenorhabditis brenneri] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_10770 | 1.3926987 | 1.5456733 | 1.50E-74 | ADR79280 | Hsp60 [Brachionus ibericus] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_13186 | 1.3649268 | 4.6485883 | 2.45E-48 | ABG74349 | heat shock protein [Bursaphelenchus xylophilus] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_14107 | 1.3476761 | 1.3531254 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_24365 | 1.3413973 | 1.6847132 | 3.00E-52 | AAI33117 | Zgc:113516 protein [Danio rerio] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_8668 | 1.3343323 | 1.3733966 | 5.85E-37 | XP_002029680 | GM25027 [Drosophila sechellia] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_4601 | 1.3323834 | 1.4602701 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_23079 | 1.3034287 | 3.6774988 | 8.90E-59 | EKC19628 | Nose resistant to fluoxetine protein 6 [Crassostrea gigas] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_1015 | 1.2765714 | 1.7913895 | 6.00E-98 | AAH93128 | Dhps protein [Danio rerio] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_15747 | 1.2640394 | 1.4032783 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_15891 | 1.2606269 | 2.0140723 | 2.31E-34 | CAX83694 | Gap-Pol polyprotein [Schistosoma japonicum] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_10956 | 1.2588992 | 2.0014432 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_15723 | 1.2021768 | 2.3563261 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_14638 | 1.1877488 | 1.6845854 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_12035 | 1.1864339 | 1.7950511 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_59554 | 1.1782694 | 1.3693662 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_15071 | 1.1771384 | 1.6848621 | 2.00E-77 | ADG29187 | chitinase [Epinephelus coioides] |
| HMP1RHD01_(single)_trimmed_contig_15877 | 1.1618595 | 1.4030938 | 1.67E-62 | ACU31111 | methionine adenosyltransferase [Brachionus plicatilis] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_145423 | 1.1484916 | 1.3517434 | 1.39E-13 | ADR79278 | Hsp40 [Brachionus ibericus] |
| HMP1RHD01_(single)_trimmed_contig_15121 | 1.1142649 | 1.6486524 | 2.02E-30 | BAF42028 | copper/zinc superoxide dismutase [Cryptococcus liquefaciens] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_24053 | 1.1132683 | 2.3283041 | 4.00E-31 | NP_001076253 | dimethylaniline monooxygenase [N-oxide-forming] 4 [Oryctolagus cuniculus] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_144271 | 1.1053731 | 1.6638373 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_16575 | 1.0927529 | 2.2704072 | 2.00E-108 | DAA04499 | TPA_exp: pol polyprotein [Schistosoma mansoni] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_2134 | 1.091739 | 1.3803317 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_37 | 1.0095628 | 1.429054 | 0 | not available | |

表4-8. 給餌制限区で発現量が変化したコンティグ

| コンティグ名 | log2(飽食区_平均_RPKM / 給餌制限区_平均_RPKM) | -log10(t-test_p-value) | e-value | Accession | Description |
|--|-----------------------------------|------------------------|-----------|---------------|---|
| s_3_sequence_trimmed_contig_7807 | -5.315814 | 2.5164572 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_contig_20988 | -5.266306 | 1.8134716 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_2934 | -4.415435 | 1.4857591 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_contig_24328 | -4.399655 | 1.5958926 | 6.00E-65 | NP_419217 | oxidoreductase [Caulobacter crescentus CB15] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_185386 | -4.366096 | 2.2588285 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_175130 | -4.302661 | 2.174207 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_contig_9121 | -4.231098 | 1.4958986 | 3.28E-41 | YP_003388992 | cyanophycinase-like protein [Spirosoma linguale DSM 74] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_160202 | -4.208877 | 1.8449616 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_159798 | -4.175641 | 3.5387848 | 6.00E-05 | WP_003389288 | hypothetical protein [Brevibacillus borstelensis] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_173448 | -4.148332 | 1.4152912 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_145371 | -4.026686 | 2.0769963 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_52369 | -3.964693 | 1.5627118 | 4.00E-09 | WP_005450114 | N-formylglutamate amidohydrolase [Saccharomonospora azurea] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_73020 | -3.961658 | 1.3553565 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_74935 | -3.856331 | 1.5604823 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_169645 | -3.854523 | 1.5617834 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_163054 | -3.854523 | 1.5617834 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_1373 | -3.854523 | 1.5617834 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_contig_585 | -3.792882 | 2.2779552 | 6.45E-26 | XP_308333 | AGAP007545-PA [Anopheles gambiae str. PEST] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_8159 | -3.767594 | 1.4293755 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_146501 | -3.725326 | 2.6071986 | 1.44E-84 | WP_009581427 | Cyanophycinase [Fulvigrana imtechensis] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_184388 | -3.698439 | 1.5437133 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_contig_24460 | -3.671618 | 1.5475206 | 1.67E-85 | EKC35642 | Autocrine proliferation repressor protein A [Crassostrea gigas] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_14314 | -3.644778 | 1.4867396 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_contig_2475 | -3.630515 | 2.41577 | 3.00E-26 | WP_005450114 | N-formylglutamate amidohydrolase [Saccharomonospora azurea] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_contig_398 | -3.577106 | 1.7939758 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_29623 | -3.487134 | 1.4539456 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_contig_16417 | -3.465565 | 1.3886459 | 3.00E-43 | EGW00189 | Transmembrane protease, serine 11E [Cricetulus griseus] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_12974 | -3.463142 | 1.5508646 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_contig_1047 | -3.452908 | 1.3890905 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_10854 | -3.3843 | 1.438981 | 1.11E-05 | XP_002597807 | hypothetical protein BRAFLDRAFT_238945 [Branchiostoma floridae] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_contig_12293 | -3.360264 | 2.2428366 | 4.00E-129 | CAA60383 | neurexin IV [Drosophila melanogaster] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_contig_6050 | -3.257285 | 1.3393749 | 5.00E-37 | XP_321236 | AGAP001819-PA [Anopheles gambiae str. PEST] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_47861 | -3.239734 | 1.3148008 | 9.00E-10 | EKC35093 | Fibropellin-3 [Crassostrea gigas] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_8998 | -3.19729 | 1.7509516 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_contig_17641 | -3.180788 | 1.3708461 | 4.00E-11 | XP_002342049 | F-box and wd40 domain protein, putative [Talaromyces stipitatus ATCC 10500] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_15756 | -3.178129 | 1.6530723 | 0 | not available | |

表4-8. の続き

| コンティグ名 | log2(飽食 区_平均 _RPKM / 餓制限 区_平均 _RPKM) | -log10(t- test_p- value) | e-value | Accession | Description |
|--|---|--------------------------------|------------|---------------|--|
| s_3_sequence_trimmed_contig_144865 | -3.151718 | 1.5183745 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_12417 | -3.136694 | 1.5206313 | 2.00E-84 | XP_002409672 | NAD(P) transhydrogenase, putative [Ixodes scapularis] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_13358 | -3.135029 | 2.3418969 | 2.00E-100 | XP_002426553 | Contactin-associated protein 1 precursor, putative [Pediculus humanus corporis] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_24180 | -3.096361 | 1.3513395 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_13785 | -3.058091 | 2.3049117 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_12786 | -3.057385 | 1.4838945 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_175039 | -3.048652 | 1.4267306 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_174392 | -3.045614 | 1.4456257 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_3080 | -3.033887 | 1.9008869 | 3.00E-10 | BAF43703 | Chlorophyllase 1 [Glycine max] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_11381 | -3.015484 | 2.1730357 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_12485 | -3.002462 | 1.5046117 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_185669 | -2.996297 | 1.3424166 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_32455 | -2.994489 | 1.3404478 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_23104 | -2.994489 | 1.3404478 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_23059 | -2.985474 | 1.3370463 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_46 | -2.978177 | 1.4999698 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_174850 | -2.931484 | 1.9222327 | 5.00E-09 | XP_312859 | AGAP003167-PA [Anopheles gambiae str. PEST] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_22496 | -2.928022 | 1.8694055 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_175290 | -2.924359 | 1.3573904 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_20271 | -2.912932 | 1.5252646 | 1.00E-21 | XP_002428630 | NAD(P) transhydrogenase, putative [Pediculus humanus corporis] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_22503 | -2.890994 | 1.3409918 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_160813 | -2.888324 | 2.0542736 | 3.78E-07 | ELU17018 | hypothetical protein CAPTEDRAFT_29188, partial [Capitella teleta] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_9548 | -2.881466 | 1.3087779 | 0 | not available | |
| HMP1RHD01_(single)_trimmed_contig_13096 | -2.880324 | 1.4406411 | 6.922E-163 | ADR79275 | hatching enzyme-like protein [Brachionus ibericus] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_183195 | -2.875167 | 1.3316076 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_17010 | -2.860751 | 1.889545 | 6.00E-123 | AAH90136 | MGC97855 protein [Xenopus (Silurana) tropicalis] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_7242 | -2.857696 | 1.4495925 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_143416 | -2.838406 | 2.5600306 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_145733 | -2.811835 | 1.6411886 | 9.14E-05 | EGI61121 | Histone-lysine N-methyltransferase SETMAR [Acromyrmex echinator] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_11907 | -2.806315 | 1.3139578 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_10312 | -2.80384 | 1.5779471 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_167515 | -2.801743 | 1.7880834 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_10628 | -2.792589 | 2.316399 | 5.79E-74 | ADR79275 | hatching enzyme-like protein [Brachionus ibericus] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_58967 | -2.780341 | 1.408634 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_12313 | -2.75927 | 1.4875485 | 1.49E-129 | CAA10358 | NAD(P) transhydrogenase [Strongylocentrotus purpuratus] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_49588 | -2.742907 | 1.4313195 | 0 | not available | |

表4-8. の続き

| コンティグ名 | log2(飽食 区_平均 _RPKM / 給餌制限 区_平均 _RPKM) | -log10(t- test_p- value) | e-value | Accession | Description |
|--|--|--------------------------------|-----------|---------------|--|
| s_3_sequence_trimmed_contig_12474 | -2.739227 | 1.4184151 | 6.62E-09 | XP_004071636 | PREDICTED: uncharacterized protein LOC101155354 [Oryzias latipes] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_157965 | -2.731253 | 1.4211626 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_contig_24021 | -2.719941 | 1.4226681 | 6.38E-121 | XP_003484085 | PREDICTED: acyloxyacyl hydrolase [Sus scrofa] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_177325 | -2.716406 | 1.5004376 | 5.00E-19 | EFX86064 | phospholipase-like protein A2, group [Daphnia pulex] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_142676 | -2.696442 | 2.1857098 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_174696 | -2.686363 | 1.7787425 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_contig_3252 | -2.686361 | 1.3252374 | 1.03E-07 | EGW09688 | Solute carrier family 41 member 2 [Cricetulus griseus] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_contig_8092 | -2.678791 | 1.6109683 | 1.72E-34 | EKC40262 | Ankyrin repeat domain-containing protein 50 [Crassostrea gigas] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_144923 | -2.676715 | 2.1076703 | 2.49E-14 | XP_002166620 | PREDICTED: uncharacterized protein LOC100197951 [Hydra magnipapillata] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_contig_21019 | -2.660141 | 1.4839417 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_67612 | -2.642753 | 1.5820903 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_159071 | -2.638645 | 1.6731887 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_16076 | -2.637947 | 1.837283 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_contig_862 | -2.634233 | 2.1316176 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_12736 | -2.610009 | 1.3093646 | 2.00E-16 | ELW66427 | Interferon-induced very large GTPase 1 [Tupaia chinensis] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_contig_12360 | -2.606066 | 1.7086014 | 0 | NP_001006832 | histidine ammonia-lyase, gene 2 [Xenopus (Silurana) tropicalis] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_143766 | -2.603366 | 1.545343 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_contig_2286 | -2.595847 | 1.8227705 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_contig_21424 | -2.595005 | 2.178623 | 1.08E-26 | EPQ11532 | Oxytocin receptor [Myotis brandtii] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_33337 | -2.593468 | 1.5187649 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_21632 | -2.593066 | 1.8687057 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_27159 | -2.592865 | 1.5143653 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_contig_24350 | -2.591412 | 1.9155212 | 8.00E-40 | Q6ZNA5 | FRRS1_HUMAN RecName: Full=Ferric-chelate reductase 1; AltName: Full=Stromal cell-derived receptor 2; Short=SDR-2 |
| s_3_sequence_trimmed_contig_3186 | -2.578462 | 1.714315 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_contig_1232 | -2.573389 | 1.9684141 | 1.30E-55 | WP_010750444 | UDP-N-acetylglucosamine 2-epimerase [Enterococcus villorum] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_173539 | -2.569382 | 1.4532236 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_contig_13278 | -2.568759 | 1.3152147 | 2.54E-19 | NP_001103850 | lysophosphatidic acid phosphatase type 6 [Danio rerio] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_151408 | -2.56599 | 1.4333105 | 4.00E-08 | EKC35210 | Putative methylmalonate-semialdehyde dehydrogenase [acylating], mitochondrial [Crassostrea gigas] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_11935 | -2.563345 | 1.5185239 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_contig_3892 | -2.552414 | 2.315651 | 3.60E-94 | WP_019388419 | ferritin [Flavobacteriaceae bacterium P7-3-5] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_13387 | -2.541115 | 1.6690248 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_contig_14142 | -2.530154 | 1.3740454 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_143718 | -2.522327 | 1.9608468 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_14758 | -2.521191 | 1.806361 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_contig_13404 | -2.512332 | 1.4583482 | 4.00E-44 | YP_004155740 | fibronectin type III domain-containing protein [Variovorax paradoxus EPS] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_contig_24366 | -2.508987 | 1.7913201 | 0 | not available | |

表4-8. の続き

| コンティグ名 | log2(飽食 区_平均 _RPKM / 給餌制限 区_平均 _RPKM) | -log10(t- test_p- value) | e-value | Accession | Description |
|--|--|--------------------------------|-----------|---------------|---|
| s_3_sequence_trimmed_contig_41886 | -2.506418 | 1.5917744 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_71292 | -2.500902 | 1.4884695 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LSI400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_8423 | -2.495459 | 1.6124794 | 4.46E-17 | EKC18054 | Homeobox protein ceh-37 [Crassostrea gigas] |
| contig_sequences_from_LSI400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_4490 | -2.479391 | 1.4405197 | 5.70E-06 | XP_004205776 | PREDICTED: zinc finger BED domain-containing protein 4-like [Hydra magnipapillata] |
| contig_sequences_from_LSI400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_1166 | -2.468617 | 1.3638635 | 5.00E-41 | EKC35642 | Autocrine proliferation repressor protein A [Crassostrea gigas] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_144680 | -2.468169 | 1.9190248 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_13898 | -2.441679 | 2.1564917 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LSI400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_8390 | -2.441528 | 1.453643 | 3.00E-05 | EAW51026 | WD repeat and SOCS box-containing 1, isoform CRA_a [Homo sapiens] |
| contig_sequences_from_LSI400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_22482 | -2.440719 | 1.3543436 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_10432 | -2.440518 | 1.9557001 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_12962 | -2.432718 | 1.4515235 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_174685 | -2.425403 | 1.314773 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_183314 | -2.416113 | 1.3989389 | 1.74E-08 | XP_004211646 | PREDICTED: uncharacterized protein LOC101237969 [Hydra magnipapillata] |
| contig_sequences_from_LSI400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_12447 | -2.41384 | 1.5786433 | 3.46E-06 | EFX63565 | hypothetical protein DAPPUDRAFT_335322 [Daphnia pulex] |
| contig_sequences_from_LSI400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_15951 | -2.396108 | 1.606897 | 8.25E-15 | EDM42876 | putative orphan protein [unidentified eubacterium SCB49] |
| contig_sequences_from_LSI400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_8392 | -2.394737 | 1.8762056 | 5.00E-32 | EGV94353 | WD repeat and SOCS box-containing protein 1 [Cricetulus griseus] |
| contig_sequences_from_LSI400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_19277 | -2.393531 | 1.5663252 | 5.00E-10 | AAT76628 | polyprotein [Candida glabrata] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_168375 | -2.393214 | 1.4672588 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LSI400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_2281 | -2.390245 | 1.3467626 | 2.00E-06 | NP_001230313 | WD repeat and SOCS box-containing protein 2-like [Danio rerio] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_14096 | -2.375892 | 2.2300265 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LSI400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_863 | -2.370309 | 1.4575578 | 2.61E-17 | YP_007091945 | serine/threonine protein kinase with WD40 repeats [Chroococcidiopsis thermalis PCC 7203] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_143713 | -2.367 | 1.4623427 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_11807 | -2.354856 | 1.4235502 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_35266 | -2.342657 | 1.3661705 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LSI400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_24980 | -2.341275 | 1.4832433 | 2.00E-34 | WP_004333232 | poly (3-hydroxybutyrate) depolymerase [Thauera linaloolentis] |
| contig_sequences_from_LSI400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_23338 | -2.337116 | 1.839359 | 4.00E-128 | NP_001086845 | protein unc-93 homolog A [Xenopus laevis] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_30228 | -2.323065 | 1.523872 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_4717 | -2.316868 | 1.5231526 | 0 | not available | |
| HMP1RHD01(single)_trimmed_contig_22657 | -2.31619 | 1.4760589 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LSI400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_12810 | -2.315923 | 2.1277205 | 3.68E-12 | XP_004346484 | histidine ammonialyase, putative [Acanthamoeba castellanii str. Neff] |
| contig_sequences_from_LSI400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_22745 | -2.307994 | 1.3362173 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LSI400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_3835 | -2.307392 | 1.3330789 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_182695 | -2.303565 | 1.3598156 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LSI400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_14144 | -2.302937 | 2.417224 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_14231 | -2.299348 | 1.3618191 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_29934 | -2.297296 | 2.0179918 | 4.91E-05 | BAN21472 | unknown protein, partial [Riptortus pedestris] |

表4-8. の続き

| コンティグ名 | log2(飽食 区_平均 _RPKM / 給餌制限 区_平均 _RPKM) | -log10(t- test_p- value) | e-value | Accession | Description |
|--|--|--------------------------------|------------|---------------|--|
| s_3_sequence_trimmed_contig_9217 | -2.296677 | 1.7694613 | 9.99E-05 | XP_004622095 | PREDICTED: interferon-induced very large GTPase 1-like [Sorex araneus] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_contig_16401 | -2.295401 | 2.6208686 | 8.43E-33 | NP_001090864 | zinc transporter ZIP14 precursor [Xenopus (Silurana) tropicalis] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_183383 | -2.290657 | 1.3517074 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_contig_12705 | -2.28902 | 1.7228614 | 1.046E-123 | EKC38802 | Chitotriosidase-1 [Crassostrea gigas] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_174243 | -2.28438 | 2.9548266 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_167810 | -2.278577 | 1.4764159 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_contig_18806 | -2.249552 | 1.9437572 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_contig_23622 | -2.245077 | 1.5819615 | 0 | not available | |
| HMP1RHD01_(single)_trimmed_contig_16964 | -2.239655 | 2.1434139 | 1.86E-11 | XP_002673333 | isocitrate dehydrogenase NADP-dependent [Naegleria gruberi] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_contig_1728 | -2.238302 | 1.9121613 | 5.44E-35 | WP_020158469 | glycoside hydrolase family 3 [Methylobacter marinus] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_15694 | -2.236522 | 1.5693841 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_145775 | -2.235919 | 1.572723 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_contig_25633 | -2.222549 | 1.3967454 | 9.30E-16 | EJY82898 | (1,3)-beta-d-glucan binding protein [Oxytricha trifallax] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_143754 | -2.220534 | 1.5162661 | 7.09E-19 | EFN73233 | Muscarinic acetylcholine receptor DM1 [Camponotus floridanus] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_contig_17932 | -2.219315 | 1.4398608 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_contig_8597 | -2.218201 | 1.7988182 | 2.79E-10 | EKC19292 | Ubiquitin carboxyl-terminal hydrolase 7 [Crassostrea gigas] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_51247 | -2.200682 | 1.6950852 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_contig_14416 | -2.200083 | 1.3132886 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_contig_22566 | -2.199233 | 1.7563766 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_contig_19919 | -2.197708 | 1.7164204 | 4.65E-06 | EFX63565 | hypothetical protein DAPPUDRAFT_335322 [Daphnia pulex] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_contig_11919 | -2.197066 | 1.5584592 | 4.00E-14 | XP_002778140 | Histidine ammonia-lyase, putative [Perkinsus marinus ATCC 50983] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_12730 | -2.190935 | 1.7929174 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_12768 | -2.186408 | 2.2653745 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_contig_9129 | -2.182207 | 1.3815565 | 1.22E-45 | EKC29585 | UPF0748 protein yngK [Crassostrea gigas] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_9393 | -2.172107 | 1.7288697 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_32723 | -2.16943 | 1.5450112 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_9674 | -2.166764 | 1.751923 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_contig_15831 | -2.154309 | 2.1592338 | 1.00E-11 | NP_578837 | alpha-dextrin endo-1, 6-alpha-glucosidase [Pyrococcus furiosus DSM 3638] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_contig_25047 | -2.132711 | 1.7054594 | 1.66E-151 | XP_004356412 | Trehalase precursor [Dictyostelium fasciculatum] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_contig_19576 | -2.129887 | 1.3132057 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_contig_22390 | -2.12106 | 1.4443872 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_contig_12114 | -2.118616 | 1.6563914 | 7.00E-98 | EMC82829 | Tetratricopeptide repeat protein 38, partial [Columba livia] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_9861 | -2.114861 | 1.9140694 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_contig_24554 | -2.108201 | 1.5762931 | 0 | not available | |
| HMP1RHD01_(single)_trimmed_contig_14361 | -2.101534 | 1.5589997 | 5.06E-14 | EFX63565 | hypothetical protein DAPPUDRAFT_335322 [Daphnia pulex] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_contig_21313 | -2.09774 | 1.6951703 | 4.76E-125 | XP_002433423 | katanin, putative [Ixodes scapularis] |

表4-8. の続き

| コンティグ名 | log2(飽食 区_平均 _RPKM / 給餌制限 区_平均 _RPKM) | -log10(t- test_p- value) | e-value | Accession | Description |
|--|--|--------------------------------|-----------|---------------|---|
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_5907 | -2.092646 | 1.4566094 | 2.00E-61 | WP_010393742 | poly (3-hydroxybutyrate) depolymerase [Janthinobacterium lividum] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_6090 | -2.088917 | 1.5222059 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_1507 | -2.088457 | 1.3220739 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_184874 | -2.083076 | 1.4162507 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_15236 | -2.071435 | 1.4743034 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_17411 | -2.069315 | 1.3406654 | 6.00E-107 | NP_499065 | Protein C38C10.2 [Caenorhabditis elegans] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_55002 | -2.066677 | 2.2319129 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_12406 | -2.063235 | 2.6207887 | 3.00E-39 | EKC18155 | Major facilitator superfamily domain-containing protein 2 [Crassostrea gigas] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_12589 | -2.04661 | 1.7312661 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_157075 | -2.044891 | 2.0664569 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_15385 | -2.044854 | 1.5996587 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_23106 | -2.044664 | 1.3773116 | 1.00E-12 | AAA49956 | C19 protein, partial [Xenopus laevis] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_175528 | -2.038349 | 1.5962549 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_16989 | -2.038349 | 1.5962549 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_180557 | -2.037061 | 1.5652911 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_24538 | -2.032993 | 1.7363094 | 6.52E-20 | EGV93992 | Zyxin [Cricetulus griseus] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_12914 | -2.026008 | 1.8947087 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_144809 | -2.026008 | 1.8947087 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_34019 | -2.025782 | 1.3129357 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_11043 | -2.021317 | 1.3180122 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_17076 | -2.019668 | 2.1121209 | 3.00E-94 | NP_001167451 | solute carrier family 2, facilitated glucose transporter member 1 [Papio anubis] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_22541 | -2.014611 | 1.9695469 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_3565 | -2.011973 | 1.3175458 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_177722 | -2.010667 | 1.7675802 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_171 | -2.005869 | 1.3161854 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_25400 | -2.005593 | 1.4046831 | 1.07E-05 | XP_001811876 | PREDICTED: similar to sodium/solute symporter [Tribolium castaneum] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_11585 | -2.005391 | 1.4776294 | 2.14E-13 | CBN81411 | Alpha-tectorin [Dacentrarchus labrax] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_22439 | -1.994046 | 2.0770123 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_2525 | -1.992746 | 1.6232867 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_7546 | -1.992298 | 1.3710053 | 1.83E-84 | XP_004362188 | radical SAM domain protein [Dictyostelium fasciculatum] |
| HMP1RHD01_(single)_trimmed_contig_8109 | -1.981935 | 1.4362966 | 1.58E-06 | EFX63565 | hypothetical protein DAPPUDRAFT_335322 [Daphnia pulex] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_143408 | -1.978403 | 1.5454628 | 8.85E-37 | ACX68556 | chitinase 6 [Litopenaeus vannamei] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_2920 | -1.969132 | 1.4079612 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_16409 | -1.968853 | 1.6276538 | 0 | EKC27068 | Maltase-glucoamylase, intestinal [Crassostrea gigas] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_49652 | -1.968597 | 1.3309607 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_15056 | -1.963309 | 1.4669243 | 0 | not available | |

表4-8. の続き

| コンティグ名 | log2(飽食 区_平均 _RPKM / 給餌制限 区_平均 _RPKM) | -log10(t- test_p- value) | e-value | Accession | Description |
|--|--|--------------------------------|----------|---------------|--|
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_24720 | -1.961956 | 1.8234279 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_13446 | -1.953168 | 1.4971629 | 1.00E-21 | EMC79286 | Arylacetamide deacetylase-like 4, partial [Columba livia] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_152752 | -1.95238 | 1.7562741 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_2736 | -1.94902 | 1.3376005 | 1.00E-10 | EKC41472 | Cys-loop ligand-gated ionic channel [Crassostrea gigas] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_160845 | -1.945156 | 1.5424529 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_4163 | -1.94156 | 1.533402 | 7.00E-06 | CAM16013 | novel protein similar to vertebrate hexosaminidase A (alpha polypeptide) (HEXA) [Danio rerio] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_20148 | -1.941236 | 1.6659405 | 8.00E-14 | EKC40826 | Mediator of RNA polymerase II transcription subunit 13 [Crassostrea gigas] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_12097 | -1.939203 | 1.3731098 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_16416 | -1.936761 | 1.5162571 | 7.00E-23 | EKC35874 | A disintegrin and metalloproteinase with thrombospondin motifs 18 [Crassostrea gigas] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_7925 | -1.936089 | 2.5513102 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_6724 | -1.933766 | 1.4248679 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_15714 | -1.932912 | 2.1338926 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_10973 | -1.930235 | 1.5692536 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_8879 | -1.927347 | 2.2007844 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_174907 | -1.926919 | 1.3568277 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_20462 | -1.926098 | 3.5173746 | 7.00E-15 | YP_004108418 | UDP-N-acetylglucosamine-peptide N-acetylglucosaminyltransferase-like protein [Rhodopseudomonas palustris DX-1] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_42712 | -1.925803 | 1.3849262 | 1.83E-13 | ABQ41277 | mitochondrial NADP+ isocitrate dehydrogenase 2 [Artemia franciscana] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_87054 | -1.92254 | 1.3875265 | 2.00E-14 | XP_002778140 | Histidine ammonia-lyase, putative [Perkinsus marinus ATCC 50983] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_8736 | -1.918827 | 1.3448359 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_169513 | -1.918808 | 1.6314996 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_17359 | -1.918324 | 1.9631977 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_10351 | -1.918193 | 1.9923904 | 1.15E-18 | XP_001026696 | MYND finger family protein [Tetrahymena thermophila] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_11092 | -1.916491 | 1.3375787 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_24141 | -1.915884 | 1.7887072 | 5.00E-76 | EKC43032 | Countin-1 [Crassostrea gigas] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_7877 | -1.91578 | 2.1412338 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_43028 | -1.914777 | 1.5541663 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_9937 | -1.913282 | 1.7395014 | 3.4E-11 | EFX63565 | hypothetical protein DAPPUDRAFT_335322 [Daphnia pulex] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_19485 | -1.912363 | 1.877316 | 1.5E-95 | ABQ41277 | mitochondrial NADP+ isocitrate dehydrogenase 2 [Artemia franciscana] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_169545 | -1.911141 | 1.3301282 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_63019 | -1.910513 | 1.8717961 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_12105 | -1.910235 | 1.3073409 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_6923 | -1.908809 | 1.6602649 | 4.65E-12 | XP_002072282 | GK22414 [Drosophila willistoni] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_13177 | -1.907658 | 2.1136111 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_23918 | -1.902207 | 1.3086366 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_18239 | -1.898326 | 1.8265065 | 2.72E-55 | XP_002424295 | carboxypeptidase A, putative [Pediculus humanus corporis] |

表4-8. の続き

| コンティグ名 | log2(飽食 区_平均 _RPKM / 給餌制限 区_平均 _RPKM) | -log10(t- test_p- value) | e-value | Accession | Description |
|--|--|--------------------------------|-----------|---------------|--|
| s_3_sequence_trimmed_contig_1500 | -1.897488 | 1.4745166 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_9957 | -1.889981 | 1.4009698 | 0 | not available | |
| HMP1RHD01_(single)_trimmed_contig_14735 | -1.889333 | 1.5505842 | 4.00E-27 | XP_002067136 | GK24177 [Drosophila willistoni] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_145740 | -1.887605 | 1.5165791 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_185268 | -1.886225 | 1.6531821 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_20673 | -1.884521 | 2.4388011 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_61328 | -1.878839 | 1.3341478 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_11693 | -1.878064 | 1.3312806 | 5.00E-47 | ADQ32751 | glucosaminyl (N-acetyl) transferase 3, mucin type [synthetic construct] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_7835 | -1.872989 | 1.9808292 | 1.17E-125 | EFA76168 | formimidoyltransferase-cyclodeaminase [Polysphondylium pallidum PN500] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_11310 | -1.870927 | 1.4692752 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_60092 | -1.870204 | 1.8779912 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_50037 | -1.867237 | 1.5563178 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_157692 | -1.859413 | 1.3757162 | 5.85E-35 | EHJ78503 | endonuclease-reverse transcriptase [Danaus plexippus] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_8190 | -1.856717 | 2.1044746 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_14601 | -1.856238 | 1.3075365 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_84665 | -1.85602 | 1.4395519 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_3913 | -1.85602 | 1.4395519 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_13888 | -1.85598 | 1.3730418 | 2.11E-12 | AAB61383 | transposase [Girardia tigrina] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_43240 | -1.849705 | 1.3214128 | 7.00E-33 | YP_004578947 | alpha-glucosidase [Lacinutrix sp. 5H-3-7-4] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_23826 | -1.848318 | 2.1747011 | 8.00E-86 | ABL61083 | selenoprotein N [Sus scrofa] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_12708 | -1.84684 | 1.565482 | 1.07E-142 | EKC35642 | Autocrine proliferation repressor protein A [Crassostrea gigas] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_2400 | -1.840843 | 1.8991388 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_34649 | -1.831678 | 1.4270194 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_10658 | -1.825471 | 1.6362164 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_144867 | -1.824498 | 1.3653854 | 3.00E-07 | AAA57339 | p67 [Homo sapiens] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_143048 | -1.821495 | 2.5395038 | 1.07E-15 | XP_002155546 | PREDICTED: uncharacterized protein LOC100209707 [Hydra magnipapillata] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_8186 | -1.820432 | 1.449146 | 6.73E-20 | WP_000857951 | lipase [Bacillus cereus] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_175403 | -1.81971 | 1.384071 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_17520 | -1.819067 | 1.5478433 | 9.00E-32 | CCT70521 | flavin depend monooxygenase that catalyses the oxidation of rubrofusarin to 9-hydroxyrubrofusarin [Fusarium fujikuroi IMI 58289] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_2875 | -1.818683 | 1.3840466 | 1.00E-14 | EFA78371 | transmembrane protein NRF-6 [Polysphondylium pallidum PN500] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_5029 | -1.818371 | 2.1016198 | 1.87E-70 | XP_001897148 | Trehalase family protein [Brugia malayi] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_185400 | -1.815784 | 1.3664658 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_7874 | -1.813078 | 1.3566452 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_7812 | -1.812945 | 1.3920045 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_10880 | -1.811223 | 1.3758626 | 0 | not available | |

表4-8. の続き

| コンティグ名 | log2(飽食 区_平均 RPKM / 給餌制限 区_平均 RPKM) | -log10(t- test_p- value) | e-value | Accession | Description |
|--|--|--------------------------------|-----------|---------------|---|
| s_3_sequence_trimmed_contig_13705 | -1.808101 | 2.0402302 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_8064 | -1.807849 | 1.6350235 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_contig_16571 | -1.800748 | 1.9579694 | 1.43E-94 | EAX09313 | formiminotransferase cyclodeaminase, isoform CRA_e [Homo sapiens] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_175486 | -1.800738 | 1.3016681 | 6.00E-05 | EFN87052 | Aminopeptidase N [Harpegnathos saltator] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_162757 | -1.79879 | 1.57322 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_25540 | -1.797823 | 2.0975111 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_12628 | -1.797507 | 1.3502156 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_contig_22600 | -1.795885 | 1.7834693 | 1.31E-66 | EKC36068 | Sushi, nidogen and EGF-like domain-containing protein 1 [Crassostrea gigas] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_contig_7408 | -1.790775 | 1.9140576 | 5.00E-24 | EFW46599 | protein tyrosine kinase [Capsaspora owczarzaki ATCC 30864] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_15957 | -1.787229 | 1.9969242 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_contig_4581 | -1.786922 | 1.7136949 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_175021 | -1.786537 | 1.3438906 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_contig_7746 | -1.786383 | 1.4698898 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_contig_6304 | -1.780927 | 1.4308062 | 1.00E-60 | EKC36785 | Transmembrane protein 63B [Crassostrea gigas] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_contig_17211 | -1.779432 | 1.3705742 | 7.79E-137 | XP_002429317 | sphingomyelin phosphodiesterase, putative [Pediculus humanus corporis] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_contig_15925 | -1.772719 | 1.9924997 | 1.52E-16 | XP_001901189 | PET Domain containing protein [Brugia malayi] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_10809 | -1.772483 | 2.2607311 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_contig_10254 | -1.762572 | 2.0086408 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_10767 | -1.762548 | 1.9329611 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_contig_11777 | -1.757817 | 1.6226587 | 7.00E-28 | EKC40817 | Beta-1,3-galactosyltransferase 1 [Crassostrea gigas] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_143518 | -1.757489 | 1.592267 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_12178 | -1.750739 | 1.8659064 | 4.18E-24 | EAWS2283 | ceroid-lipofuscinosis, neuronal 3, juvenile (Batten, Spielmeier-Vogt disease), isoform CRA_c [Homo sapiens] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_8461 | -1.742093 | 1.6838601 | 1.40E-64 | EAWS4397 | protein kinase, cAMP-dependent, catalytic, alpha, isoform CRA_a [Homo sapiens] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_173841 | -1.740336 | 1.3838071 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_54787 | -1.739026 | 1.5812203 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_169792 | -1.73762 | 1.3249372 | 7.13E-10 | XP_002038591 | GM10539 [Drosophila sechellia] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_contig_25603 | -1.737561 | 1.7704498 | 4.61E-06 | EKC23671 | FMRFamide receptor [Crassostrea gigas] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_186148 | -1.736802 | 1.8021986 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_contig_19380 | -1.734935 | 1.9323009 | 1.96E-23 | WP_007672773 | 5-aminolevulinic synthase [alpha proteobacterium BAL199] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_contig_22706 | -1.733532 | 1.3060034 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_contig_8752 | -1.732585 | 1.5162979 | 1.81E-25 | XP_004349242 | conserved hypothetical protein [Capsaspora owczarzaki ATCC 30864] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_142984 | -1.730952 | 2.0744749 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_contig_10226 | -1.72873 | 1.4640124 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_168451 | -1.723602 | 1.5063828 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_17102 | -1.723602 | 1.5063828 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_12455 | -1.723538 | 1.9999307 | 2.45E-06 | EKC20035 | Location of vulva defective 1 [Crassostrea gigas] |

表4-8. の続き

| コンティグ名 | log2(飽食 区_平均 _RPKM / 給餌制限 区_平均 _RPKM) | -log10(t- test_p- value) | e-value | Accession | Description |
|--|--|--------------------------------|-----------|---------------|---|
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_22307 | -1.714559 | 1.6856776 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_13307 | -1.714188 | 2.2040182 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_144326 | -1.705392 | 1.5588482 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_145257 | -1.705199 | 1.7187717 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_7761 | -1.705199 | 1.7187717 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_21981 | -1.705187 | 1.8322343 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_50350 | -1.704552 | 1.9971211 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_77370 | -1.700888 | 2.2379608 | 2.15E-05 | ELU07760 | hypothetical protein CAPTEDRAFT_221342 [Capitella teleta] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_1420 | -1.696849 | 1.5046091 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_14860 | -1.694818 | 1.9684372 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_6097 | -1.694262 | 1.8124663 | 3.00E-36 | AAA87006 | subtilisin-related protease SPC3 [Branchiostoma californiense] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_18220 | -1.692707 | 1.605493 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_149040 | -1.691682 | 1.561877 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_14589 | -1.69054 | 1.6934876 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_898 | -1.689886 | 1.6261151 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_20965 | -1.686168 | 3.9021046 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_2867 | -1.685803 | 1.3709301 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_19312 | -1.684507 | 1.3422445 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_174020 | -1.682442 | 1.4604568 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_8034 | -1.680509 | 1.7054552 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_25328 | -1.679186 | 1.3667531 | 2.56E-45 | EKC28463 | Argininosuccinate synthase [Crassostrea gigas] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_7814 | -1.672226 | 2.0090087 | 6.00E-78 | EGI63831 | 5-aminolevulinate synthase, erythroid-specific, mitochondrial [Acromyrmex echinator] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_144343 | -1.671887 | 1.3722691 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_12813 | -1.671706 | 1.4702617 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_24540 | -1.671656 | 1.654501 | 1.80E-122 | XP_001026696 | MYND finger family protein [Tetrahymena thermophila] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_175040 | -1.671525 | 1.3651183 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_9357 | -1.671165 | 1.8296025 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_8084 | -1.669895 | 1.583179 | 5.00E-10 | EHH60017 | Calpain-15, partial [Macaca fascicularis] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_1553 | -1.669469 | 1.4712033 | 7.00E-42 | EKC35222 | Protein dcd1A [Crassostrea gigas] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_15142 | -1.669134 | 1.7633296 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_21154 | -1.667608 | 1.6850725 | 3.00E-10 | EKC40661 | ATP-binding cassette sub-family A member 5 [Crassostrea gigas] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_11146 | -1.664488 | 1.4425538 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_13641 | -1.66444 | 1.4579074 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_19609 | -1.659844 | 2.1171519 | 2.00E-24 | XP_637852 | transmembrane protein [Dictyostelium discoideum AX4] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_13996 | -1.656249 | 1.3933847 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_11336 | -1.652672 | 1.3937447 | 0 | not available | |

表4-8. の続き

| コンティグ名 | log2(飽食 区_平均 _RPKM / 給餌制限 区_平均 _RPKM) | -log10(t- test_p- value) | e-value | Accession | Description |
|--|--|--------------------------------|----------|---------------|---|
| s_3_sequence_trimmed_contig_12229 | -1.652478 | 1.5512694 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_160207 | -1.649424 | 1.5757269 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_12529 | -1.641313 | 2.4847711 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_13236 | -1.63873 | 2.3600742 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_145183 | -1.6353 | 1.82363 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_14656 | -1.634454 | 1.3619786 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_24385 | -1.633258 | 1.3288709 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_11841 | -1.631717 | 1.6938004 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_2944 | -1.630655 | 1.4679508 | 4.66E-27 | 2JFM_A | Chain A, Crystal Structure Of Human Ste20-Like Kinase (Unliganded Form) |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_23446 | -1.628097 | 1.4089851 | 3.58E-70 | XP_002942801 | PREDICTED: beta,beta-carotene 9',10'-oxygenase-like [Xenopus (Silurana) tropicalis] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_42748 | -1.62657 | 1.3348359 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_11798 | -1.623236 | 1.5115172 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_167809 | -1.621009 | 1.6278418 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_4972 | -1.620292 | 1.6844257 | 5.00E-19 | Q8CG85 | MAMC2_MOUSE RecName: Full=MAM domain-containing protein 2; AltName: Full=MAM domain-containing proteoglycan; Short=Mamcan; Flags: Precursor |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_15167 | -1.619187 | 1.4194665 | 9.55E-09 | YP_008965 | hypothetical protein pc1966 [Candidatus Protochlamydia amoebophila UWE25] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_175583 | -1.614182 | 2.188348 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_23050 | -1.612615 | 1.3753857 | 2.00E-24 | EHJ74477 | hydroxyacyl-coenzyme A dehydrogenase [Danaus plexippus] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_51231 | -1.608725 | 1.3721075 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_18748 | -1.608168 | 2.4129568 | 2.09E-20 | NP_490776 | Protein Y18H1A.9 [Caenorhabditis elegans] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_20594 | -1.607137 | 2.967933 | 1.00E-79 | EKC35222 | Protein dcd1A [Crassostrea gigas] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_157805 | -1.605178 | 2.0716883 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_48183 | -1.602774 | 1.3116043 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_12084 | -1.602015 | 1.7022255 | 4.00E-40 | GAA51884 | gamma-aminobutyric acid receptor subunit gamma-3, partial [Clonorchis sinensis] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_15550 | -1.600686 | 2.244874 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_3549 | -1.599892 | 2.072074 | 4.00E-86 | EFN62780 | Leucine-rich repeat and WD repeat-containing protein KIAA1239 [Camponotus floridanus] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_175912 | -1.599304 | 1.4007877 | 1.25E-10 | AAB61383 | transposase [Girardia tigrina] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_23366 | -1.597617 | 2.2601967 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_142746 | -1.595068 | 1.3947689 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_175392 | -1.593167 | 1.5291827 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_9918 | -1.592102 | 3.0215503 | 1.07E-06 | EMC83985 | Amphoterin-induced protein 3 [Columba livia] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_18298 | -1.590088 | 1.4287607 | 2.04E-13 | XP_001095878 | PREDICTED: hypothetical protein LOC707574 [Macaca mulatta] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_11945 | -1.5882 | 1.4024134 | 8.58E-09 | AAB61391 | transposase [Stylochus zebra] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_16357 | -1.586942 | 1.561107 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_20684 | -1.584979 | 1.8510711 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_11701 | -1.580581 | 1.3440583 | 0 | not available | |

表4-8. の続き

| コンティグ名 | log2(飽食 区_平均 _RPKM / 給餌制限 区_平均 _RPKM) | -log10(t- test_p- value) | e-value | Accession | Description |
|--|--|--------------------------------|-----------|---------------|--|
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_10383 | -1.580364 | 1.3838039 | 7.00E-10 | XP_320900 | AGAP011603-PA [Anopheles gambiae str. PEST] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_30599 | -1.579724 | 1.5868049 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_11156 | -1.577386 | 2.3081806 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_23683 | -1.575254 | 1.3118251 | 1.00E-24 | WP_016515473 | Dynamin family protein [Microcystis aeruginosa] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_174694 | -1.574244 | 2.552708 | 9.03E-13 | XP_004208423 | PREDICTED: uncharacterized protein LOC100205424 [Hydra magnipapillata] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_18822 | -1.573949 | 1.3387317 | 3.00E-09 | 3MMY | B Chain B, Structural And Functional Analysis Of The Interaction Between The Nucleoporin Nup98 And The Mrna Export Factor Rae1 |
| s_3_sequence_trimmed_contig_157597 | -1.573298 | 1.8944321 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_7638 | -1.569572 | 1.5269989 | 2.00E-43 | EKC28241 | Calcium-independent phospholipase A2-gamma [Crassostrea gigas] |
| HMP1RHD01_(single)_trimmed_contig_23699 | -1.568211 | 1.3064739 | 3.00E-85 | NP_001121382 | acyl-CoA synthetase family member 3 [Xenopus (Silurana) tropicalis] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_28601 | -1.567823 | 1.385448 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_8466 | -1.566971 | 1.9878505 | 2.00E-120 | WP_009542251 | Acetoacetyl-CoA synthetase [Caenispirillum salinarum] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_22260 | -1.564067 | 2.4664398 | 3.09E-05 | AAT80904 | 26S proteasome ATPase subunit [Lemna minor] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_15617 | -1.561117 | 1.5438796 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_1296 | -1.559516 | 1.9519981 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_18232 | -1.559225 | 2.7750161 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_7997 | -1.55918 | 1.7646198 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_38435 | -1.557278 | 2.0825709 | 1.57E-17 | XP_004212841 | PREDICTED: uncharacterized protein LOC101235112 [Hydra magnipapillata] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_17061 | -1.557228 | 1.4022744 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_10576 | -1.555343 | 1.6520125 | 0 | not available | |
| HMP1RHD01_(single)_trimmed_contig_16776 | -1.551318 | 1.848688 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_1688 | -1.550392 | 1.4437341 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_7838 | -1.550366 | 1.3409256 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_21618 | -1.548932 | 1.3781085 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_13533 | -1.547529 | 1.5765797 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_17902 | -1.547107 | 1.8259856 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_23958 | -1.544596 | 1.6783851 | 9.00E-121 | NP_001121284 | galactosidase, beta 1-like precursor [Xenopus laevis] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_8315 | -1.544404 | 1.5733206 | 2.00E-104 | AGB51852 | glycerol kinase [Artemia sinica] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_173689 | -1.541888 | 1.9197946 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_6770 | -1.541186 | 1.538952 | 1.25E-38 | XP_004362188 | radical SAM domain protein [Dictyostelium fasciculatum] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_14125 | -1.539887 | 1.3833753 | 8.81E-26 | XP_001851339 | abc transporter [Culex quinquefasciatus] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_14477 | -1.535714 | 1.3743182 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_11815 | -1.534889 | 1.4267903 | 8.23E-10 | XP_004209436 | PREDICTED: RNA-directed DNA polymerase from mobile element jockey-like [Hydra magnipapillata] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_2827 | -1.534889 | 1.4267903 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_8351 | -1.534466 | 1.8063876 | 4.51E-80 | AGH55913 | Mer3, partial [Brachionus manjavacas] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_14054 | -1.534419 | 2.5502102 | 0 | not available | |

表4-8. の続き

| コンティグ名 | log2(飽食 区_平均 _RPKM / 給餌制限 区_平均 _RPKM) | -log10(t- test_p- value) | e-value | Accession | Description |
|--|--|--------------------------------|----------|---------------|--|
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_11134 | -1.534415 | 1.4132703 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_187214 | -1.53368 | 1.3205517 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_15715 | -1.533318 | 1.3255737 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_10062 | -1.532076 | 2.2209227 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_15083 | -1.529748 | 1.6367616 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_12287 | -1.527649 | 2.2661408 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_48795 | -1.526215 | 1.4207066 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_149809 | -1.523294 | 1.6630905 | 4.00E-15 | XP_001957704 | GF23896 [Drosophila ananassae] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_17278 | -1.523108 | 1.4059433 | 1.09E-38 | XP_001302003 | ankyrin repeat protein [Trichomonas vaginalis G3] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_2420 | -1.52171 | 1.717512 | 1.19E-15 | XP_002427605 | mitochondrial carrier protein, putative [Pediculus humanus corporis] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_24704 | -1.521319 | 2.0394516 | 2.52E-39 | YP_007143558 | (myosin heavy-chain) kinase [Crinalium epipsammum PCC 9333] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_1517 | -1.520644 | 1.4279183 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_10894 | -1.520605 | 1.3996501 | 6.48E-33 | XP_003973638 | PREDICTED: neuroendocrine convertase 1-like [Takifugu rubripes] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_159534 | -1.518182 | 1.6087778 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_14030 | -1.517213 | 1.3982594 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_4060 | -1.513803 | 1.4031998 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_32794 | -1.513803 | 1.4031998 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_53619 | -1.513602 | 1.4119448 | 8.74E-22 | XP_004209993 | PREDICTED: transmembrane channel-like protein 7-like, partial [Hydra magnipapillata] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_154499 | -1.513522 | 1.624697 | 7.00E-09 | AAA49022 | POL-like, partial [Gallus gallus] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_19009 | -1.513128 | 1.9187638 | 1.00E-05 | EKC26267 | E3 ubiquitin-protein ligase TRIM33 [Crassostrea gigas] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_23357 | -1.511677 | 1.6997857 | 2.27E-08 | 1CXW_A | Chain A, The Second Type Ii Module From Human Matrix Metalloproteinase 2 |
| s_3_sequence_trimmed_contig_50827 | -1.510423 | 1.4152943 | 1.84E-11 | XP_004206745 | PREDICTED: histone-lysine N-methyltransferase SETMAR-like [Hydra magnipapillata] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_25400 | -1.508688 | 1.3051839 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_20900 | -1.508688 | 1.3051839 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_17683 | -1.508246 | 1.3526879 | 4.59E-07 | BAA23282 | troponin C [Lethenteron camtschaticum] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_21585 | -1.507661 | 1.6439844 | 2.00E-30 | EGV97668 | Solute carrier family 13 member 3 [Cricetulus griseus] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_15326 | -1.507637 | 1.3126042 | 5.00E-37 | AEP02528 | CDH23, partial [Hipposideros armiger] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_144743 | -1.507018 | 1.4563323 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_22655 | -1.506277 | 1.8621184 | 0 | not available | |
| HMP1RHD01_(single)_trimmed_contig_1042 | -1.506085 | 1.414229 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_15812 | -1.50558 | 1.5501526 | 9.00E-14 | EPQ09271 | Lethal(3)malignant brain tumor-like protein 4 [Myotis brandtii] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_474 | -1.50528 | 2.0930905 | 7.00E-19 | WP_012138560 | AMP-binding domain protein [Marinobacter lipolyticus] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_28741 | -1.504539 | 1.3099563 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_14807 | -1.504539 | 1.3099563 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_157046 | -1.503533 | 1.987647 | 1.28E-10 | BAI40107 | beta-galactosidase [Brachionus plicatilis] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_10003 | -1.501199 | 1.3204525 | 0 | not available | |

表4-8. の続き

| コンティグ名 | log2(飽食 区_平均 RPKM / 給餌制限 区_平均 RPKM) | -log10(t- test_p- value) | e-value | Accession | Description |
|--|--|--------------------------------|-----------|---------------|--|
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_14740 | -1.500789 | 1.3807499 | 3.00E-05 | BAG55079 | toll-like receptor 10 [Pan paniscus] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_25555 | -1.499503 | 1.9922308 | 2.42E-68 | NP_001134536 | Argininosuccinate synthase [Salmo salar] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_34444 | -1.499435 | 1.4218605 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_71551 | -1.499435 | 1.4218605 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_161552 | -1.499435 | 1.4218605 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_143481 | -1.49936 | 1.3996185 | 1.66E-57 | BAH72278 | ACYPI005301 [Acyrtosiphon pisum] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_35736 | -1.497451 | 1.6458426 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_7919 | -1.49614 | 1.5666329 | 3.19E-78 | XP_001026696 | MYND finger family protein [Tetrahymena thermophila] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_174551 | -1.494415 | 2.1303343 | 8.00E-17 | ELK24727 | Angiopoietin-1 receptor [Myotis davidii] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_15945 | -1.494114 | 1.3295547 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_15070 | -1.493672 | 1.4417081 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_184283 | -1.49184 | 1.3416486 | 3.43E-30 | YP_007085548 | WD40 repeat-containing protein [Oscillatoria acuminata PCC 6304] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_234 | -1.491773 | 1.7472233 | 6.05E-51 | ELT94016 | hypothetical protein CAPTEDRAFT_222812 [Capitella teleta] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_144676 | -1.491608 | 1.6713362 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_23797 | -1.490713 | 1.6513071 | 3.00E-90 | EKC24818 | Prestin [Crassostrea gigas] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_12430 | -1.490243 | 1.741015 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_23517 | -1.489712 | 1.4832416 | 1.00E-46 | ACO14162 | Serine protease 27 precursor [Esox lucius] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_30077 | -1.48866 | 1.7602078 | 7.89E-38 | ABW83194 | white [Lucilia sericata] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_21639 | -1.488614 | 2.2352877 | 9.00E-11 | AAM76104 | AF483024_1 transposase [Boltonia villosa] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_175614 | -1.488569 | 1.6370828 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_92 | -1.486066 | 1.3542477 | 4.00E-83 | EMP25904 | Cysteine and histidine-rich protein 1-A [Chelonia mydas] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_23339 | -1.485246 | 1.422153 | 1.01E-125 | EFX71083 | hypothetical protein DAPPUDRAFT_256122 [Daphnia pulex] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_20883 | -1.485006 | 1.3460241 | 5.29E-11 | EHJ68577 | putative toll [Danaus plexippus] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_10841 | -1.484436 | 1.5172394 | 3.00E-15 | EMC80354 | Phospholipase D1 [Columba livia] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_7880 | -1.484084 | 1.8673657 | 1.00E-06 | Q80V70 | MEGF6_MOUSE RecName: Full=Multiple epidermal growth factor-like domains protein 6; Short=Multiple EGF-like domains protein 6; AltName: Full=Epidermal growth factor-like protein 3; Short=EGF-like protein 3; Flags: Precursor |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_6035 | -1.48031 | 1.4584399 | 2.11E-97 | XP_004997273 | acyloxyacyl hydrolase [Salpingoeca sp. ATCC 50818] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_167879 | -1.479606 | 1.6258131 | 1.00E-19 | EMC86634 | Insulin-like growth factor-binding protein complex acid labile chain, partial [Columba livia] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_95 | -1.478587 | 1.409737 | 9.49E-44 | NP_001087919 | ubiquitin domain-containing protein 1 [Xenopus laevis] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_21212 | -1.475991 | 1.7377524 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_20419 | -1.473216 | 1.617893 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_8650 | -1.470587 | 1.3118126 | 2.00E-13 | CBN81923 | Solute carrier organic anion transporter family member 5A1 [Dicentrarchus labrax] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_185076 | -1.467757 | 1.4855588 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_9617 | -1.466362 | 1.8326724 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_13083 | -1.465881 | 2.030653 | 6.00E-08 | BAB85636 | triglyceride lipase [Anguilla japonica] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_96 | -1.465741 | 1.4550833 | 8.02E-07 | NP_001087919 | ubiquitin domain-containing protein 1 [Xenopus laevis] |

表4-8. の続き

| コンティグ名 | log2(飽食 区_平均 _RPKM / 給餌制限 区_平均 _RPKM) | -log10(t- test_p- value) | e-value | Accession | Description |
|--|--|--------------------------------|------------|---------------|--|
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_170 | -1.461785 | 1.6743431 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_15433 | -1.461648 | 1.5644802 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_56952 | -1.459684 | 1.5219875 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_3402 | -1.456262 | 1.6981339 | 8.00E-57 | XP_004336510 | glycerol kinase [Acanthamoeba castellanii str. Neff] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_2824 | -1.45582 | 1.7512243 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_8672 | -1.455811 | 1.8565956 | 2.17E-51 | EKC23926 | unc-79-like protein [Crassostrea gigas] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_6342 | -1.455536 | 1.374093 | 4.00E-27 | ABD66019 | MADML longer variant [Xenopus laevis] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_31858 | -1.455469 | 1.3747496 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_50769 | -1.455469 | 1.3747496 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_174195 | -1.454331 | 1.4692229 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_11059 | -1.454298 | 1.4432501 | 2.00E-39 | GAA38832 | zinc finger protein 474 [Clonorchis sinensis] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_42832 | -1.452793 | 1.936423 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_3 | -1.450476 | 1.3092552 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_15345 | -1.45047 | 1.7279512 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_9456 | -1.450431 | 1.4593838 | 4.91E-10 | ACD01098 | ribosomal protein L11 [Adineta vaga] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_12582 | -1.45017 | 1.3162101 | 4.00E-112 | XP_002010738 | Gl21543 [Drosophila mojavensis] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_174834 | -1.448865 | 1.5879265 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_21175 | -1.447947 | 1.6107206 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_7894 | -1.446649 | 2.0966009 | 1.00E-05 | YP_004532026 | AAA ATPase [Treponema primitia ZAS-2] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_7798 | -1.44661 | 1.9008757 | 2.47E-72 | YP_003890644 | WD40 repeat-containing protein [Cyanotheca sp. PCC 7822] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_13729 | -1.442546 | 1.6651362 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_181775 | -1.441679 | 2.0453649 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_13192 | -1.441679 | 2.0453649 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_22665 | -1.441292 | 1.3849817 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_182585 | -1.440719 | 1.5388765 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_1511 | -1.43731 | 1.3138442 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_2006 | -1.43682 | 1.535591 | 1.00E-133 | XP_002047683 | GJ13565 [Drosophila virilis] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_143637 | -1.436284 | 1.777697 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_174796 | -1.435536 | 1.5615071 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_13647 | -1.434129 | 2.8564789 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_6273 | -1.433394 | 1.7471512 | 2.00E-86 | EHB01747 | unc-79-like protein [Heterocephalus glaber] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_98 | -1.43282 | 1.8046553 | 1.36E-34 | XP_002415510 | dehydrogenase kinase, putative [Ixodes scapularis] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_19378 | -1.432253 | 1.4577536 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_951 | -1.430861 | 1.3792748 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_174782 | -1.42991 | 2.4814036 | 2.7598E-12 | AFK10592 | decorin [Callorhinchus milii] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_162499 | -1.428227 | 1.3221712 | 4.57E-05 | XP_004211552 | PREDICTED: uncharacterized protein LOC101235069 [Hydra magnipapillata] |

表4-8. の続き

| コンティグ名 | log2(飽食 区_平均 _RPKM / 給餌制限 区_平均 _RPKM) | -log10(t- test_p- value) | e-value | Accession | Description |
|--|--|--------------------------------|------------|---------------|---|
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_15888 | -1.424002 | 1.4043029 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_15777 | -1.421455 | 1.6254872 | 7.00E-14 | NP_571938 | protein jagged-1b precursor [Danio rerio] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_53641 | -1.421389 | 1.3597389 | 1.00E-05 | AAL16724 | AF378002_1 putative transposase [Anopheles gambiae] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_21359 | -1.420937 | 1.3653118 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_13682 | -1.420685 | 1.4269657 | 6.67E-45 | NP_001087919 | ubiquitin domain-containing protein 1 [Xenopus laevis] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_6881 | -1.420584 | 1.3074551 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_174139 | -1.419242 | 1.5332527 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_2294 | -1.418748 | 1.7257151 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_15329 | -1.416004 | 1.5452555 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_8469 | -1.415187 | 2.218924 | 3.00E-25 | XP_002504525 | sterile alpha motif domain-containing protein [Micromonas sp. RCC299] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_143726 | -1.414968 | 2.0104522 | 6.00E-86 | EGI64323 | Recombination repair protein 1 [Acromyrmex echinator] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_25831 | -1.413587 | 1.7607738 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_19419 | -1.411287 | 2.2824038 | 2.142E-124 | FAA00207 | TPA: zinc finger protein [Ciona intestinalis] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_51946 | -1.410432 | 1.6740955 | 1.27E-08 | XP_001625298 | predicted protein [Nematostella vectensis] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_11732 | -1.410215 | 1.3287028 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_3802 | -1.408521 | 1.313973 | 5.00E-08 | EMP36936 | Amiloride-sensitive sodium channel subunit beta [Chelonia mydas] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_16695 | -1.407248 | 1.4940957 | 2.17E-29 | GAA42437 | Golgi-associated plant pathogenesis-related protein 1 [Clonorchis sinensis] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_23824 | -1.405482 | 1.8601147 | 2.00E-31 | EGI65756 | Protein unc-80-like protein [Acromyrmex echinator] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_22536 | -1.404564 | 1.668587 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_13155 | -1.402902 | 1.7805617 | 1.00E-36 | ELR61163 | Acyloxyacyl hydrolase [Bos grunniens mutus] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_11771 | -1.399166 | 1.3354022 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_11422 | -1.398974 | 1.783161 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_69785 | -1.398012 | 1.3488181 | 6.07E-06 | XP_004213156 | PREDICTED: uncharacterized protein LOC101240282, partial [Hydra magnipapillata] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_14804 | -1.397795 | 1.5231931 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_15983 | -1.396767 | 1.4002063 | 1.85E-58 | EFR20237 | hypothetical protein AND_20440 [Anopheles darlingi] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_15641 | -1.393987 | 1.3671245 | 3.00E-15 | XP_003368194 | KRAB-A domain-containing protein 2 [Trichinella spiralis] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_5250 | -1.393811 | 1.3974093 | 1.6303E-95 | EMP33530 | Long-chain-fatty-acid--CoA ligase ACSBG2 [Chelonia mydas] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_1467 | -1.393806 | 1.6617361 | 0 | not available | |
| HMP1RHD01(single)_trimmed_contig_2264 | -1.393734 | 1.5559332 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_7866 | -1.393327 | 1.9342185 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_61568 | -1.393064 | 1.422251 | 3.49E-07 | XP_001846390 | serine palmitoyltransferase [Culex quinquefasciatus] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_9793 | -1.390268 | 2.5034746 | 1.00E-31 | XP_001998895 | GI23376 [Drosophila mojavensis] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_5841 | -1.389078 | 1.8184928 | 7.03E-84 | EOB06345 | Rho GTPase-activating protein 7, partial [Anas platyrhynchos] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_1135 | -1.384 | 1.5449614 | 1.00E-16 | XP_002578071 | neuronal calcium sensor [Schistosoma mansoni] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_9813 | -1.383048 | 1.3288567 | 2.10E-23 | EGI68512 | Monocarboxylate transporter 12 [Acromyrmex echinator] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_18451 | -1.383004 | 1.4652912 | 0 | not available | |

表4-8. の続き

| コンティグ名 | log2(飽食 区_平均 _RPKM / 給餌制限 区_平均 _RPKM) | -log10(t- test_p- value) | e-value | Accession | Description |
|--|--|--------------------------------|------------|---------------|---|
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_17725 | -1.38228 | 1.531322 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_43551 | -1.382094 | 2.0341743 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_22330 | -1.381572 | 1.6489838 | 1.00E-11 | XP_002411483 | homeobox protein Pknox1, putative [Ixodes scapularis] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_22088 | -1.379757 | 1.4172508 | 1.79E-34 | ELU00245 | hypothetical protein CAPTEDRAFT_145836 [Capitella teleta] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_18188 | -1.37954 | 1.4411325 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_10383 | -1.379102 | 1.4021031 | 4.25E-06 | EJW86416 | hypothetical protein WUBG_02673 [Wuchereria bancrofti] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_143646 | -1.375791 | 1.828818 | 2.00E-14 | EMP25550 | CCR4-NOT transcription complex subunit 3 [Chelonia mydas] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_183099 | -1.375691 | 1.3542897 | 7.91E-26 | EKC22086 | Dynein heavy chain 2, axonemal [Crassostrea gigas] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_24212 | -1.375576 | 1.4140971 | 8.9597E-44 | XP_793486 | PREDICTED: ATP-binding cassette sub-family A member 1-like [Strongylocentrotus purpuratus] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_12004 | -1.373897 | 2.6527828 | 0 | not available | |
| HMP1RHD01_(single)_trimmed_contig_20014 | -1.373707 | 1.5978051 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_20151 | -1.373258 | 1.4236166 | 1.80E-62 | ELU16770 | hypothetical protein CAPTEDRAFT_135912, partial [Capitella teleta] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_6022 | -1.373242 | 1.3653626 | 3.00E-104 | EFN85413 | D repeat domain phosphoinositide-interacting protein 4 [Bos taurus] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_9897 | -1.372338 | 1.3205489 | 4.00E-26 | EKC41712 | Serine/threonine-protein kinase DCLK1 [Crassostrea gigas] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_1491 | -1.369236 | 1.5376148 | 5.90E-26 | XP_002427605 | mitochondrial carrier protein, putative [Pediculus humanus corporis] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_6646 | -1.369034 | 1.8879018 | 9.239E-113 | XP_004364690 | transmembrane protein 195 [Capsaspora owczarzaki ATCC 30864] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_181044 | -1.368901 | 2.7329912 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_16414 | -1.368702 | 1.7466721 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_17451 | -1.368124 | 1.4146966 | 4.76E-06 | XP_002604530 | hypothetical protein BRAFLDRAFT_79377 [Branchiostoma floridae] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_5084 | -1.366976 | 1.6793794 | 5.22E-83 | EFN68378 | Calpain-A [Camponotus floridanus] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_39123 | -1.36543 | 1.4626263 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_175437 | -1.364194 | 1.4434767 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_15279 | -1.36296 | 1.7196899 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_142224 | -1.362415 | 2.0804346 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_16085 | -1.36188 | 1.4246326 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_8362 | -1.361795 | 1.4914099 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_7737 | -1.361077 | 1.339712 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_21048 | -1.360669 | 1.4280365 | 4.40E-13 | ELU13430 | hypothetical protein CAPTEDRAFT_196520 [Capitella teleta] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_25853 | -1.360526 | 1.4887255 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_25878 | -1.360334 | 1.4424764 | 3.00E-07 | EKC35102 | Microtubule-associated protein 2 [Crassostrea gigas] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_142342 | -1.359915 | 1.7555423 | 0 | not available | |
| HMP1RHD01_(single)_trimmed_contig_6730 | -1.357888 | 1.452528 | 9.9896E-28 | XP_002909483 | proline synthetase co-transcribed bacterial protein [Phytophthora infestans T30-4] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_180600 | -1.356266 | 1.5232658 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_12348 | -1.355623 | 1.6146394 | 1.00E-48 | ACV87754 | AChE2 [Apis florea] |
| HMP1RHD01_(single)_trimmed_contig_8706 | -1.353435 | 1.7731176 | 5.00E-23 | XP_002054605 | GJ24546 [Drosophila virilis] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_22863 | -1.352508 | 1.6303372 | 0 | not available | |

表4-8. の続き

| コンティグ名 | log2(飽食 区_平均 _RPKM / 給餌制限 区_平均 _RPKM) | -log10(t- test_p- value) | e-value | Accession | Description |
|--|--|--------------------------------|----------|---------------|---|
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_13969 | -1.352482 | 1.5466659 | 1.66E-05 | XP_001639086 | predicted protein [Nematostella vectensis] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_13902 | -1.351651 | 1.7287269 | 2.00E-80 | NP_001001473 | amylase, alpha 2A; pancreatic precursor [Gallus gallus] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_17667 | -1.348787 | 1.3018139 | 3.14E-36 | ACL67843 | lipolytic enzyme [uncultured bacterium] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_154907 | -1.347432 | 1.3587731 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_6375 | -1.343955 | 1.5815631 | 4.00E-55 | EPQ11794 | Arf-GAP with SH3 domain, ANK repeat and PH domain-containing protein 1 [Myotis brandtii] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_14358 | -1.343529 | 1.6513162 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_21851 | -1.343184 | 1.3772106 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_21974 | -1.342034 | 1.7698063 | 3.10E-05 | XP_004208114 | PREDICTED: uncharacterized protein LOC101235555, partial [Hydra magnipapillata] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_8273 | -1.341796 | 1.3956263 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_13380 | -1.341655 | 1.8307383 | 3.00E-09 | AAY86043 | reverse transcriptase [Nullibrotheas allenii] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_45253 | -1.341602 | 1.4588879 | 1.00E-22 | EKC20476 | T-box transcription factor TBX2 [Crassostrea gigas] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_14118 | -1.341578 | 1.4525084 | 3.00E-88 | EFN82783 | G protein-coupled receptor kinase 2 [Harpegnathos saltator] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_50918 | -1.341512 | 1.3923816 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_169977 | -1.341512 | 1.3923816 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_10430 | -1.340636 | 1.6748745 | 1.92E-21 | XP_002063138 | GK21543 [Drosophila willistoni] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_24966 | -1.33667 | 1.8353278 | 4.00E-66 | ELK11594 | Zinc finger protein 474 [Pteropus alecto] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_4057 | -1.336383 | 1.4444434 | 8.00E-25 | AAA17752 | reverse transcriptase [Bombyx mori] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_144837 | -1.33561 | 1.3156272 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_23845 | -1.331035 | 1.8869283 | 9.00E-85 | NP_084348 | phospholipase B1, membrane-associated isoform 2 [Mus musculus] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_16999 | -1.330456 | 1.640752 | 2.00E-18 | WP_017408428 | acyltransferase [Aeromonas hydrophila] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_17815 | -1.32885 | 1.3784122 | 4.00E-32 | XP_002504525 | sterile alpha motif domain-containing protein [Micromonas sp. RCC299] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_144640 | -1.327882 | 1.7161172 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_24028 | -1.327444 | 1.7132607 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_13276 | -1.326657 | 1.5343241 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_175250 | -1.323938 | 1.4874953 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_725 | -1.322524 | 1.8920775 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_20053 | -1.31916 | 2.0555696 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_1629 | -1.318998 | 1.3223692 | 1.18E-28 | EFN76829 | 5'-AMP-activated protein kinase catalytic subunit alpha-2 [Harpegnathos saltator] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_7458 | -1.318759 | 1.5426619 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_164568 | -1.318544 | 1.4134426 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_15429 | -1.318544 | 1.4134426 | 0 | not available | |
| HMP1RHD01_(single)_trimmed_contig_9579 | -1.317963 | 1.6903598 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_153548 | -1.31575 | 2.3630482 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_4005 | -1.315118 | 2.1355555 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_173621 | -1.314704 | 1.6785843 | 1.29E-08 | ACF10400 | chitinase [Lethenteron camtschaticum] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_14177 | -1.31465 | 1.7807916 | 0 | not available | |

表4-8. の続き

| コンティグ名 | log2(飽食 区_平均 _RPKM / 給餌制限 区_平均 _RPKM) | -log10(t- test_p- value) | e-value | Accession | Description |
|--|--|--------------------------------|------------|---------------|--|
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_14799 | -1.314647 | 1.3917544 | 2.00E-05 | AEY81376 | cAMP-dependent protein kinase catalytic subunit beta transcript variant 5, partial [Mus musculus] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_148869 | -1.313377 | 1.4470654 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_143616 | -1.312991 | 1.5459194 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_174121 | -1.307693 | 1.4491062 | 8.92E-43 | BAK52536 | chitin synthase 1 [Nipponacmea fuscoviridis] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_2233 | -1.307693 | 1.4491062 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_175797 | -1.307693 | 1.4491062 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_22065 | -1.307632 | 1.8872254 | 1.00E-133 | EMC84479 | Serine/threonine-protein kinase PRKX, partial [Columba livia] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_8431 | -1.307318 | 2.3833526 | 7.00E-103 | NP_001029135 | serine/threonine-protein kinase PRKX [Rattus norvegicus] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_22943 | -1.30523 | 1.5378184 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_5732 | -1.304532 | 1.4882413 | 1.00E-123 | EKC40941 | WD repeat-containing protein 64 [Crassostrea gigas] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_16429 | -1.303749 | 1.5697299 | 1.99E-22 | XP_002512149 | BRASSINOSTEROID INSENSITIVE 1-associated receptor kinase 1 precursor, putative [Ricinus communis] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_8873 | -1.303432 | 1.3553379 | 2.00E-76 | EGW02393 | Battenin [Cricetulus griseus] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_9629 | -1.302625 | 1.3663143 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_15336 | -1.302579 | 1.6591979 | 1.04E-08 | XP_002547228 | GPI-anchored wall transfer protein 1 [Candida tropicalis MYA- 3404] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_15770 | -1.301697 | 1.4049568 | 2.99E-35 | WP_000024482 | glycosyl transferase [Bacillus cereus] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_10888 | -1.301689 | 1.4393445 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_145142 | -1.300901 | 1.4072089 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_204 | -1.300901 | 1.4072089 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_21486 | -1.299278 | 1.3817027 | 1.00E-06 | NP_999827 | polycystic kidney disease protein 2 [Strongylocentrotus purpuratus] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_14026 | -1.29896 | 1.4730264 | 4.00E-24 | ACJ12615 | neuroendocrine protein 7B2 precursor [Dermacentor variabilis] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_21470 | -1.298051 | 1.4284712 | 8.4897E-17 | XP_002589224 | hypothetical protein BRAFLDRAFT_213002 [Branchiostoma floridae] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_7223 | -1.29539 | 1.3112088 | 2.00E-83 | EFN64478 | GTP-binding protein 10-like protein [Camponotus floridanus] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_173399 | -1.292443 | 2.3690378 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_17966 | -1.292261 | 1.5368606 | 2.58E-92 | XP_003436384 | AGAP003077-PB [Anopheles gambiae str. PEST] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_15993 | -1.291303 | 1.7693114 | 9.00E-22 | CAC82205 | aminopeptidase [Meleagris gallopavo] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_1146 | -1.291065 | 2.484079 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_14248 | -1.289199 | 1.5190576 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_8846 | -1.288401 | 1.5646649 | 8.00E-140 | EFN66498 | 5'-AMP-activated protein kinase catalytic subunit alpha-2 [Camponotus floridanus] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_15717 | -1.286518 | 2.060499 | 3.00E-05 | XP_001958307 | GF10854 [Drosophila ananassae] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_49365 | -1.285672 | 1.4830463 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_13927 | -1.283881 | 2.5669221 | 1.00E-09 | WP_020634636 | glycerol kinase [Amycolatopsis alba] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_11143 | -1.28373 | 1.6461477 | 1.2699E-39 | ADN81154 | CAD [Cyclidia sericea] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_5943 | -1.283621 | 1.4680095 | 6.58E-81 | AFM90342 | cytochrome P450, family 46, subfamily A, polypeptide 1 [Callorhinchus milii] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_24501 | -1.282101 | 1.7355367 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_23328 | -1.281382 | 1.7716739 | 3.246E-121 | XP_002423550 | cAMP-dependent protein kinase catalytic subunit, putative [Pediculus humanus corporis] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_23832 | -1.279808 | 1.834536 | 6.00E-25 | EKC23719 | A disintegrin and metalloproteinase with thrombospondin motifs 1 [Crassostrea gigas] |

表4-8. の続き

| コンティグ名 | log2(飽食 区_平均 _RPKM / 給餌制限 区_平均 _RPKM) | -log10(t- test_p- value) | e-value | Accession | Description |
|--|--|--------------------------------|----------|---------------|--|
| s_3_sequence_trimmed_contig_151995 | -1.279164 | 1.7304138 | 2.00E-07 | WP_009282516 | Kyphoscoliosis peptidase [Fibrisoma limi] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_158323 | -1.278359 | 2.2409496 | 2.62E-16 | BAH28837 | catalase [Brachionus plicatilis] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_contig_17425 | -1.278064 | 1.4886609 | 2.00E-16 | CCD76660 | putative similar to Protein C20orf152 homolog [Schistosoma mansoni] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_contig_17230 | -1.27731 | 2.2196568 | 3.00E-11 | EGl61362 | T-complex protein 1 subunit alpha [Acromyrmex echinator] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_contig_15493 | -1.277212 | 1.3079436 | 0 | not available | |
| HMP1RHD01_(single)_trimmed_contig_10148 | -1.274871 | 1.4354314 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_163077 | -1.274322 | 1.5562684 | 1.18E-12 | ADQ39110 | putative cytochrome P-450 [Brachionus ibericus] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_43280 | -1.273672 | 1.5218231 | 4.71E-39 | EKC32609 | Beta-1,4-N-acetylgalactosaminyltransferase bre-4 [Crassostrea gigas] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_9215 | -1.272632 | 1.7091561 | 2.00E-05 | XP_315104 | AGAP005001-PB [Anopheles gambiae str. PEST] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_10592 | -1.271432 | 1.7580016 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_contig_11729 | -1.269847 | 1.3563414 | 9.00E-07 | EKC38926 | Halomucin [Crassostrea gigas] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_contig_7485 | -1.269497 | 1.5170096 | 5.00E-37 | AAS87603 | cytochrome P450 CYP331A1 [Capitella capitata] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_173930 | -1.269373 | 1.5187265 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_25165 | -1.269114 | 1.3489715 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_144779 | -1.268401 | 1.9858037 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_14512 | -1.267672 | 2.1012575 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_contig_9619 | -1.2659 | 1.4835375 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_156322 | -1.265128 | 1.7693423 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_contig_9705 | -1.264937 | 1.6249589 | 7.00E-11 | EKC39908 | Cryptochrome-1 [Crassostrea gigas] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_contig_6552 | -1.264489 | 1.3464159 | 1.23E-90 | WP_008512749 | putative hydrolase, CocE/NonD family [Methanobacterium sp. Maddingley MBC34] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_contig_18053 | -1.264005 | 2.2984658 | 6.00E-13 | XP_002404540 | denn domain-containing protein, putative [Ixodes scapularis] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_12452 | -1.263323 | 2.4889237 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_contig_1363 | -1.262156 | 1.6600562 | 0 | NP_694498 | homogentisate 1,2-dioxygenase [Danio rerio] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_contig_24871 | -1.261663 | 1.6297644 | 2.00E-09 | EKC27498 | EF-hand domain-containing protein C3orf125-like protein [Crassostrea gigas] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_contig_23987 | -1.261066 | 2.0690872 | 8.00E-25 | ADM16639 | transposase [Meloidogyne javanica] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_contig_7519 | -1.259909 | 1.4553071 | 9.00E-24 | XP_002009412 | GI15248 [Drosophila mojavensis] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_contig_6049 | -1.258722 | 1.9076991 | 0 | EKC25677 | Ankyrin repeat domain-containing protein 5 [Crassostrea gigas] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_contig_9323 | -1.258289 | 1.4043621 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_contig_22800 | -1.256726 | 1.9286624 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_contig_18782 | -1.256054 | 2.0879538 | 1.00E-05 | XP_002070374 | GK12017 [Drosophila willistoni] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_32709 | -1.255901 | 1.413005 | 5.08E-23 | ELT88363 | hypothetical protein CAPTEDRAFT_195648 [Capitella teleta] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_4519 | -1.255901 | 1.413005 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_14404 | -1.255901 | 1.413005 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_contig_2614 | -1.255797 | 1.7266706 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_7943 | -1.255661 | 1.5362705 | 7.00E-06 | EKC43026 | Vacuolar protein sorting-associated protein 13C [Crassostrea gigas] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_28069 | -1.255629 | 1.9274483 | 0 | not available | |

表4-8. の続き

| コンティグ名 | log2(飽食 区_平均 _RPKM / 給餌制限 区_平均 _RPKM) | -log10(t- test_p- value) | e-value | Accession | Description |
|--|--|--------------------------------|------------|---------------|---|
| s_3_sequence_trimmed_contig_13977 | -1.251427 | 1.6513201 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_15331 | -1.250557 | 1.3218297 | 1.62E-36 | ELT90573 | hypothetical protein CAPTEDRAFT_209626 [Capitella teleta] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_25102 | -1.249516 | 1.5534751 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_11953 | -1.247734 | 1.4356665 | 1.00E-29 | NP_504451 | Protein T05C3.2 [Caenorhabditis elegans] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_22518 | -1.245345 | 1.3827882 | 1.5101E-12 | EFN68830 | Transient receptor potential channel pyrexia [Camponotus floridanus] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_11503 | -1.244305 | 1.5391423 | 2.72E-16 | ACD37567 | GPCR [Philodina roseola] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_151410 | -1.243507 | 1.4782124 | 5.02E-35 | CAJ00236 | TPA: endonuclease-reverse transcriptase [Schistosoma mansoni] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_8065 | -1.242314 | 1.3305364 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_9524 | -1.241189 | 1.3154321 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_173827 | -1.241108 | 1.7504431 | 4.00E-09 | EHJ70865 | endonuclease-reverse transcriptase [Danaus plexippus] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_45093 | -1.240392 | 1.5534672 | 1.00E-74 | EMP38719 | Potassium voltage-gated channel subfamily H member 7, partial [Chelonia mydas] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_11472 | -1.239415 | 2.0530747 | 8.83E-12 | EKC27498 | EF-hand domain-containing protein C3orf25-like protein [Crassostrea gigas] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_143869 | -1.239327 | 1.8965808 | 8.00E-06 | AFK76485 | toll-like receptor 22a, partial [Gadus morhua] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_8220 | -1.238716 | 1.5068571 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_14372 | -1.238646 | 1.7026107 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_15154 | -1.236722 | 2.2780925 | 1.00E-57 | EKC41468 | WD repeat-containing protein 86 [Crassostrea gigas] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_22886 | -1.236659 | 2.5295019 | 3.00E-05 | EKC20035 | Location of vulva defective 1 [Crassostrea gigas] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_14844 | -1.23531 | 1.4103762 | 3.19E-35 | NP_001166992 | neuroligin-3 precursor [Gallus gallus] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_6468 | -1.234274 | 2.1286199 | 3.94E-50 | CAA10218 | sodium-calcium exchanger 1 [Oncorhynchus mykiss] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_10483 | -1.23383 | 1.8234676 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_8207 | -1.232968 | 1.9891645 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_9475 | -1.232292 | 2.0778761 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_10403 | -1.230854 | 1.8451345 | 3.82E-52 | YP_005847550 | beta-glucosidase [Ignavibacterium album JCM 16511] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_23697 | -1.230089 | 1.3593598 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_158585 | -1.229643 | 1.7694353 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_13751 | -1.229535 | 1.3410209 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_19598 | -1.227933 | 1.306185 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_7339 | -1.227247 | 1.3490139 | 2.00E-07 | XP_002428266 | ubiquitin carboxyl-terminal hydrolase, putative [Pediculus humanus corporis] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_15902 | -1.227139 | 1.739433 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_5574 | -1.227037 | 2.0498961 | 1.54E-33 | XP_001987020 | GH20200 [Drosophila grimshawi] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_33107 | -1.226736 | 1.4385179 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_18134 | -1.225893 | 1.5889286 | 3.00E-58 | DAA22897 | TPA: UNCoordinated family member (unc-44)-like [Bos taurus] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_18952 | -1.225558 | 2.0890304 | 5.05E-31 | YP_728691 | amidase [Ralstonia eutropha H16] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_18632 | -1.225368 | 1.5478527 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_3931 | -1.224648 | 1.5093676 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_17974 | -1.224514 | 1.3445952 | 1.00E-11 | AAL76117 | epidermal growth factor receptor pathway substrate 8 related protein 1 [Homo sapiens] |

表4-8. の続き

| コンティグ名 | log2(飽食 区_平均 _RPKM / 給餌制限 区_平均 _RPKM) | -log10(t- test_p- value) | e-value | Accession | Description |
|--|--|--------------------------------|------------|---------------|--|
| s_3_sequence_trimmed_contig_12805 | -1.22436 | 1.3785675 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_12961 | -1.224045 | 1.4536001 | 0 | not available | |
| HMP1RHD01_(single)_trimmed_contig_24827 | -1.223881 | 1.7113023 | 5.00E-80 | EKC34800 | Ras-related protein Rab-39B [Crassostrea gigas] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_10224 | -1.22339 | 1.868711 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_5704 | -1.223289 | 1.3165403 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_4492 | -1.223189 | 1.8534043 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_12609 | -1.220664 | 1.396502 | 2.81E-08 | XP_001628493 | predicted protein [Nematostella vectensis] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_15322 | -1.220017 | 1.4173853 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_6360 | -1.220009 | 1.4729623 | 5.00E-67 | EKC27816 | unc-80-like protein [Crassostrea gigas] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_145744 | -1.21953 | 1.7761865 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_15963 | -1.218937 | 1.7154648 | 8.34E-37 | GAA50183 | diacylglycerol kinase, partial [Clonorchis sinensis] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_2898 | -1.218556 | 1.6623651 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_181882 | -1.218298 | 1.6537896 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_18429 | -1.217811 | 1.6675995 | 3.00E-21 | NP_001084638 | solute carrier family 33 (acetyl-CoA transporter), member 1 [Xenopus laevis] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_50275 | -1.217108 | 2.0913161 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_20840 | -1.213878 | 1.6695805 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_19345 | -1.213257 | 1.6430508 | 4.50E-17 | EKC34929 | Malignant fibrous histiocytoma-amplified sequence 1-like protein [Crassostrea gigas] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_29766 | -1.21224 | 1.3689949 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_33400 | -1.208681 | 1.4468859 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_71136 | -1.208542 | 1.4608986 | 4.00E-14 | EGV91327 | 14-3-3 protein epsilon [Cricetulus griseus] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_11593 | -1.208353 | 1.3026031 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_21176 | -1.208331 | 1.6517646 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_22290 | -1.207716 | 1.3189067 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_22565 | -1.207654 | 2.0534359 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_5309 | -1.207402 | 1.384221 | 9.00E-40 | EKC18751 | F-box/WD repeat-containing protein 7 [Crassostrea gigas] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_143134 | -1.207193 | 1.6223749 | 1.32E-34 | O15973 | RecName: Full=Rhodopsin, GQ-coupled; AltName: Full=GQ-rhodopsin |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_14458 | -1.207169 | 1.4285817 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_2354 | -1.206766 | 1.4298878 | 4.1797E-28 | EFN87608 | Protein translocase subunit secA [Harpegnathos saltator] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_18178 | -1.206004 | 1.9193341 | 3.5603E-15 | EKC28134 | FMRFamide receptor [Crassostrea gigas] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_23372 | -1.205284 | 1.4310116 | 8.02E-50 | XP_001649464 | saccharopine dehydrogenase [Aedes aegypti] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_174910 | -1.205091 | 2.0325976 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_42339 | -1.205091 | 2.0325976 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_6128 | -1.204252 | 1.4764676 | 1.00E-96 | EFN60911 | Serine/threonine-protein kinase ULK2 [Camponotus floridanus] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_53390 | -1.203974 | 1.7837721 | 5.00E-07 | ADQ39110 | putative cytochrome P-450 [Brachionus ibericus] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_555 | -1.202776 | 2.2586655 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_8855 | -1.202422 | 1.7177596 | 7.27E-80 | EKC27818 | Transient receptor potential cation channel subfamily V member 6 [Crassostrea gigas] |

表4-8. の続き

| コンティグ名 | log2(飽食 区_平均 _RPKM / 給餌制限 区_平均 _RPKM) | -log10(t- test_p- value) | e-value | Accession | Description |
|--|--|--------------------------------|------------|---------------|---|
| s_3_sequence_trimmed_contig_144707 | -1.202378 | 1.5195517 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_5651 | -1.20182 | 1.3439241 | 3.63E-73 | YP_007872615 | ribitol kinase [Raoultella ornithinolytica B6] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_16809 | -1.201649 | 1.5636589 | 9.00E-23 | XP_002033153 | GM21159 [Drosophila sechellia] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_19633 | -1.199444 | 1.3789326 | 2.00E-18 | EKC20775 | CDP-diacylglycerol--glycerol-3-phosphate 3- phosphatidyltransferase, mitochondrial [Crassostrea gigas] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_753 | -1.198282 | 1.4617442 | 4.00E-10 | ABN58714 | pol-like protein [Biomphalaria glabrata] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_2773 | -1.19764 | 1.7999025 | 7.00E-52 | AAA36615 | src-like tyrosine kinase (put.); putative [Homo sapiens] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_162385 | -1.197175 | 1.8365264 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_65553 | -1.197075 | 1.3075188 | 5.00E-24 | NP_001096973 | transport and golgi organization 13, isoform C [Drosophila melanogaster] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_143953 | -1.196779 | 1.5229755 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_27115 | -1.194896 | 1.4303807 | 3.07E-06 | XP_002596196 | hypothetical protein BRAFLDRAFT_167347 [Branchiostoma floridae] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_9363 | -1.194586 | 1.7075205 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_27586 | -1.194123 | 1.3448153 | 0 | not available | |
| HMP1RHD01_(single)_trimmed_contig_991 | -1.193344 | 1.4797697 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_11745 | -1.191442 | 1.7408032 | 2.80E-21 | EHJ65450 | putative endonuclease and reverse transcriptase-like protein [Danaus plexippus] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_23841 | -1.191039 | 1.4852246 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_23928 | -1.19091 | 1.6910291 | 1.09E-11 | AFZ78840 | carboxypeptidase [Coptotermes formosanus] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_53403 | -1.190739 | 1.5108992 | 7.00E-24 | EFN65056 | Protein NipSnap [Camponotus floridanus] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_20273 | -1.190074 | 1.3216346 | 4.77E-11 | XP_002070427 | GK11037 [Drosophila willistoni] |
| HMP1RHD01_(single)_trimmed_contig_10747 | -1.189953 | 1.4971922 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_13482 | -1.188996 | 1.4741216 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_2215 | -1.188844 | 2.4636902 | 3.00E-64 | ACB72248 | pyruvate dehydrogenase kinase 4 [Fundulus heteroclitus] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_1337 | -1.188791 | 1.3557176 | 4.00E-16 | XP_001977421 | GG18262 [Drosophila erecta] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_10097 | -1.188074 | 1.5245519 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_6820 | -1.185994 | 1.4198476 | 1.66E-47 | ELT91033 | hypothetical protein CAPTEDRAFT_168755 [Capitella teleta] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_13927 | -1.183403 | 1.9529999 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_19952 | -1.183345 | 1.7414817 | 1.28E-27 | XP_002645637 | C. briggsae CBR-DEL-1 protein [Caenorhabditis briggsae] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_12599 | -1.182998 | 2.4945723 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_143495 | -1.182701 | 2.2436912 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_15827 | -1.178874 | 1.3286867 | 1.028E-100 | AAI61122 | LOC100145483 protein [Xenopus (Silurana) tropicalis] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_17049 | -1.178757 | 1.4866475 | 1.857E-100 | BAF64529 | peptidylglycine alpha-hydroxylating monooxygenase [Procambarus clarkii] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_7855 | -1.178192 | 1.5931863 | 2.49E-82 | XP_647583 | protein serine/threonine kinase [Dictyostelium discoideum AX4] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_15528 | -1.178129 | 1.4508658 | 0 | not available | |
| HMP1RHD01_(single)_trimmed_contig_7853 | -1.17752 | 1.3605278 | 3.00E-32 | NP_001027624 | radial spoke 3 protein [Ciona intestinalis] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_11352 | -1.177179 | 1.5844043 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_9104 | -1.176454 | 1.6089157 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_5524 | -1.176347 | 1.5164342 | 9.40E-41 | ACI46638 | serine proteinase [Portunus trituberculatus] |

表4-8. の続き

| コンティグ名 | log2(飽食 区_平均 _RPKM / 餓餓制限 区_平均 _RPKM) | -log10(t- test_p- value) | e-value | Accession | Description |
|--|--|--------------------------------|-----------|---------------|--|
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_23821 | -1.176287 | 1.9356232 | 2.76E-80 | EKC40186 | hypothetical protein CGI_10027830 [Crassostrea gigas] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_18811 | -1.176097 | 1.6188741 | 3.00E-15 | CBN81288 | Coiled-coil domain-containing protein C16orf93 homolog [Dacentrarchus labrax] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_21247 | -1.175895 | 1.5732328 | 1.33E-24 | EKC33348 | Carboxylesterase 7 [Crassostrea gigas] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_7285 | -1.175753 | 1.840654 | 1.00E-15 | YP_001520474 | WD repeat-containing protein [Acaryochloris marina MBIC11017] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_16327 | -1.175507 | 1.4995158 | 7.91E-15 | ELV10333 | Cystatin-B [Tupaia chinensis] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_14902 | -1.175451 | 1.4340523 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_25810 | -1.174971 | 1.4483943 | 9.04E-17 | EKC40186 | hypothetical protein CGI_10027830 [Crassostrea gigas] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_18535 | -1.174778 | 1.578676 | 1.19E-51 | ADQ39094 | cytochrome P450 3A39 [Brachionus ibericus] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_159724 | -1.172015 | 1.3052424 | 7.00E-08 | EKC35877 | Acetolactate synthase-like protein [Crassostrea gigas] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_15590 | -1.171955 | 1.4325294 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_5874 | -1.171627 | 2.2369779 | 2.00E-42 | XP_003113615 | CRE-SNT-1 protein [Caenorhabditis remanei] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_25819 | -1.171122 | 1.6340374 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_22951 | -1.170689 | 1.8516849 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_33 | -1.170687 | 2.0076232 | 5.00E-72 | EOB06486 | Peroxidasin-like protein, partial [Anas platyrhynchos] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_6571 | -1.16929 | 1.7559705 | 8.00E-64 | NP_001070815 | sperm-tail PG-rich repeat-containing protein 2 [Danio rerio] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_17744 | -1.169168 | 1.3162297 | 6.00E-80 | EKC18235 | Lipoma-preferred partner-like protein [Crassostrea gigas] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_16099 | -1.167549 | 1.6586844 | 5.20E-12 | AAL57609 | reverse transcriptase [Drosophila melanogaster] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_6996 | -1.16725 | 1.3056001 | 2.54E-25 | EFN85653 | Protein phosphatase PTC7-like protein [Harpegnathos saltator] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_22168 | -1.167112 | 1.7368748 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_142294 | -1.1651 | 1.668731 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_11415 | -1.164649 | 1.4733756 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_9037 | -1.164416 | 1.8781543 | 2.28E-06 | EPQ07935 | Melanoma inhibitory activity protein 3 [Myotis brandtii] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_4181 | -1.16392 | 1.5632376 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_25630 | -1.163876 | 2.1652262 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_182664 | -1.163033 | 1.4557733 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_8814 | -1.162151 | 1.3040356 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_7695 | -1.161594 | 1.8465757 | 5.00E-05 | EG162764 | 1-acyl-sn-glycerol-3-phosphate acyltransferase alpha [Acromyrmex echinator] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_62055 | -1.160844 | 1.7127778 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_17964 | -1.160329 | 1.391404 | 1.31E-13 | XP_002668194 | predicted protein [Naegleria gruberi] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_25093 | -1.158793 | 1.3861451 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_18353 | -1.15862 | 1.3139919 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_23335 | -1.158389 | 1.6300397 | 4.00E-112 | XP_002429770 | alpha-1 catenin, putative [Pediculus humanus corporis] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_7967 | -1.158078 | 1.3699126 | 9.29E-10 | EKC18758 | Non-neuronal cytoplasmic intermediate filament protein [Crassostrea gigas] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_17632 | -1.157336 | 1.3963046 | 1.60E-22 | XP_004395371 | PREDICTED: protein fem-1 homolog A isoform 2 [Odobenus rosmarinus divergens] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_11200 | -1.155599 | 1.6495628 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_671 | -1.154169 | 1.5501462 | 0 | not available | |

表4-8. の続き

| コンティグ名 | log2(飽食 区_平均 _RPKM / 給餌制限 区_平均 _RPKM) | -log10(t- test_p- value) | e-value | Accession | Description |
|--|--|--------------------------------|------------|---------------|---|
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_15257 | -1.153839 | 1.6825383 | 2.77E-13 | EFA85454 | fatty acyl-CoA synthetase [Polysphondylium pallidum PN500] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_19470 | -1.153409 | 1.779603 | 1.00E-12 | EMD32925 | glycosyltransferase family 8 protein [Ceriporiopsis subvermispora B] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_5819 | -1.153323 | 1.350169 | 5.00E-34 | AAQ91843 | forkhead transcription factor L2 [Macropus eugenii] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_183413 | -1.152717 | 2.2288374 | 0 | not available | |
| HMP1RHD01_(single)_trimmed_contig_7046 | -1.152717 | 1.7751794 | 6.00E-27 | EKC18447 | Deleted in lung and esophageal cancer protein 1 [Crassostrea gigas] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_22856 | -1.152109 | 1.4337307 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_5419 | -1.151427 | 1.398401 | 8.4097E-75 | XP_002937050 | PREDICTED: WD repeat-containing protein 49-like [Xenopus (Silurana) tropicalis] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_18419 | -1.150551 | 1.8900648 | 1.10E-107 | EKC28487 | Protein ETHE1, mitochondrial [Crassostrea gigas] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_7446 | -1.148036 | 1.4208686 | 2.01E-34 | ELT93489 | hypothetical protein CAPTEDRAFT_123695 [Capitella teleta] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_7722 | -1.1478 | 1.734044 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_19905 | -1.147561 | 1.3241543 | 2.00E-48 | XP_002138089 | GA27584, partial [Drosophila pseudoobscura pseudoobscura] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_6785 | -1.147248 | 1.3306087 | 5.36E-06 | XP_004637352 | PREDICTED: TELO2-interacting protein 2 [Octodon degus] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_14886 | -1.14712 | 1.8148275 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_18909 | -1.1471 | 2.1148111 | 2.12E-18 | NP_001191549 | soluble guanylate cyclase subunit [Aplysia californica] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_24908 | -1.146576 | 1.8683409 | 4.83E-07 | XP_004346589 | RNA recognition motif domain containing protein [Acanthamoeba castellanii str. Neff] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_20159 | -1.146226 | 1.447878 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_8463 | -1.145443 | 2.0222733 | 8.77E-71 | EMP37241 | Glutaryl-CoA dehydrogenase [Chelonia mydas] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_16566 | -1.145165 | 1.422594 | 1.1603E-30 | EKC33724 | EF-hand domain-containing protein D1 [Crassostrea gigas] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_21374 | -1.144981 | 1.4787099 | 7.39E-98 | 1XZZ_A | Chain A, Crystal Structure Of The Ligand Binding Suppressor Domain Of Type 1 Inositol 1,4,5-trisphosphate Receptor |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_13615 | -1.144703 | 1.3035842 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_8357 | -1.144172 | 1.5349053 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_47453 | -1.143847 | 2.9452452 | 0 | not available | |
| HMP1RHD01_(single)_trimmed_contig_13294 | -1.143249 | 1.7757934 | 8.33E-49 | YP_007163338 | long-chain-fatty-acid--CoA ligase [Cyanobacterium aponinum PCC 10605] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_227 | -1.141336 | 1.3189663 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_16230 | -1.140685 | 1.4303448 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_181475 | -1.139268 | 1.4835674 | 0 | not available | |
| HMP1RHD01_(single)_trimmed_contig_24377 | -1.139267 | 1.3325586 | 2.00E-104 | EHHS7304 | Putative family 31 glucosidase KIAA1161 [Macaca fascicularis] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_11357 | -1.138543 | 1.4159632 | 1.84E-34 | AFS34618 | cycle, partial [Clunio marinus] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_173385 | -1.137697 | 1.603101 | 2.08E-11 | XP_004212042 | PREDICTED: uncharacterized protein LOC101236504, partial [Hydra magnipapillata] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_156293 | -1.137533 | 1.6279306 | 3.3502E-07 | XP_004206662 | PREDICTED: uncharacterized protein LOC101234925 [Hydra magnipapillata] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_8363 | -1.136927 | 1.8092807 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_28692 | -1.136198 | 1.6279483 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_12089 | -1.135918 | 1.6388756 | 4.00E-150 | NP_001038770 | tubulin monoglycylase TTLL3 [Danio rerio] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_167022 | -1.135892 | 1.4545115 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_13016 | -1.135786 | 1.4702475 | 4.00E-16 | NP_001088562 | rho GTPase-activating protein 26 [Xenopus laevis] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_15314 | -1.135596 | 1.6939149 | 2.00E-10 | ELR49365 | Amiloride-sensitive sodium channel subunit gamma [Bos grunniens mutus] |

表4-8. の続き

| コンティグ名 | log2(飽食 区_平均 _RPKM / 給餌制限 区_平均 _RPKM) | -log10(t- test_p- value) | e-value | Accession | Description |
|--|--|--------------------------------|------------|---------------|--|
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_13015 | -1.133073 | 1.8151113 | 1.00E-48 | EKC34650 | Carboxypeptidase B [Crassostrea gigas] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_159227 | -1.133001 | 1.3361685 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_8222 | -1.132855 | 1.4324151 | 1.32E-34 | EKC37494 | hypothetical protein CGI_10018109 [Crassostrea gigas] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_143940 | -1.130041 | 1.9800117 | 2.00E-13 | XP_001979315 | GG24498 [Drosophila erecta] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_25748 | -1.129549 | 1.3959458 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_160617 | -1.128336 | 1.4577772 | 1.12E-33 | XP_004207265 | PREDICTED: RNA-directed DNA polymerase from mobile element jockey-like [Hydra magnipapillata] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_17712 | -1.128219 | 1.6137646 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_164623 | -1.128042 | 1.487846 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_4952 | -1.127771 | 1.5018071 | 6.00E-102 | EKC27906 | Hormonally up-regulated neu tumor-associated kinase [Crassostrea gigas] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_9249 | -1.127603 | 1.7645237 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_173375 | -1.1275 | 1.3237267 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_10237 | -1.126596 | 1.4463562 | 4.00E-29 | EGl63518 | Protein Star [Acromyrmex echinator] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_22062 | -1.126299 | 1.666967 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_12419 | -1.125108 | 1.6572325 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_5534 | -1.123516 | 1.5160302 | 3.00E-47 | EKC34084 | Spermatogenesis-associated protein 18-like protein [Crassostrea gigas] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_3712 | -1.122217 | 2.730808 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_5435 | -1.121961 | 1.5743946 | 3.554E-123 | EKC40200 | Protein polyglycylase TTLL10 [Crassostrea gigas] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_14038 | -1.120376 | 1.6846422 | 3.00E-11 | GAA54397 | WD repeat-containing protein 65, partial [Clonorchis sinensis] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_3519 | -1.120287 | 1.4283291 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_21005 | -1.119834 | 1.3053165 | 5.50E-08 | EIE78129 | hypothetical protein RO3G_02833 [Rhizopus delemar RA 99-880] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_145014 | -1.119834 | 1.3053165 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_23216 | -1.119751 | 1.9769291 | 3.00E-88 | NP_001090572 | digestive organ expansion factor homolog [Xenopus laevis] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_160316 | -1.119751 | 1.9769291 | 2.19E-06 | AAR29960 | calreticulin [Ixodes woodi] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_145414 | -1.119751 | 1.9769291 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_14413 | -1.119751 | 1.9769291 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_184190 | -1.119751 | 1.9769291 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_145466 | -1.119751 | 1.9769291 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_16852 | -1.119661 | 1.4558176 | 1.4397E-47 | EKC35642 | Autocrine proliferation repressor protein A [Crassostrea gigas] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_11285 | -1.119467 | 1.4517559 | 4.05E-15 | ELU04076 | hypothetical protein CAPTEDRAFT_225603 [Capitella teleta] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_14816 | -1.119374 | 1.325227 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_143490 | -1.11918 | 1.4715572 | 1.76E-29 | YP_722799 | WD-40 repeat-containing protein [Trichodesmium erythraeum IMS101] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_11027 | -1.119025 | 1.410588 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_18140 | -1.117861 | 1.8675735 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_25370 | -1.117818 | 1.8325689 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_777 | -1.117657 | 1.9813791 | 1.00E-17 | EJD75259 | rab-3-interacting molecule unc-10 [Loa loa] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_21143 | -1.116743 | 1.6270608 | 5.00E-28 | NP_001186348 | KIAA1841 protein [Gallus gallus] |

表4-8. の続き

| コンティグ名 | log2(飽食 区_平均 _RPKM / 給餌制限 区_平均 _RPKM) | -log10(t- test_p- value) | e-value | Accession | Description |
|--|--|--------------------------------|------------|---------------|---|
| s_3_sequence_trimmed_contig_155756 | -1.116589 | 1.7862981 | 4.00E-29 | AAL16724 | AF378002_1 putative transposase [Anopheles gambiae] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_23211 | -1.116453 | 2.0109165 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_23554 | -1.115376 | 2.2138156 | 5.00E-43 | EOA99582 | Calcyphosin-2, partial [Anas platyrhynchos] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_9143 | -1.114586 | 1.4797268 | 6.64E-47 | NP_001073017 | forkhead transcription factor J2 [Strongylocentrotus purpuratus] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_24790 | -1.113698 | 1.404126 | 2.31E-47 | XP_002735539 | PREDICTED: ecdysis triggering hormone receptor subtype B-like [Saccoglossus kowalevskii] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_732 | -1.112126 | 1.3559216 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_23119 | -1.11191 | 1.5608506 | 3.00E-53 | NP_001070815 | sperm-tail PG-rich repeat-containing protein 2 [Danio rerio] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_169364 | -1.111549 | 1.4122098 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_24357 | -1.111505 | 1.3027172 | 9.446E-104 | EAW71596 | hCG21815, isoform CRA_a [Homo sapiens] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_42265 | -1.111422 | 1.3693713 | 8.00E-38 | XP_309486 | AGAP011163-PA [Anopheles gambiae str. PEST] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_21998 | -1.111085 | 1.343733 | 3.00E-07 | AEI69377 | acyl-CoA synthetase family member 3, partial [Canis lupus familiaris] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_23227 | -1.110993 | 2.0885023 | 1.00E-57 | XP_002431052 | Long-chain-fatty-acid--CoA ligase, putative [Pediculus humanus corporis] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_174004 | -1.109563 | 1.5150977 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_8670 | -1.109538 | 1.3843763 | 3.00E-103 | EDK98039 | mCG128594, isoform CRA_a [Mus musculus] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_11279 | -1.109013 | 1.6741526 | 5.00E-72 | EKC36585 | Angiotensin-converting enzyme [Crassostrea gigas] |
| HMP1RHD01_(single)_trimmed_contig_786 | -1.108749 | 1.6015073 | 5.29E-21 | EJT48664 | acyl-CoA oxidase [Trichosporon asahii var. asahii CBS 2479] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_49196 | -1.108316 | 2.1444113 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_22611 | -1.10782 | 1.3965906 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_20767 | -1.107537 | 2.0422117 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_173736 | -1.107086 | 1.4163355 | 1.36E-10 | EPR12946 | glycosyl transferase [Clostridium papyrosolvens C7] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_14305 | -1.106463 | 1.5514883 | 2.00E-19 | EKC40817 | Beta-1,3-galactosyltransferase 1 [Crassostrea gigas] |
| HMP1RHD01_(single)_trimmed_contig_2772 | -1.10619 | 1.9068207 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_15177 | -1.105628 | 1.5240714 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_24765 | -1.104241 | 1.6285597 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_12523 | -1.104079 | 1.486107 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_7500 | -1.103331 | 2.0845731 | 7.56E-70 | EKC40197 | Solute carrier family 2, facilitated glucose transporter member 1 [Crassostrea gigas] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_20196 | -1.102629 | 1.4251337 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_11654 | -1.102322 | 1.3407496 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_23241 | -1.101399 | 1.5814625 | 6.129E-132 | 2VQW_G | Chain G, Structure Of Inhibitor-Free Hdac4 Catalytic Domain (With Gain-Of-Function Mutation His332tyr) |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_14881 | -1.09997 | 1.7717709 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_11143 | -1.099566 | 1.5087366 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_11514 | -1.099068 | 1.9355168 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_146214 | -1.098276 | 1.356851 | 6.43E-34 | ELU14920 | hypothetical protein CAPTEDRAFT_163530 [Capitella teleta] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_11288 | -1.098006 | 1.439217 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_24652 | -1.095285 | 1.6412721 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_19056 | -1.094698 | 1.7337402 | 2.00E-19 | NP_001120635 | poly (ADP-ribose) polymerase family, member 3 [Xenopus (Silurana) tropicalis] |

表4-8. の続き

| コンティグ名 | log2(飽食 区_平均 _RPKM / 餓制限 区_平均 _RPKM) | -log10(t- test_p- value) | e-value | Accession | Description |
|--|---|--------------------------------|------------|---------------|---|
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_21024 | -1.094055 | 1.6543386 | 1.00E-22 | ELR46428 | Fukutin [Bos grunniens mutus] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_20388 | -1.092368 | 1.361819 | 1.63E-51 | YP_003797217 | putative serine kinase HipA [Candidatus Nitrospira defluvii] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_24084 | -1.09158 | 2.0952468 | 3.00E-85 | EKC22037 | Coiled-coil domain-containing protein 65 [Crassostrea gigas] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_3521 | -1.091554 | 2.2781495 | 6.00E-174 | EKC32320 | Kinesin-related protein 1 [Crassostrea gigas] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_77095 | -1.091319 | 1.4142831 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_42437 | -1.090414 | 1.3491945 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_15053 | -1.09012 | 1.4617608 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_14317 | -1.089943 | 2.3097778 | 4.682E-119 | AFM73660 | glutamate decarboxylase [Tetranychus cinnabarinus] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_157590 | -1.089744 | 1.3894736 | 0 | not available | |
| HMP1RHD01_(single)_trimmed_contig_16591 | -1.089526 | 1.7227897 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_146079 | -1.088943 | 1.3888864 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_9846 | -1.086539 | 2.1261928 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_14041 | -1.084468 | 1.5059741 | 0 | not available | |
| HMP1RHD01_(single)_trimmed_contig_17840 | -1.084274 | 1.7216486 | 5.25E-176 | NP_001171728 | fructose-bisphosphate aldolase [Saccoglossus kowalevskii] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_1049 | -1.083995 | 1.9671835 | 2.71E-06 | EKC17193 | hypothetical protein CGI_10001814 [Crassostrea gigas] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_24513 | -1.08253 | 1.6685126 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_24505 | -1.082083 | 1.7373919 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_20095 | -1.080546 | 1.7182952 | 1.18E-31 | ELW71494 | Zinc finger protein ZIC 5 [Tupaia chinensis] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_24417 | -1.080498 | 1.7258192 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_9134 | -1.078793 | 1.5500209 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_10855 | -1.077793 | 1.4365367 | 1.76E-97 | NP_001095385 | fructose-bisphosphate aldolase A [Bos taurus] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_8221 | -1.076659 | 2.2469917 | 1.88E-11 | EKC37494 | hypothetical protein CGI_10018109 [Crassostrea gigas] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_24485 | -1.076441 | 1.5260096 | 1.00E-42 | NP_001180801 | chromosome 2 open reading frame 62 [Macaca mulatta] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_175172 | -1.07535 | 1.3307322 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_18738 | -1.075181 | 1.4226367 | 1.575E-120 | EFX68222 | hypothetical protein DAPPUDRAFT_63312 [Daphnia pulex] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_8350 | -1.074716 | 1.3142177 | 2.28E-58 | ACI90333 | transmembrane protein 45b-like protein [Philodina roseola] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_150225 | -1.074284 | 1.4851753 | 2.22E-11 | EKC41974 | Putative adenylate kinase-like protein C9orf98-like protein [Crassostrea gigas] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_7991 | -1.074088 | 1.4683107 | 3.00E-95 | EFN87015 | Calcium/calmodulin-dependent 3',5'-cyclic nucleotide phosphodiesterase 1C [Harpegnathos saltator] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_21267 | -1.074034 | 1.3915442 | 7.00E-09 | EOA93670 | Ubiquitin associated and SH3 domain-containing protein A, partial [Anas platyrhynchos] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_15260 | -1.074026 | 3.0245817 | 2.72E-23 | EKC28134 | FMRFamide receptor [Crassostrea gigas] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_173619 | -1.072638 | 1.5415403 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_24233 | -1.072576 | 1.8217226 | 2.00E-08 | XP_002572963 | ankyrin repeat-containing [Schistosoma mansoni] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_185376 | -1.071504 | 1.4010402 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_168035 | -1.071494 | 1.4521978 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_14607 | -1.071296 | 1.3927375 | 1.27E-10 | XP_004211111 | PREDICTED: uncharacterized protein LOC100208244, partial [Hydra magnipapillata] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_19628 | -1.071105 | 2.1942779 | 0 | not available | |

表4-8. の続き

| コンティグ名 | log2(飽食 区_平均 _RPKM / 給餌制限 区_平均 _RPKM) | -log10(t- test_p- value) | e-value | Accession | Description |
|--|--|--------------------------------|-----------|---------------|--|
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_14322 | -1.069496 | 1.5694031 | 3.00E-16 | ELK05970 | Neurogenic locus notch like protein 2 [Pteropus alecto] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_857 | -1.06887 | 1.5369175 | 2.67E-37 | EKC36050 | Regulator of G-protein signaling 20 [Crassostrea gigas] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_6394 | -1.068732 | 1.4004652 | 1.26E-85 | ABU41322 | sodium-dependent alanine transporter 1 [Strongylocentrotus purpuratus] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_7211 | -1.068204 | 1.3639387 | 2.00E-78 | NP_001087179 | family with sequence similarity 154, member B [Xenopus laevis] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_5505 | -1.066624 | 1.6143391 | 1.00E-167 | EKC26361 | Putative serine/threonine-protein kinase C05D10.2, partial [Crassostrea gigas] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_14575 | -1.065946 | 1.6383957 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_3044 | -1.065447 | 1.3591023 | 3.00E-42 | AAI15177 | LOC794225 protein [Danio rerio] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_22449 | -1.065304 | 1.9733304 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_11351 | -1.065031 | 1.3166284 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_20408 | -1.06492 | 1.5675689 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_16554 | -1.064766 | 1.4463357 | 8.00E-24 | XP_001996510 | GH23957 [Drosophila grimshawi] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_44478 | -1.064247 | 2.1883234 | 1.00E-07 | WP_008196458 | methyltransferase, FkbM family protein [Labrenzia alexandrii] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_9122 | -1.063767 | 1.3410651 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_15920 | -1.063314 | 1.4717408 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_13708 | -1.062974 | 1.3522594 | 6.00E-64 | BAA74905 | KIAA0882 protein [Homo sapiens] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_9927 | -1.062346 | 1.3906614 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_7797 | -1.062291 | 1.7043763 | 2.00E-31 | AAI35719 | LOC100125163 protein [Xenopus (Silurana) tropicalis] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_7167 | -1.061219 | 1.5450904 | 7.00E-15 | EFN81730 | Dual specificity protein phosphatase 10 [Harpegnathos saltator] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_3221 | -1.060669 | 1.4470462 | 2.00E-12 | EKC18241 | Glycoprotein 3-alpha-L-fucosyltransferase A [Crassostrea gigas] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_11475 | -1.06012 | 1.5493047 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_9595 | -1.059891 | 1.3164639 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_7694 | -1.059779 | 1.6602915 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_10318 | -1.059542 | 1.3750835 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_11406 | -1.059129 | 1.869468 | 8.65E-58 | NP_001133370 | Alanine aminotransferase 2-like [Salmo salar] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_28632 | -1.058442 | 1.5158749 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_18200 | -1.058131 | 1.7016997 | 5.88E-07 | NP_001189122 | limpet, isoform J [Drosophila melanogaster] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_23434 | -1.057714 | 1.4131545 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_8235 | -1.057599 | 1.4668772 | 2.36E-20 | EKC25330 | IgGFc-binding protein [Crassostrea gigas] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_16380 | -1.05707 | 1.6522185 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_18825 | -1.054703 | 1.9360603 | 3.45E-35 | EKC19374 | hypothetical protein CGI_10008698 [Crassostrea gigas] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_5087 | -1.05376 | 2.3142359 | 5.00E-105 | XP_002579022 | sodium/chloride dependent neurotransmitter transporter [Schistosoma mansoni] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_1260 | -1.053535 | 1.3664978 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_167010 | -1.053169 | 1.5164338 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_158752 | -1.052893 | 1.5617188 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_10180 | -1.052478 | 1.5949198 | 1.00E-23 | XP_004334690 | calmodulin, putative [Acanthamoeba castellanii str. Neff] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_11170 | -1.052426 | 1.3991634 | 1.17E-36 | XP_004364299 | Na/K-ATPase alpha 1 subunit [Capsaspora owczarzaki ATCC 30864] |

表4-8. の続き

| コンティグ名 | log2(飽食 区_平均 _RPKM / 給餌制限 区_平均 _RPKM) | -log10(t- test_p- value) | e-value | Accession | Description |
|--|--|--------------------------------|------------|---------------|---|
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_24190 | -1.051867 | 1.5893627 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_8833 | -1.051305 | 1.6762157 | 1.69E-73 | EKC42851 | Leucine-rich repeat-containing protein 63 [Crassostrea gigas] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_13057 | -1.051173 | 1.402314 | 4.45E-75 | XP_003216885 | PREDICTED: choline transporter-like protein 2-like [Anolis carolinensis] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_13186 | -1.050136 | 1.451008 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_25476 | -1.049285 | 1.4379102 | 1.0797E-28 | EKC29780 | 26S protease regulatory subunit 4 [Crassostrea gigas] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_8101 | -1.049024 | 1.7508713 | 2.42E-91 | AFM90342 | cytochrome P450, family 46, subfamily A, polypeptide 1 [Callorhinchus milii] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_10845 | -1.048044 | 2.3187456 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_20137 | -1.047501 | 2.1935078 | 1.00E-05 | EKC18635 | Putative cytochrome P450 CYP13A5, partial [Crassostrea gigas] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_23923 | -1.047364 | 3.1157683 | 2.00E-76 | EKC24070 | Tyrosine aminotransferase [Crassostrea gigas] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_21296 | -1.047259 | 1.6534293 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_43337 | -1.047063 | 1.7512137 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_6525 | -1.046489 | 3.2108495 | 2.00E-38 | XP_004993269 | serine/threonine protein kinase [Salpingoeca sp. ATCC 50818] |
| HMP1RHD01_(single)_trimmed_contig_12438 | -1.046209 | 1.8714042 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_10267 | -1.046039 | 1.4099151 | 8.19E-28 | EKC19479 | Short transient receptor potential channel 6 [Crassostrea gigas] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_17640 | -1.045509 | 1.6241837 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_143396 | -1.045239 | 1.4738692 | 7.66E-23 | XP_004210723 | PREDICTED: RNA-directed DNA polymerase from mobile element jockey-like [Hydra magnipapillata] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_19027 | -1.044031 | 1.5167661 | 4.93E-05 | EKC34470 | hypothetical protein CGI_10015393 [Crassostrea gigas] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_25385 | -1.0436 | 1.7515867 | 7.00E-06 | EKC29093 | Forkhead box protein J3 [Crassostrea gigas] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_20274 | -1.042805 | 1.5066781 | 1.00E-07 | ABK63640 | major vault protein, partial [Mytilus galloprovincialis] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_18647 | -1.042262 | 1.4759656 | 1.00E-50 | EFN81382 | Peroxidasin-like protein [Harpegnathos saltator] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_6659 | -1.041847 | 1.4130385 | 2.69E-55 | EKC34650 | Carboxypeptidase B [Crassostrea gigas] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_7910 | -1.041469 | 1.7540753 | 1.00E-83 | NP_001023493 | Protein Y54G2A.2, isoform b [Caenorhabditis elegans] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_142577 | -1.041433 | 1.5094824 | 1.293E-129 | EKC23270 | Ras-specific guanine nucleotide-releasing factor 2 [Crassostrea gigas] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_13591 | -1.040825 | 2.3043397 | 6.00E-07 | CAB96952 | similar to (NP_034322.1) sex-determination protein homolog Fem1a [Mus musculus] [Homo sapiens] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_15174 | -1.039909 | 1.3806496 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_9667 | -1.038965 | 1.7542532 | 4.00E-06 | XP_003623571 | Sapoin B domain-containing protein [Medicago truncatula] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_51822 | -1.038702 | 2.1785723 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_13772 | -1.038353 | 1.3580937 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_174353 | -1.03826 | 1.5276956 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_16646 | -1.038148 | 1.3986894 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_175467 | -1.037947 | 1.4078793 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_12210 | -1.037911 | 1.41317 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_6741 | -1.036222 | 1.3285039 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_5575 | -1.035924 | 2.5746764 | 8.491E-106 | CAA86994 | Calpain, without calmodulin-like domain [Drosophila melanogaster] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_8783 | -1.035891 | 2.0882249 | 1.00E-19 | XP_004338044 | K+ channel tetramerisation subfamily protein [Acanthamoeba castellanii str. Neff] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_24044 | -1.034764 | 1.7995872 | 7.00E-28 | AAL40415 | AF369891_4 endonuclease/reverse transcriptase [Branchiostoma floridae] |

表4-8. の続き

| コンティグ名 | log2(飽食 区_平均 _RPKM / 給餌制限 区_平均 _RPKM) | -log10(t- test_p- value) | e-value | Accession | Description |
|--|--|--------------------------------|-----------|---------------|--|
| s_3_sequence_trimmed_contig_182431 | -1.034743 | 1.5208902 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_14254 | -1.034734 | 1.450515 | 5.00E-35 | ELW69961 | Serine palmitoyltransferase 3 [Tupaia chinensis] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_19136 | -1.034006 | 1.6487554 | 6.30E-43 | ELU04076 | hypothetical protein CAPTEDRAFT_225603 [Capitella teleta] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_22509 | -1.031873 | 1.3493958 | 1.01E-07 | ADI61826 | endonuclease-reverse transcriptase [Bombyx mori] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_182481 | -1.030368 | 1.4423676 | 6.00E-06 | CAP09075 | minos transposase [Drosophila hydei] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_11973 | -1.02959 | 1.4167892 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_16536 | -1.029449 | 1.5004973 | 3.00E-58 | EDL42037 | STE20-like kinase (yeast), isoform CRA_b [Mus musculus] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_485 | -1.029055 | 1.3326911 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_144102 | -1.029055 | 1.3326911 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_16929 | -1.028873 | 2.1959422 | 4.13E-127 | GAA56448 | calpain-B [Clonorchis sinensis] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_43865 | -1.028465 | 3.2170506 | 1.71E-25 | EOB05041 | Leucine-rich repeats and guanylate kinase domain-containing protein, partial [Anas platyrhynchos] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_25950 | -1.027797 | 2.0826902 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_23225 | -1.027734 | 1.3639907 | 2.00E-16 | EMP27819 | Protein Smaug like protein 2 [Chelonia mydas] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_7404 | -1.027203 | 1.397342 | 4.12E-42 | XP_002606384 | hypothetical protein BRAFLDRAFT_118523 [Branchiostoma floridae] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_22892 | -1.026961 | 2.24323 | 3.45E-16 | XP_004213312 | PREDICTED: uncharacterized protein LOC101239591, partial [Hydra magnipapillata] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_19612 | -1.026441 | 1.4894802 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_16772 | -1.026194 | 1.4439121 | 4.77E-57 | BAI48050 | aquaporin 3 [Protopterus annectens] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_20980 | -1.024861 | 1.5892171 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_16392 | -1.024292 | 1.3014989 | 7.97E-132 | EKC29016 | Sodium/calcium exchanger 3 [Crassostrea gigas] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_24219 | -1.024262 | 1.6614072 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_9594 | -1.023968 | 1.3355104 | 2.00E-57 | EGI68285 | Chondroitin sulfate synthase 2 [Acromyrmex echinator] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_19138 | -1.022908 | 2.0069176 | 2.00E-36 | XP_001981037 | GG11846 [Drosophila erecta] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_25515 | -1.022726 | 1.5535384 | 4.37E-18 | NP_001158429 | runt-related transcription factor [Saccoglossus kowalevskii] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_49944 | -1.021829 | 1.7370282 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_8180 | -1.021584 | 1.9553906 | 1.00E-24 | XP_321039 | AGAP002016-PA [Anopheles gambiae str. PEST] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_143362 | -1.021436 | 1.3720055 | 9.00E-15 | EKC25262 | Kelch-like protein 13 [Crassostrea gigas] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_5811 | -1.021322 | 1.6165599 | 5.00E-17 | EKC20074 | Laminin subunit alpha-2 [Crassostrea gigas] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_18442 | -1.020981 | 1.3811959 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_20926 | -1.020733 | 1.5191473 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_16036 | -1.019755 | 1.47345 | 1.54E-23 | XP_002055104 | GJ19191 [Drosophila virilis] |
| HMP1RHD01_(single)_trimmed_contig_22245 | -1.019689 | 1.4899734 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_24465 | -1.019606 | 1.3714423 | 3.00E-103 | AAF06354 | AF200348_1 melanoma-associated antigen MG50 [Homo sapiens] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_24796 | -1.019524 | 1.4951778 | 1.07E-20 | AAP86282 | Ac2-281 [Rattus norvegicus] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_19100 | -1.018869 | 1.4952279 | 5.00E-80 | NP_001008680 | protein XRP2 [Gallus gallus] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_13244 | -1.018187 | 1.6285933 | 6.00E-20 | XP_002139957 | histone H2A [Cryptosporidium muris RN66] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_10291 | -1.0174 | 1.4197443 | 0 | not available | |

表4-8. の続き

| コンティグ名 | log2(飽食 区_平均 _RPKM / 給餌制限 区_平均 _RPKM) | -log10(t- test_p- value) | e-value | Accession | Description |
|--|--|--------------------------------|------------|---------------|--|
| s_3_sequence_trimmed_contig_7769 | -1.017326 | 1.4893991 | 6.00E-12 | NP_001102137 | fukutin [Rattus norvegicus] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_143542 | -1.016556 | 1.4936059 | 0 | not available | |
| HMP1RHD01_(single)_trimmed_contig_8205 | -1.016473 | 1.8623644 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_145008 | -1.01616 | 1.8603067 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_21122 | -1.015101 | 1.5546619 | 5.00E-37 | XP_001982706 | GG16435 [Drosophila erecta] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_24532 | -1.014814 | 1.5744265 | 2.00E-67 | NP_067456 | trehalase isoform 1 precursor [Mus musculus] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_25495 | -1.014787 | 1.3475554 | 2.00E-24 | EKC20722 | Putative 1-aminocyclopropane-1-carboxylate deaminase [Crassostrea gigas] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_6013 | -1.014622 | 1.3981814 | 7.10E-08 | XP_002598437 | hypothetical protein BRAFLDRAFT_83241 [Branchiostoma floridae] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_24305 | -1.013274 | 1.9056333 | 2.00E-92 | EKC18447 | Deleted in lung and esophageal cancer protein 1 [Crassostrea gigas] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_17975 | -1.012206 | 2.2230876 | 5.37E-49 | XP_001859671 | somatostatin receptor [Culex quinquefasciatus] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_15814 | -1.011274 | 1.3117227 | 7.00E-89 | EKC19133 | Neuronal acetylcholine receptor subunit alpha-10 [Crassostrea gigas] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_21748 | -1.010767 | 2.704974 | 4.00E-19 | AAX26413 | SJCHGC02641 protein [Schistosoma japonicum] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_12800 | -1.010582 | 1.5455131 | 1.00E-62 | BAJ10270 | Rh-related protein [Branchiostoma floridae] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_17852 | -1.010181 | 1.7574205 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_5228 | -1.01015 | 1.3299874 | 6.00E-110 | BAB91442 | KIAA0781 protein [Homo sapiens] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_12549 | -1.008676 | 1.4474925 | 2.519E-121 | EJD75264 | LIM-9 isoform, variant [Loa loa] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_15771 | -1.008659 | 1.3364107 | 9.00E-82 | EFA09157 | carboxypeptidase A [Tribolium castaneum] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_14666 | -1.007625 | 1.3423151 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_5513 | -1.007337 | 1.3341449 | 0 | EFN70817 | Mannosyl-oligosaccharide glucosidase [Camponotus floridanus] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_24145 | -1.006271 | 1.3974816 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_28006 | -1.005106 | 1.5072325 | 0 | not available | |
| s_3_sequence_trimmed_contig_146860 | -1.005093 | 1.3871743 | 1.67E-28 | XP_004210625 | PREDICTED: uncharacterized protein LOC101235997, partial [Hydra magnipapillata] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_17237 | -1.004933 | 1.7839882 | 4.00E-47 | XP_002645839 | C. briggsae CBR-SOX-3 protein [Caenorhabditis briggsae] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_19790 | -1.003157 | 1.6734551 | 2.00E-15 | AAI06524 | LOC733372 protein [Xenopus laevis] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_174013 | -1.003023 | 1.4532132 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_5109 | -1.002891 | 1.3513516 | 1.00E-105 | EMP29098 | Twinkle protein, partial [Chelonia mydas] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_7428 | -1.002406 | 1.3714593 | 6.00E-46 | EKC18561 | Fermitin family-like protein 2 [Crassostrea gigas] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_162112 | -1.002221 | 1.3745549 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_18580 | -1.00179 | 2.2126712 | 3.4101E-13 | EKC35570 | Cholecystokinin receptor type A [Crassostrea gigas] |
| s_3_sequence_trimmed_contig_27669 | -1.001676 | 1.9330818 | 0 | not available | |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_21214 | -1.001652 | 2.5982377 | 1.00E-07 | XP_002425922 | Nesprin-1, putative [Pediculus humanus corporis] |
| contig_sequences_from_LS1400_trimmed_de_novo_assembly_ contig_15709 | -1.000151 | 1.3247704 | 1.14E-18 | XP_002138089 | RNA-directed RNA polymerase [Physcomitrella patens subsp. patens] |

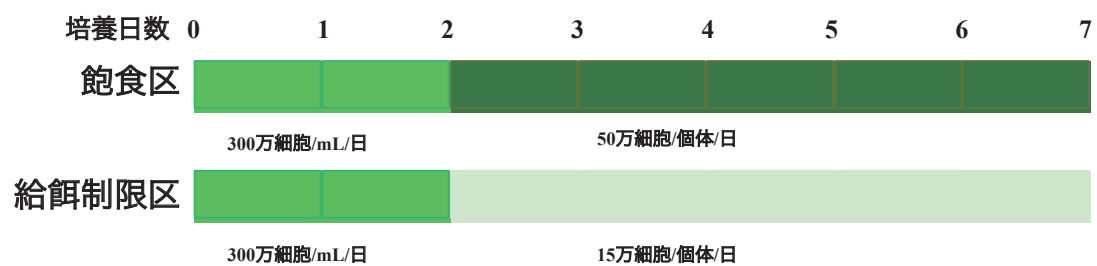


図 2-1. 生理状態の異なる個体のユグロン耐性の比較のための培養の給餌条件.

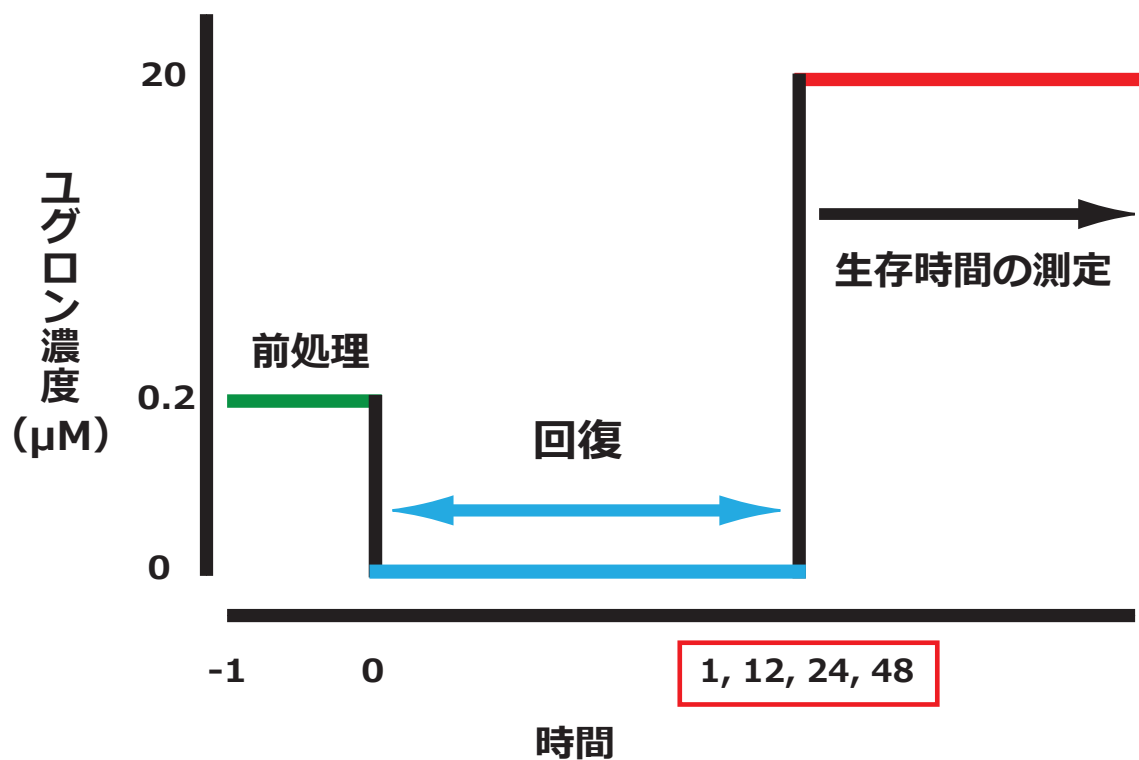


図 2-2. 実験のデザイン. まず, 0.2 μM ユグロンを含む培養液でワムシを 1 時間培養した (前処理). 続いて, ユグロンを含まない培養液で石川株は 1, 12, 24, 48 時間の 4 段階の時間にわたって回復させた. JS 株は 1, 24, 48 時間の 3 段階の時間にわたって回復させた. その後, ワムシを 20 μM ユグロンを含む海水に移し, 未処理の対照区との間で生存時間を比較した.

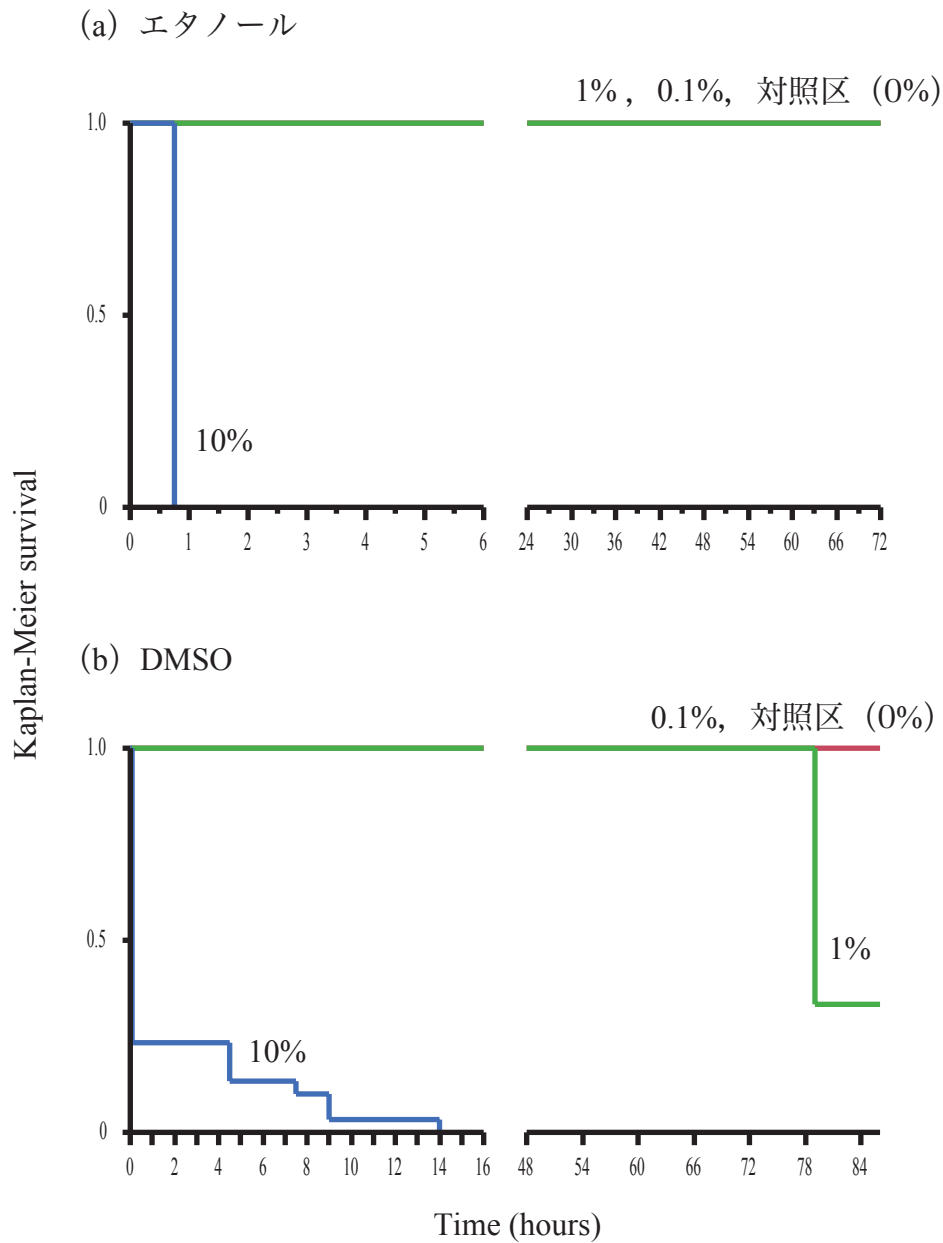


図 2-3. エタノール (a) および DMSO (b) 中でのシオミズツボウムシ *Brachionus plicatilis* sp. complex の生存時間. L 型ワムシ石川株を 4 段階の濃度のエタノールまたは DMSO にさらし, 生存を観察した. 対照区は 50% 人工海水のみのものを示す. (a) 観察時間は 10, 20, 30, 40, 50, 60 分, 1.5, 2, 2.5, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 10, 12, 16, 20, 26, 38, 41, 44, 47, 63, 68, 72 時間である. (b) 観察時間は 10, 20, 30, 40, 50, 60 分, 1.5, 2, 2.5, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 10, 12, 16, 20, 26, 38, 42, 45, 47, 49, 64, 66, 68, 71, 72, 86 時間である.

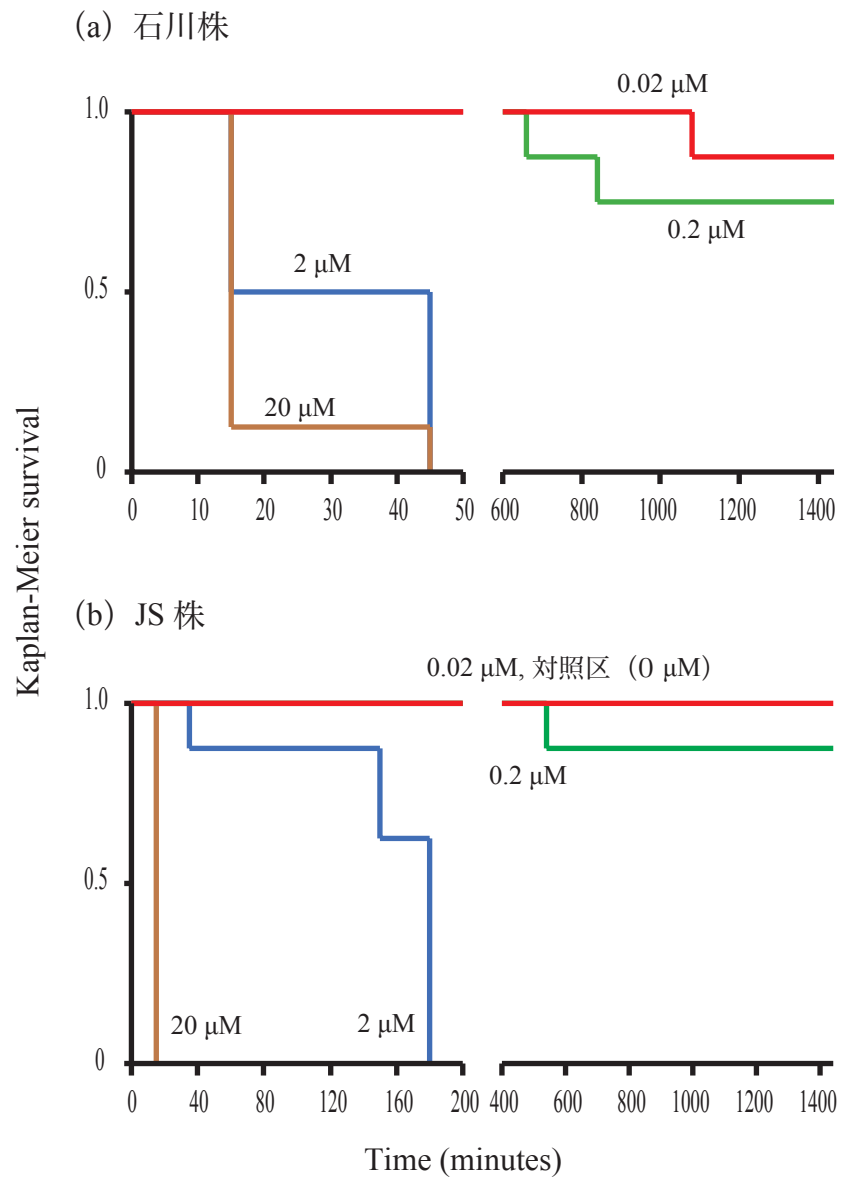


図 2-4. ユグロン投与下におけるシオミズツボワムシ *B. plicatilis* sp. complex 石川株 (L 型) および JS 株 (S 型) の生存時間. ワムシを 4 段階の濃度のユグロンにさらし, 生存を観察した. 対照区は終濃度 1% (v/v) エタノールを含む海水を示す.

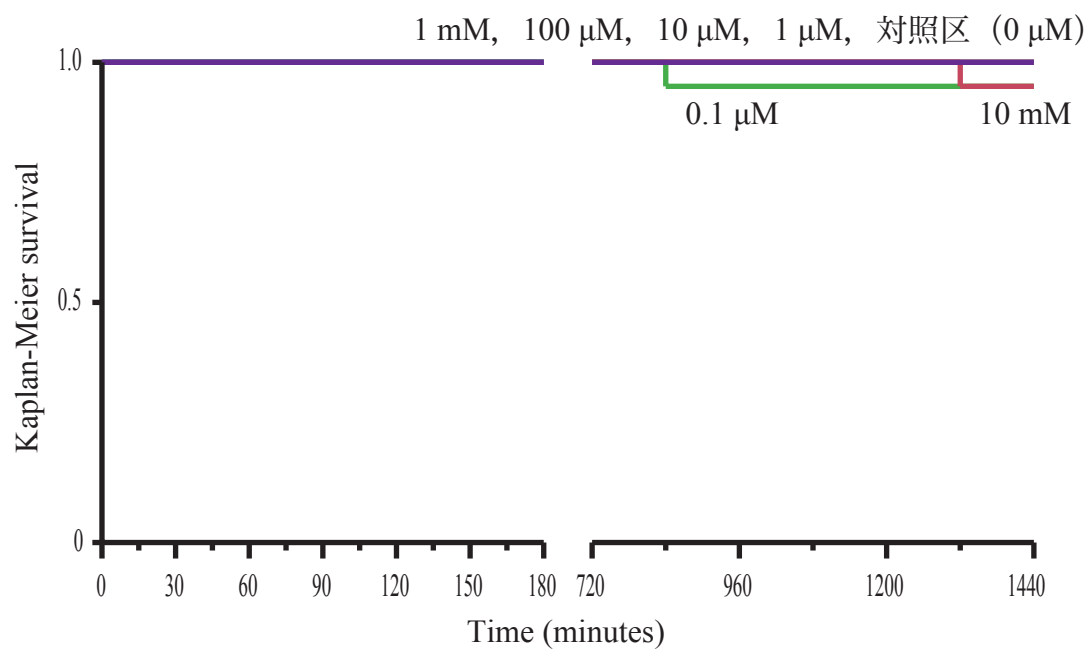


図 2-5. パラコート投与下におけるシオミズツボウムシ *B. plicatilis* sp. complex の生存時間. S 型ワムシ八重山株を 6 段階の濃度のパラコートにさらし, 生存を観察した. 対照区は滅菌水を含む海水を示す.

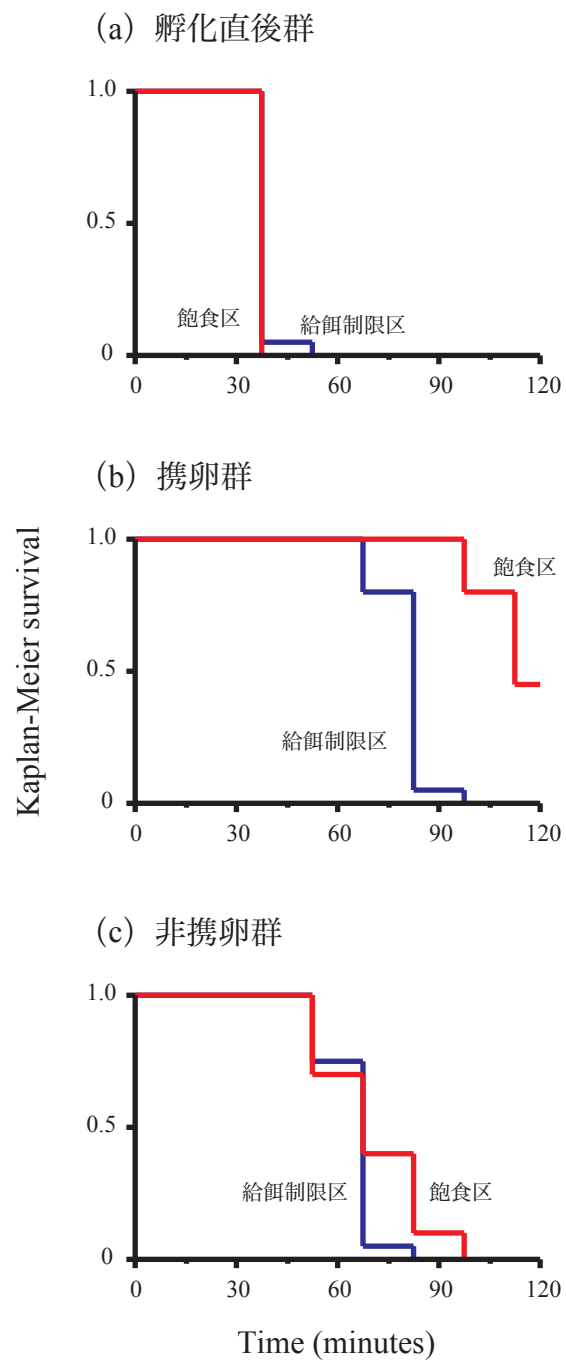


図 2-6. 生理状態の異なる個体群のユグロン耐性の比較. 孵化直後群, 携卵群, 非携卵群のシオミズツボムシ *B. plicatilis* sp. complex 八重山株をユグロンにさらし, 生存を観察した. 青線は給餌制限区を示し, 赤線は飽食区を示す.

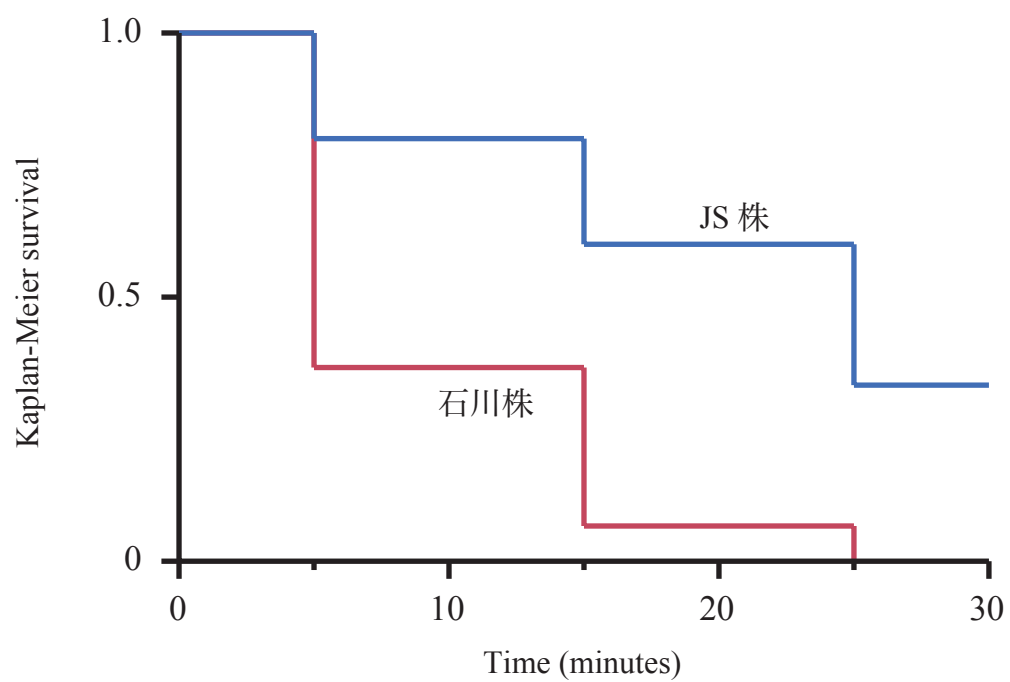


図 2-7. 20 μ M のユグロンにさらしたときのシオミズツボワムシ *B. plicatilis* sp. complex 石川株 (L 型) および JS 株 (S 型) の生存時間の比較. JS 株は石川株よりも有意にユグロンに対する耐性が高かった ($P < 0.0001$).

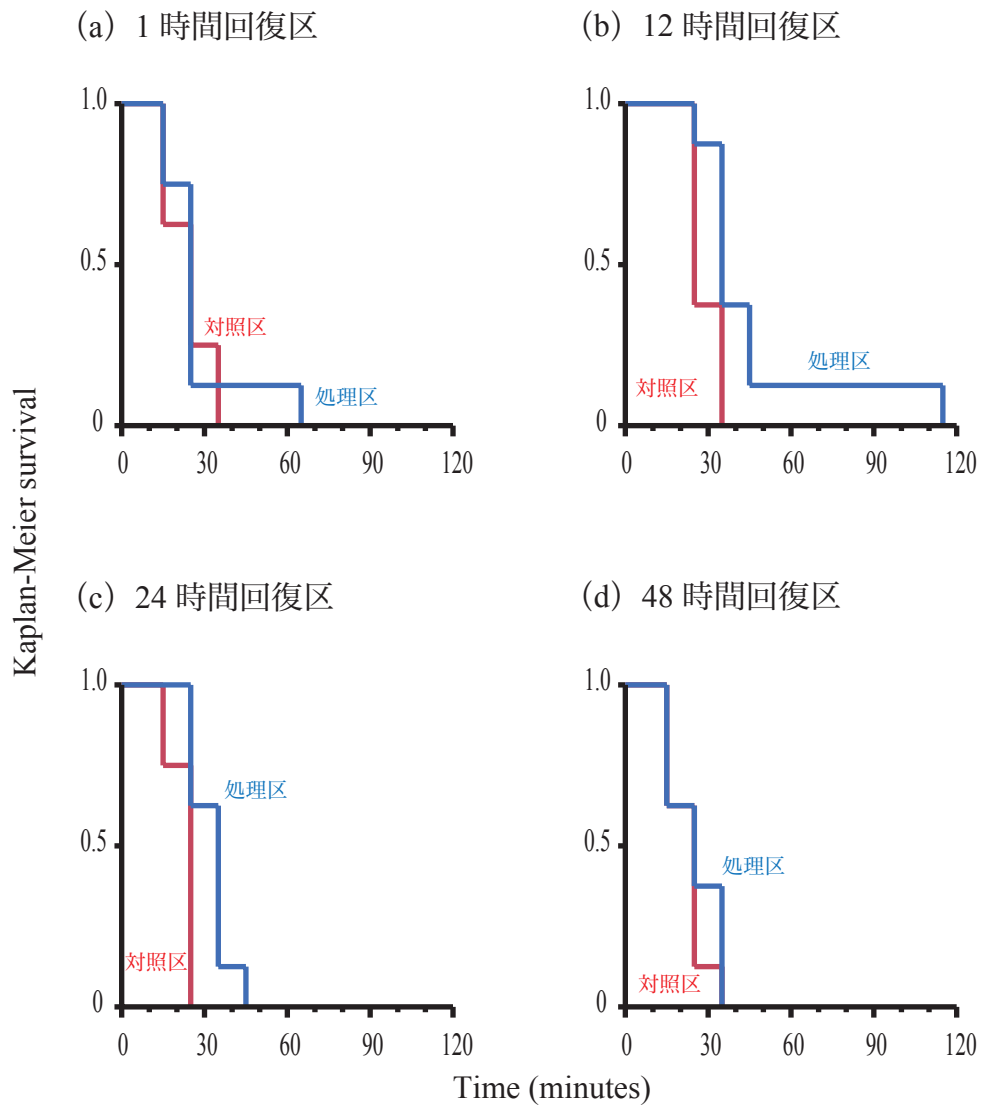


図 2-8. 軽度のユグロン処理後の回復時間がシオミズツボウムシ *B. plicatilis* sp. complex 石川株の致死的な 20 μ M ユグロン処理下の生存時間に及ぼす影響。赤線はエタノールを 1% (v/v) で含む培養液で 1 時間の前処理を行った対照区を示し、青線は 0.2 μ M ユグロンを含む培養液で 1 時間の前処理を行った処理区を示す。

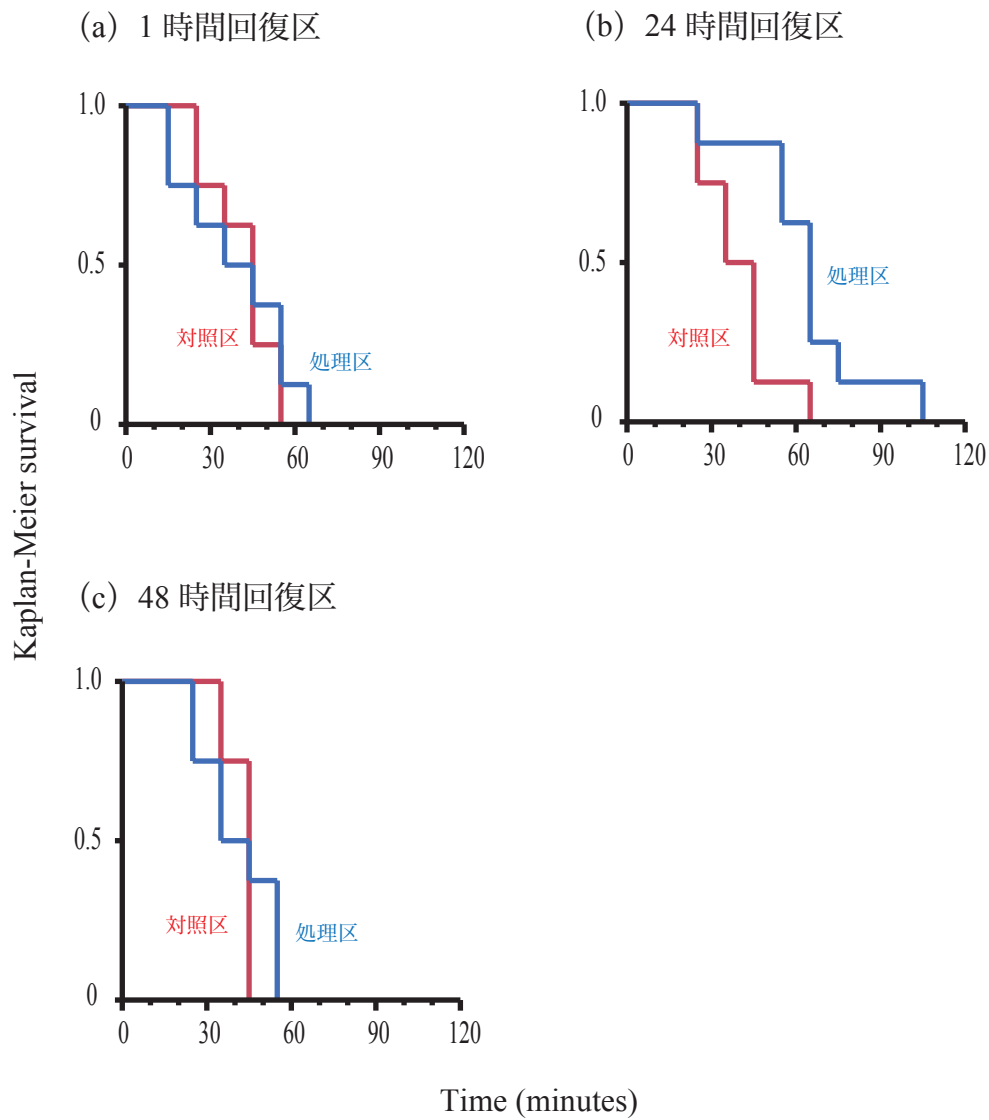


図 2-9. 軽度のユグロン処理後の回復時間がシオミズツボウムシ *B. plicatilis* sp. complex JS 株の致死的な 20 μM ユグロン処理下の生存時間に及ぼす影響. 赤線はエタノールを 1% (v/v) で含む培養液で 1 時間の前処理を行った対照区を示し, 青線は 0.2 μM ユグロンを含む培養液で 1 時間の前処理を行った処理区を示す.

(a)

```
ACACGTCCAACATTGCCAGCTTTTTCCTCTATTTTGCTCAGTTTACAGCCCATGATTTAGCATACACTTCTTCCAATTATAAAAAGTGTT 90
CCTGTGACACCAAAGACCCAGAGTGCAACTCAATTGCGATTCCAAAAGGAGACCATGTGAACAAAGACCAAAGGTGCATAAGCTCGACTC 180
GTTCGAGCGCCTCGGTTCAGGGATTTCAAGTGTTGCTGGGACCCGCGAGCAAAACAACCTGCTGACCCATTGGATAGACCTAAGCAATG 270
TGTATGGAGATAGTGAAGAGAAAGCAAGAGATTTAGGGATAAAAATGGACTTCTGAAGACCTCAAGAGGCTATGGCTCACGCGATCTTC 360
CACCAAGAAGACCGGGCTCA 380
```

(b)

```
TSNIASFFLYFAQFTAHDLAYTSSNYKKCSCDTKDPECNSIAIPKGDHVNKDQRCISSTRSSASVRDFKCSLGPREQNNLLTHWIDLSNV 90
YGDSEEKARDFRDKNGLLKTSRGYGSRDLPPIRRPGS 126
```

(c)

```
rotifer          TSNIASFFLYFAQFTAHDLAYTSSNYKKCSCDTKDPECNSIAIPKGDHVN
florida carpenter ant HDIAHTAVRKMVSNGKPISCCQRDGTLLPRHIHPDCSPISVSYGDPVYG

rotifer          KDQRCISSTRSSASVRDFKCSLGPREQNNLLTHWIDLSNVYGDSEEKARD
florida carpenter ant .HDIRCMNYVR.LP.LKSD.T...I..M.QV..FV.G.TI..STRI.S.K

rotifer          FRDKNGLLKTSRGYGSRDLPPIRRPGS
florida carpenter ant L.TFENGHLRVDVRNNHTYL.KGDAA
```

図 2-10. ユグロン処理で発現が増加した候補遺伝子の塩基配列と演繹アミノ酸配列 (1). (a) は塩基配列を示す. 配列の右側は塩基対数を示す. (b) は演繹アミノ酸配列を示す. 配列の右側は残基数を示す. (c) は演繹アミノ酸配列と同一性を示したフロリダオオアリ *Camponotus floridanus* の Peroxidase (アセッション番号 EFN68225) との配列の比較を示す. 配列の左側は生物名を示す. ドットは同一のアミノ酸であることを示す.

(a)

```
ACAAGCTAATAGAGAAGATTGGGGCTGGCAGGTTGCTATGCTTTACAACGGAAGATTCATTTGTGGTGGTTCATTGATCAATTCACAATG 90
GATTGTAACAGCTGCTCACTGTGTCTCTTCAAATTTGAATCCTACAGCCTATTCGTTTGATATTGGTGT 159
```

(b)

```
QANREDWGWQVAMLYNGRFICGGSLSINSQWIVTAAHCVSSNLNPTAYSFDIG 52
```

(c)

```
rotifer          QANREDWGWQVAMLYNGRFICGGSLSINSQWIVTAAHCVSSNLNPTAYSFDIG
black flying fox LVEVGK.P...SI.FL.VYV.....HQ..VL.....LQRSID.KE..VMV.
```

図 2-11. ユグロン処理で発現が増加した候補遺伝子の塩基配列と演繹アミノ酸配列 (2). (a) は塩基配列を示す. 配列の右側は塩基対数を示す. (b) は演繹アミノ酸配列を示す. 配列の右側は残基数を示す. (c) は演繹アミノ酸配列と同一性を示したクロオオコウモリ *Pteropus alecto* の Tryptase (アセプション番号 ELK10168) との配列の比較を示す. 配列の左側は生物名を示す. ドットは同一のアミノ酸であることを示す.

(a)

```
GGCGAACAATAAAGAGGCTCCAGATGGAGTCAGGCTGCAGAATCAGAATCGCTTCCGAGAGCAACGGCAGTCCCGAAAGAGCCTGCACT 90
CTATCCGGCTCCAGGAGTCCATAGATGAGGCCAAGAGGATGCTGGACGAGGTGGTCAAGCGGGGCATCGACAGACAGCAGGGCAGATCT 180
CAGGGCGGCAGCTATGGCGGCAATGGCGGCAATCCGGGCTATCAGCAACAGAACAGAGGCGGCTACCAACCAAGACGATTCAACAACCAA 270
TATCAGCAGCAGCAACCATATTAATAAAGCTAAATTTTGTGTTTTGTTCTTAGAATCTAAATAAAGTTTTTCCAAAAAAAAAAAAAA 360
AAAAAAAAAAAAAAAAA 376
```

(b)

```
GEQIKRLQMESGCRIRIASESNGSPERACTLSGSQESIDEAKRMLDEVVKRGIDRQQGRSQGGSYGGNGGNPGYQQQNRGGYQPRRFNNQ 90
YQQQQPY 97
```

(c)

```
rotifer  GEQIKRLQMESGCRIRIASESNGSPERACTLSGSQESIDEAKRMLDEVVK
cattle   ....S.I.A....K.Q.....S.I...P.V.T.TP...EQ...L.GQI.D

rotifer  RGIDRQQGRSQGGSYGGNGGNPGYQQQNRGGYQPRRFNNQYQQQQPY
cattle   .CRNGPGFHNVDVDGNSTVQEI.IPASKVGLVIGKGGETIKQL.ERTG
```

図 2-12. ユグロン処理で発現が増加した候補遺伝子の塩基配列と演繹アミノ酸配列 (3). (a) は塩基配列を示す. 配列の右側は塩基対数を示し, 青字は終止コドンの配列を示し, 赤字の部分は 3' 非翻訳領域と思われる配列を示す. (b) は演繹アミノ酸配列を示す. 配列の右側は残基数を示す. (c) は演繹アミノ酸配列と同一性を示したウシ *Bos taurus* の far upstream element-binding protein 3 (アセッション番号 NP001094687) との配列の比較を示す. 配列の左側は生物名を示す. ドットは同一のアミノ酸であることを示す.

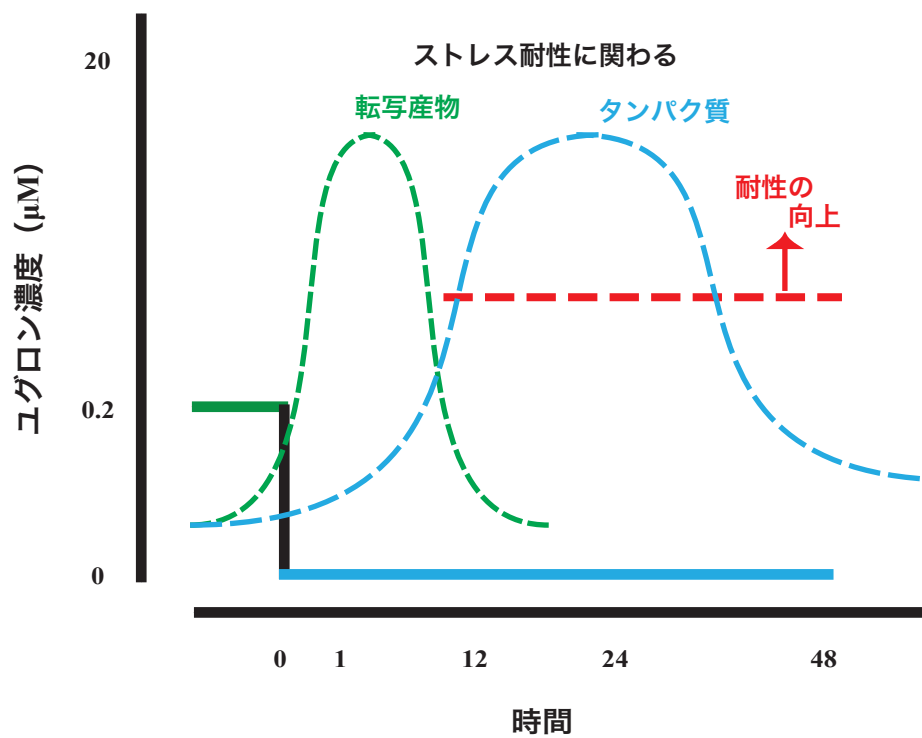


図 2-13. タンパク質の発現量の変化とストレス耐性の向上のモデル。緑色の破線は転写産物の発現量の変化を示し、青色の破線はタンパク質の発現量の変化を示す。タンパク質の発現量が、赤色の破線以上のときに耐性が向上すると考えられる。

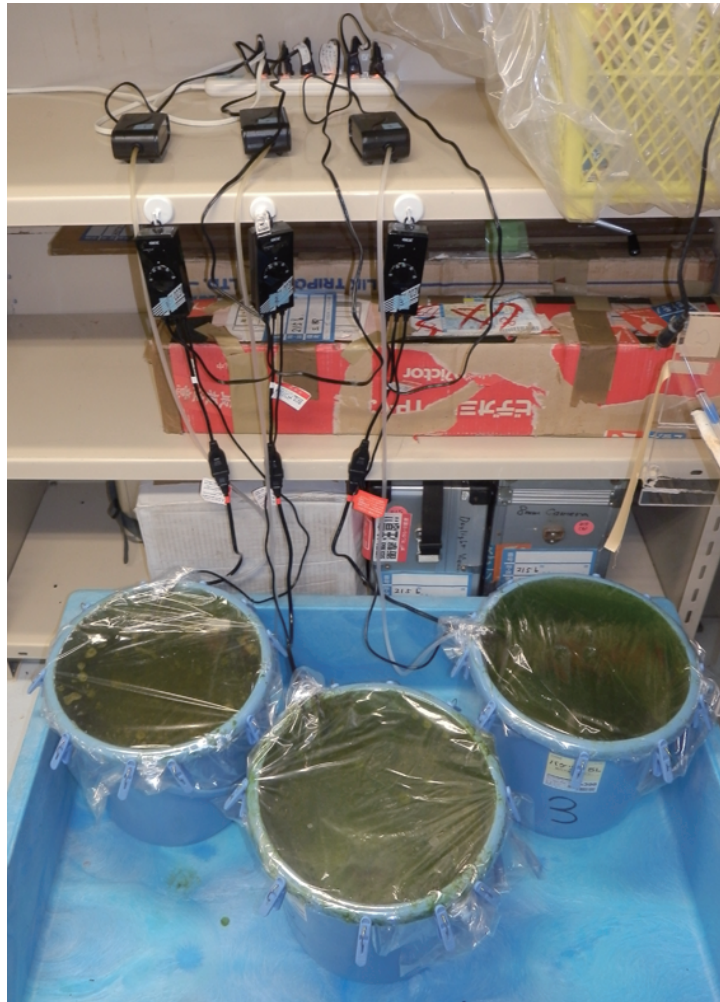


図 3-1. 本研究で用いた培養装置.

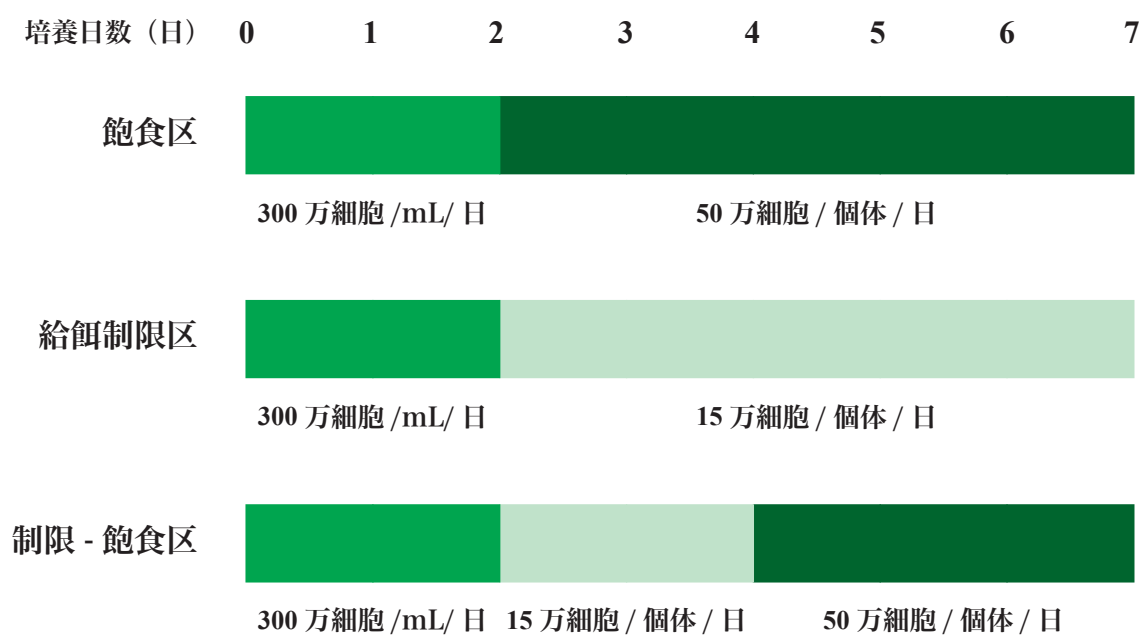


図 3-2. 各実験区の給餌条件と給餌量.

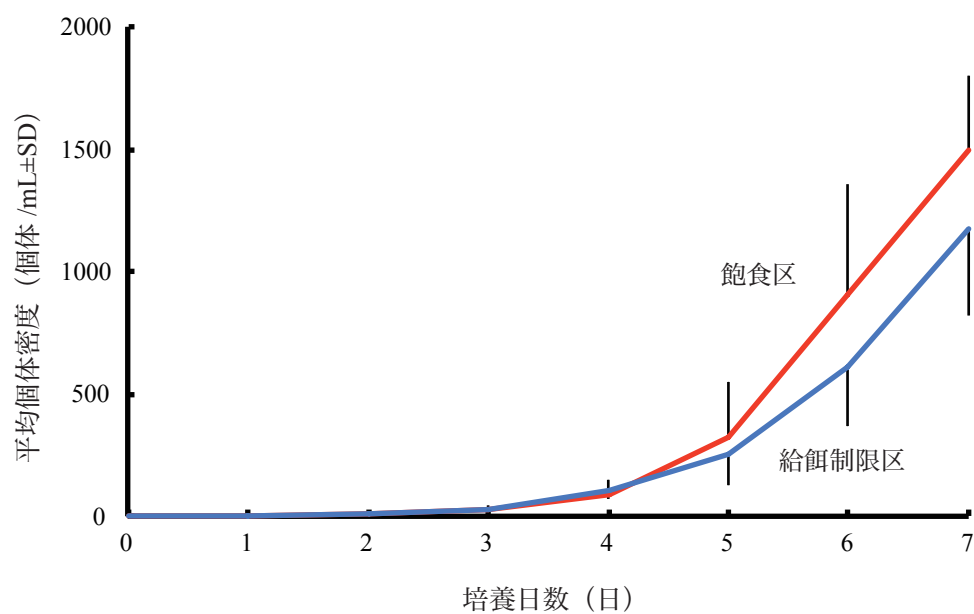


図 3-3. 給餌制限区および飽食区の平均個体密度の変化. 青線は給餌制限区を示し, 赤線は飽食区を示す. 給餌制限区および飽食区は独立して 3 回行った培養の平均個体密度を示す.

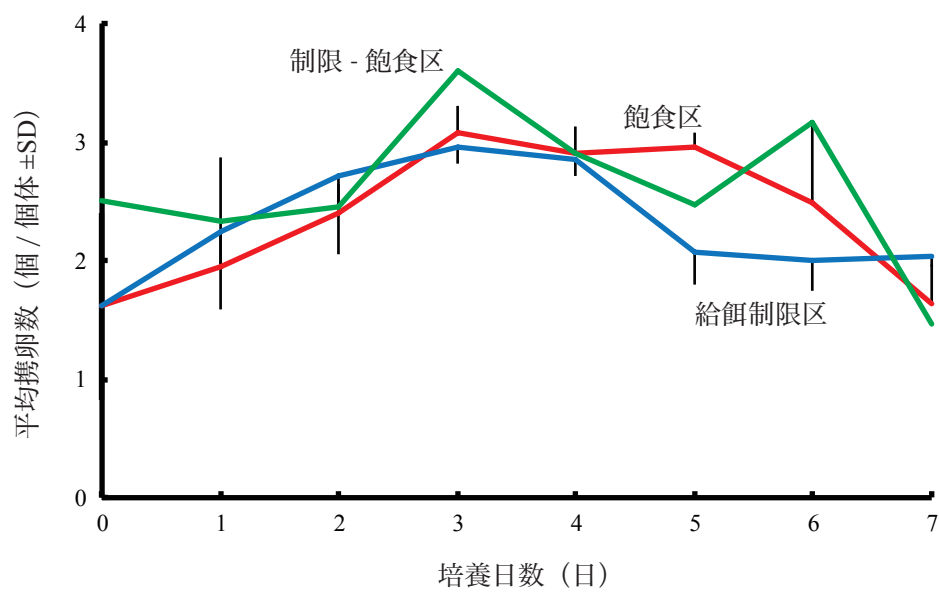


図 3-4. 平均携卵数の変化. 青線は給餌制限区を示し, 赤線は飽食区を示し, 緑線は制限 - 飽食区を示す. 給餌制限区および飽食区は独立して3回行った培養の平均個体密度を示す. 制限 - 飽食区は培養4日目以降, 給餌量を増加した.

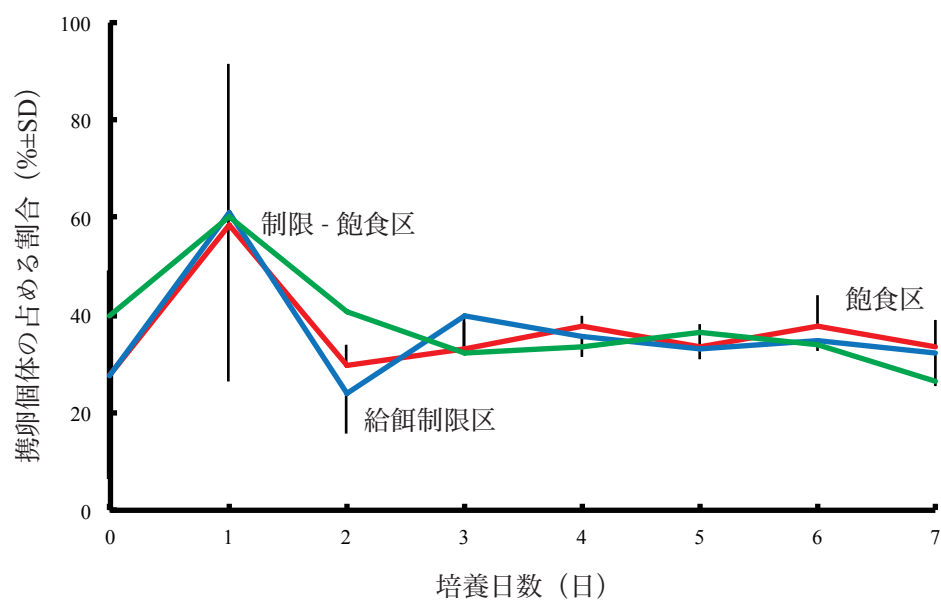


図 3-5. 携卵個体の占める割合の変化. 青線は給餌制限区を示し, 赤線は飽食区を示し, 緑線は制限 - 飽食区を示す. 給餌制限区および飽食区は独立して3回行った培養の平均個体密度を示す. 制限 - 飽食区は培養4日目以降, 給餌量を増加した.

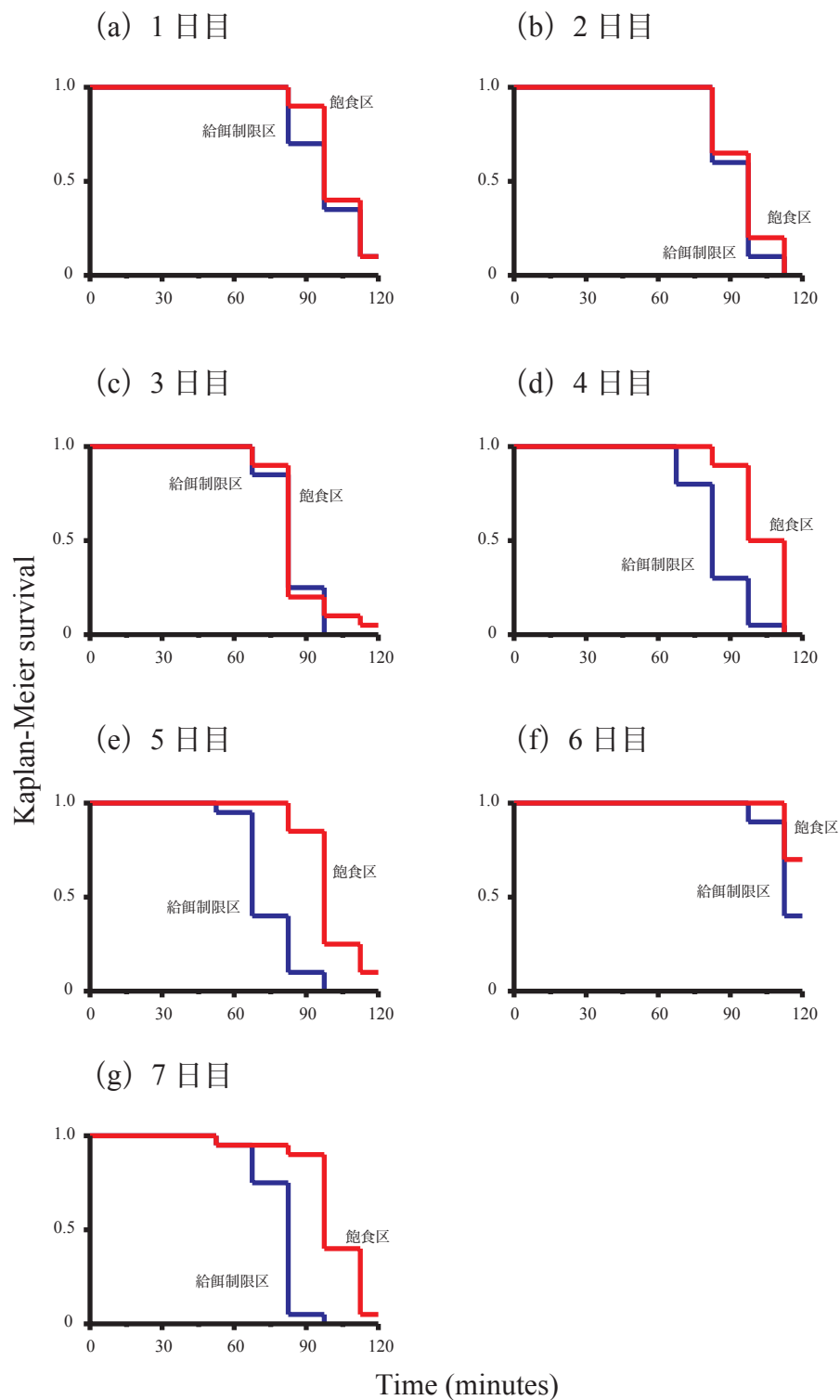


図 3-6. 給餌条件がユグロン処理下のシオミズツボワムシ *B. plicatilis* sp. complex の生残に及ぼす影響 (培養 1 回目). 青線は給餌制限区を示し, 赤線は飽食区を示す.

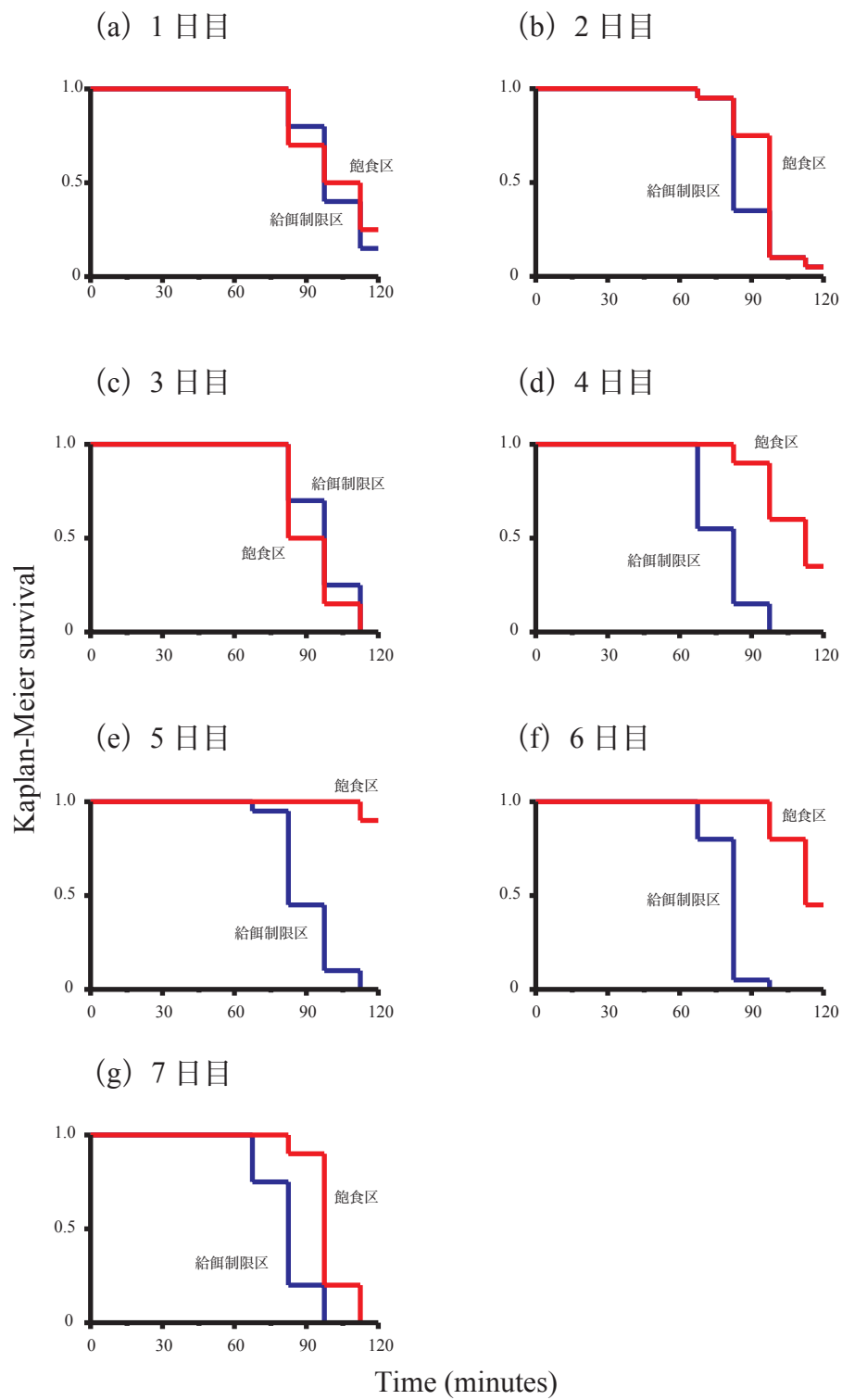


図 3-7. 給餌条件がユグロン処理下のシオミズツボウムシ *B. plicatilis* sp. complex の生残に及ぼす影響 (培養 2 回目). 青線は給餌制限区を示し, 赤線は飽食区を示す.

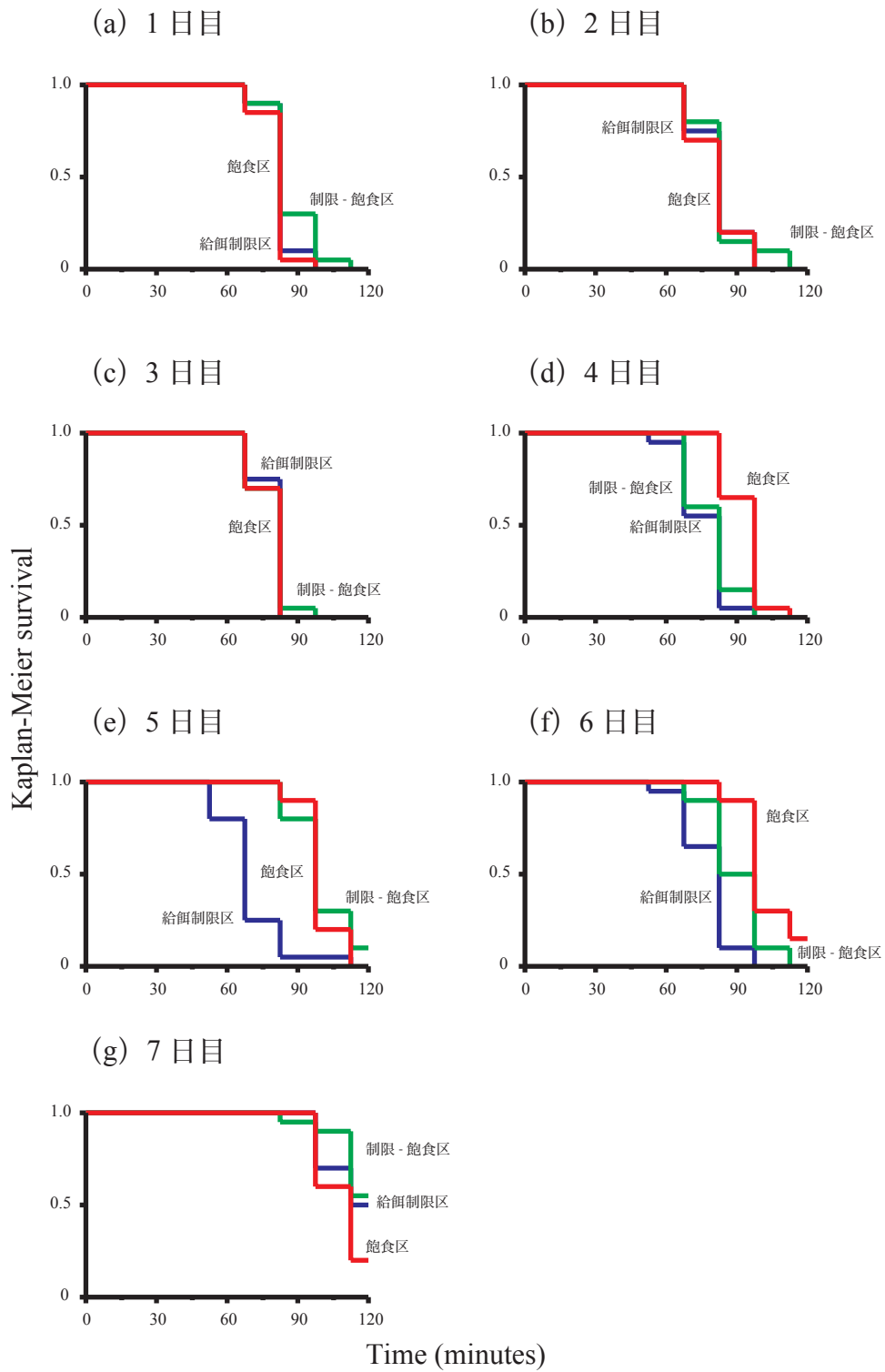


図 3-8. 給餌条件がユグロン処理下のシオミズツボウムシ *B. plicatilis* sp. complex の生残に及ぼす影響 (培養 3 回目). 青線は給餌制限区を示し, 赤線は飽食区を示し, 緑線は制限 - 飽食区を示す. 制限 - 飽食区は 4 日目以降, 給餌量を増加した.

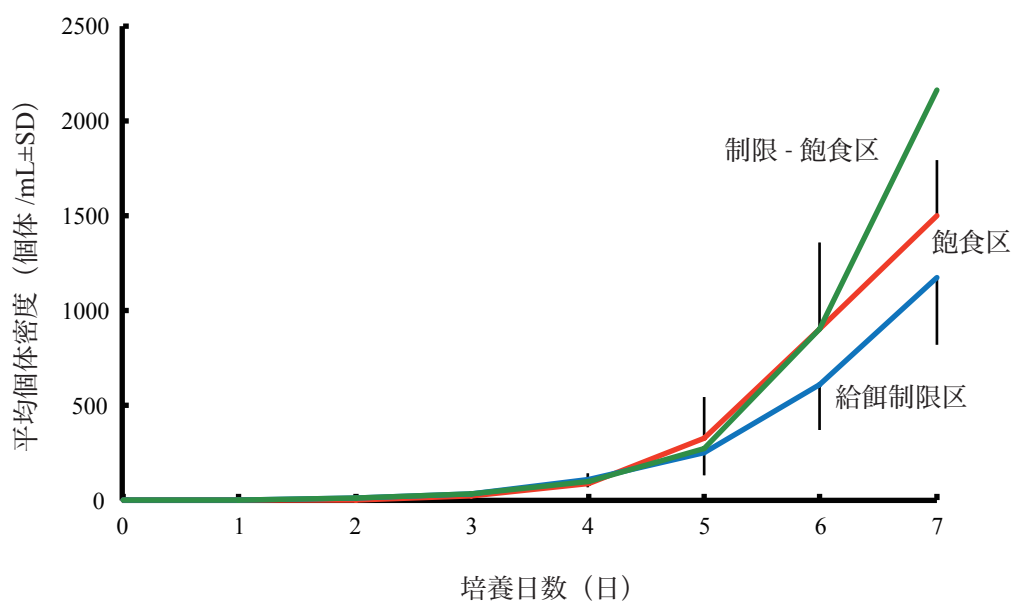


図 3-9. 給餌 - 飽食区の平均個体密度の変化. 青線は給餌制限区を示し, 赤線は飽食区を示し, 緑線は制限 - 飽食区を示す. 給餌制限区および制限 - 飽食区は同じ給餌条件で培養を開始した. 培養 4 日目の時点で, 飽食区のユグロン耐性と比較して給餌制限区および制限 - 飽食区のそれらは低下した. そこで, 培養 4 日目以降の制限 - 飽食区の給餌量を増加した.

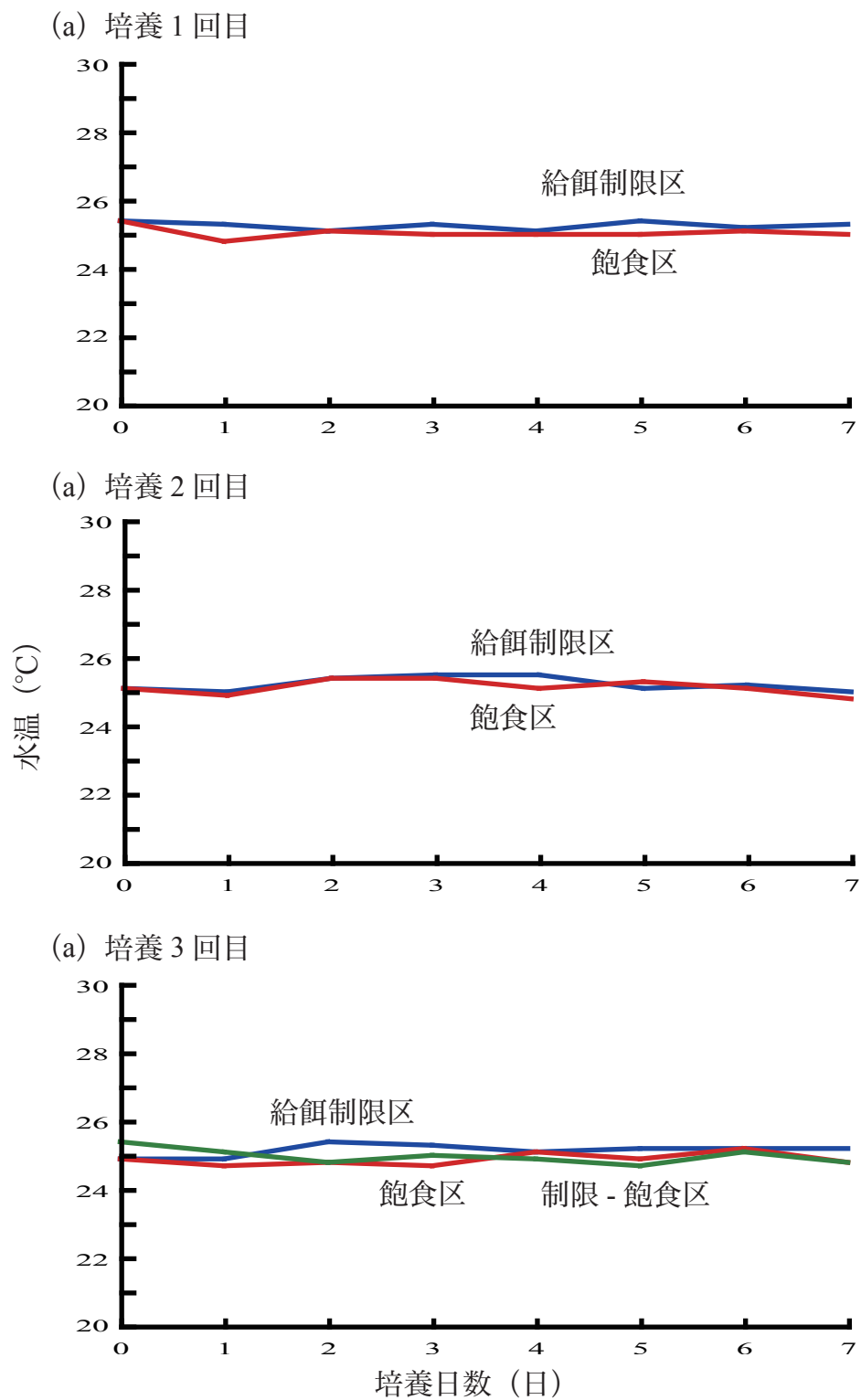


図 3-10. 培養期間中の水温の変化.

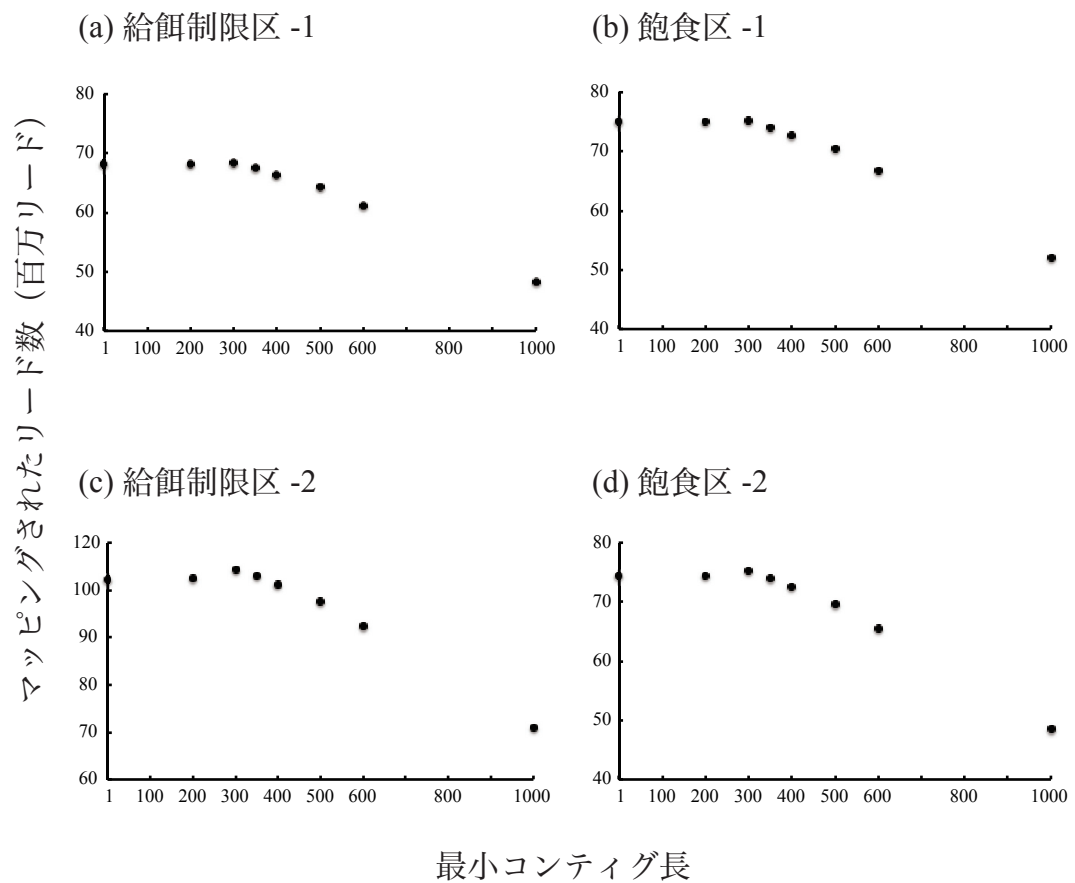
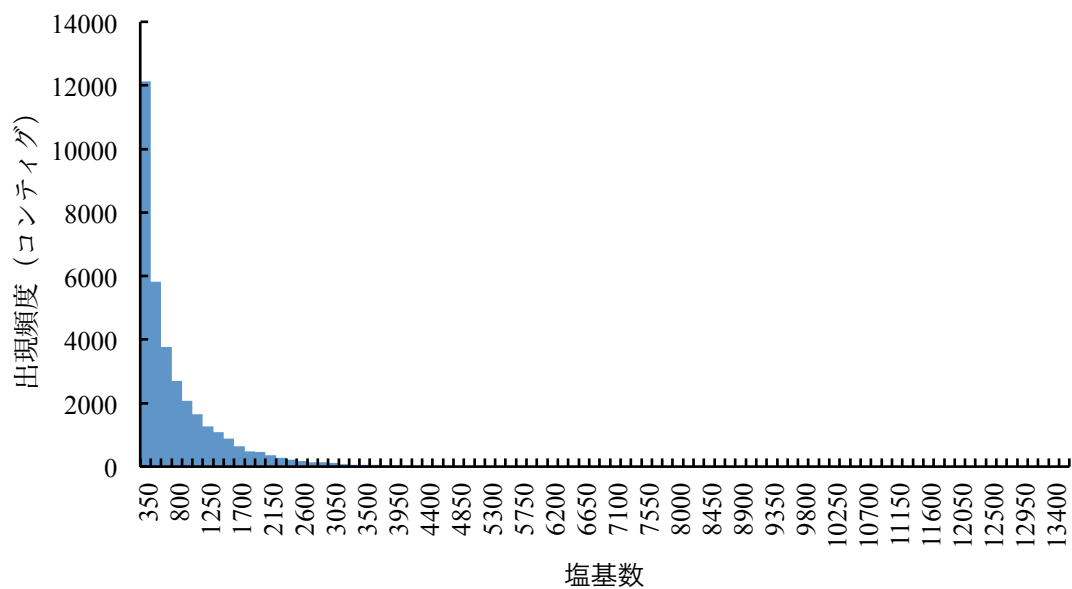


図4-1. リファレンスとなるデータセットの検討. 暫定リファレンスデータセットからそれぞれの最小コンティグ長以上のコンティグを抽出し、各区のトリム後のリードをマッピングした.

(a)



(b)

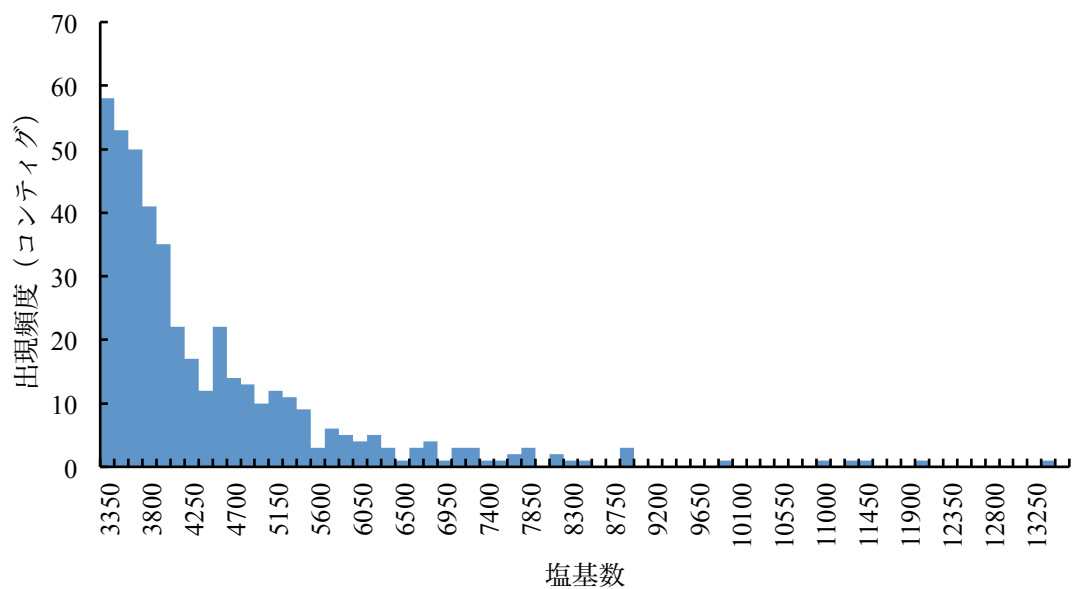


図 4-2. リファレンスデータセットのヒストグラム. (a) は全コンテイングのヒストグラムを示す. (b) は 3,350 塩基以上のコンテイングのヒストグラムを示す.

(a)

```
ATTTAATATCATTGGAATATCGATCGAAAACACAGCTATGCAGTACTTTGTGATAAAAAATATAAAAGCTTTTTTTAAGAATTGAATAAACAAATGAT 100
TCTTAGATTCTTAGTTGTATGCACATTGTATTTGAGTTCAGCTGGAGCCGACAAATTTTCGGCTTCTTTACTCGAAGACCTGCTACGAGAATATGACAAA 200
GTTGTCCGACCAGTCAAGCATCCTGACGACTACTTAAAGCTCTATCTTGGCATTAGACTATCTCAAATTGCCGACATTGACGAAAAGAAATCAAATTATGA 300
CTACAAATGTGTGGATACGCCATGAATGGATAAACTACAAATGACATGGAACCTCTTGACTATGGTAATATCAACAAAATAAAAAATACCAATTTTCAGA 400
AATATGGGCACCTGACGTTGTTCTGTACAATAATGCTGATGGCGATTACCAAGTAACCACTGAGACAAAAGCGACTGTTTATCACTCTGGTCTAATAATT 500
TGGGAACCACCGATGATATACAAAAGCTACTGTGCCATAGATATTGAATACTATCCATTGACATACAAAATTGCTACATGAAATTTGGAACATGGACCT 600
TTAACGGCGATCTAATTGACTTGAACATTTGAACAAAAGCAACTCGATTGCTACACACAATCAGCCCCAGTAAAGGTCACTCGACTGAAATCTACACTGT 700
CACAGATGGCATAGACATGTCTGATTATTATACAAGTGTGCAATGGGACATACTTTCAATTCAGCTCAAAAAAATGTAAATACTACGACTGTTGCATA 800
GAGCCATATCACGACATATATTTCAATATTACCATGAGACGAAAACTCTATTCTACACAGTGAATCTTATAAATCCGTGTGTGAACATATCGTTTTTGT 900
CCATATTTGGTGTTTTATCTACCAAGTAGCAGTGGTGA AAAAATAACCCTAGGTATCTATGTA CTACTGTCGCTCTATTGGTTTTTTATTTGTTGCTAATTGA 1000
GTTAATACCTCCAACCTTCACTAGTCATTCTTTGATTGGAAAGTATTTGCTATTTACTCTAATTTTGGTTAATCTAAGCATTTTATTTACAATTTTGTG 1100
CTCAATTTACACCATCGTAACCCAAAGACTCATAGAATGCCCAAATGGATGAAACGCTTATTTCTGGAATACTGCCATGGTATTATTATTCATGCAACAC 1200
TTAAACTACACGACAGAAAACCGAATTTCAGAGAATATTTTCATCTGTAAACCAAGTGAACAAGCAAGCCCCATTTTGGCCCTGAAGACTAGAAAAAATAG 1300
CCTACAATGTAAATAAATATCCGCATAAAATAGATCAGTCTCTTCACGGAATGAAATATTTACATCAAATATCACTTACAGAAAAAGAGAACTAAAAGAG 1400
GCACAAGAATGGCAATATTCAGCAATGGTTGTTGATAGGCTTTTGCTTATTGTTTTCTCAATAGGTTTTTTTCTCGAACGATGGGTATTTTGTCTAAAAG 1500
CACCTTCAATTTATGACCATCGAATACCAATTGCTTGA GAGAAACAATTCTCAAATTTTTTAATTAATAAAATTTTTTAATGATTCACCATATATTGAC 1600
ACATAATGTGTCAATATTGAAATCTGTTTATCTTTGAATAAATATTGTATATTCTTTCTAAAAAATTGAAGCAAGGTAAATTA 1687
```

(b)

```
NKQMILRFLVVCTLYLSSAGADNFSASLLEDLLREYDKVVRPVKHPDDYLKLYLGIRLSQIADIDERNQIMTTNVWIRHEWYNYKLTWNPLDYGNITKIK 100
IPISEIWAPDVVLYNNADGDYQVTTETKATVYHSGLIWEPPMIYKSYCAIDIEYYPFDIQNCYMKFGTWTFNGLDIDLEHLNKSNSIATHNQPSKGHST 200
Neur_chan_LBD (Neurotransmitter-gated ion-channel ligand binding domain)
EIYTVTDGIDMSDYYSVEWDILSIPAQKNVKYDCCIEPYHDIYFNITMRRKTLFYTVNLIIPCWNISFLSILVFYLPSSSGEKITLGIYVVLVALLVYF 300
LLLIELIPPTSLVIPLIGKYLLFTLILVNLISILFTIFVLNLHHRNPKTHRMPKWMKRLFLEILPWYLFMQTLKLHDKPNSENISCKPSEQASPILALK 400
Neur_chan_memb (Neurotransmitter-gated ion-channel transmembrane region)
TRKNSLQCNKYPHKIDQSLHGMKYLHQISLTKLKEKLKEAQEWQYSAMVVDRLLLIVFSIGFFLGTMGILKAPSIYDHRIPIA 483
```

(c)

```
rotifer YLGIRLSQIADIDERNQIMTTNVWIRHEWYNYKLTWNPLDYGNITKIKIPISEIWAPDVVLYNNADGDYQVTTETKATVY
california sea hare K..L....VLTV.....L.IS..L.Q..YDLR.K.D.S...GVKVLN..SE.L.K..L.....F.I.LK...I..

rotifer HSGLIWEPPMIYKSYCAIDIEYYPFDIQNCYMKFGTWTFNGLDIDLEHLNKSNSIATHNQPSKGHSTEIYTVTDGIDMS
california sea hare NT.K.V....A.....P..V..F.....E.FL.ISS..YH..EL..Q..CNGSI.SR.DD.A.---.EIIIPR...LT

rotifer DYYTSVEWDILSIPAQKNVKYDCCIEPYHDIYFNITMRRKTLFYTVNLIIPCWNISFLSILVFYLPSSSGEKITLGIYV
california sea hare ...YN....V.NVT.M.R..F.P..P...P..T....L..R.....L...M...S..C.TV.....D.....S.SI

rotifer LVALLVFYLLLIELIPPTSLVIPLIGKYLLFTLILVNLISILFTIFVLNLHHRNPKTHRMPKWMKRLFLEILPWYLFM
california sea hare .L..T..F...SDMN.....T.....IM.V.TM..TL.VYT.HINFKS.T..K.SP.V...I.T....RV...
```

図 4-3. センチュウ *eat-2* 遺伝子のアミノ酸配列（アセセッション番号 Q9U298）と同一性を示したコンティグの塩基配列と演繹アミノ酸配列。（a）はコンティグの塩基配列を示す。配列の右側は塩基数を示す。青字は終止コドンの配列を示し、赤字は非翻訳領域またはミスアセンブルを含む配列を示す。（b）は演繹アミノ酸配列を示す。演繹アミノ酸配列の右側は残基数を示す。（c）は演繹アミノ酸配列と同一性を示したジャンボアメフラシ *Aplysia californica* の nicotinic acetylcholine receptor subunit type C（AGI03859）とのアミノ酸配列の比較を示す。ドットは同一のアミノ酸であることを示し、ハイフンは配列の隙間（ギャップ）の位置を示す。

(a)

```
NNNNNNNNNNNNNAATATTTTAAATTAAAAAAGATGGTTATTTTAACTTCAAAAGCCATTACTATTATTTTCGTCCAGATGAGTGGGAAGTAAAGCGA 100
GAAAATTTGACCATAGGAGAAAGAATAGGTGCAGGATGCTTTGCCGAAGTTCACAAAGGCACTCTTCTAGATTCCAAAACAAATCAATTAATCGATTGTG 200
CAATTAAATTCTGTGGCTCTGATCATCAAAATCGTCAGCGTCTACTCAAAGAGGCAAACATGCTAAAATCTATCGATACTACTCACATAGTGAAACTACT 300
AGGAGTCATTAGCAAACAAAATCCGGCTTACTTAATACTTGAGTACATGGACAACGGAGACCTGAAAGAATATCTTAGGAGCTTTAAGAATACTGAATTT 400
AAGAGCTTTATTACGACAGAAAGATTTTACAGAATGGCAGCCGAAATAGCTGACGGTATGCTTTGGCTAAGTGAACACAAGTACATACATAGAGATCTTG 500
CTGCTAGAAATTGTTTAACTCTCAAAAGATAATGTGATTAAATATCTGATTTGGGATTAGGTAAAGACATTTACCAAAATCCTGTTTATAGAGAAAAGTG 600
CAAAAGTTTATTGCCTATAAGATGGATGTCGCCTGAATCGTTGAAAGATGGGTTCATCGACTACCAAGTCAGATGTTTGGTCATATGGAATTGTAATTTGG 700
GAAATGGCAACTTATGGCGAAAATCCTTATAGTGGGAAAGAAAATGAGGAAGTAATTCAATTTGTAAAAAATGGTGGCCGCTCTCAAATTACCTTCAACTA 800
CACCACATAAATTCAATTCAATATTTAATAAATGTATGCTAACTGAAGATTACAAGAGAATTTGCTTCAAGGAAATTTTGGAAATTCCTTGATCCAGATTT 900
GACAAACGATTTCAAATAAAGTCCTATTATCATTGAGAATTACGTAAAAAATGCTTCAAAAGAAAAA 968
```

(b)

```
XXXXXXXXYFKLKKDGYFNFKSHYYYFRPDEWEVKRENLTIGERIGAGCFAEVHKGTLTLDSTNQLIDCAIKFCGSDHQNRQLLKEANMLKSIDTTHIVKLL 100
GVISKQNPAYLILEYMDNGDLKEYLRSFKNTEFKSFITTFYRMAAEIADGMLWLSEHKYIHRDLAARNCLISKDNVIKISDLGLGKDIYQNPVYREKC 200
PKinase_Tyr (Protein tyrosine kinase)
KSLLPPIRWMSPESLKDGSSSTTKSDVWSYGIVIWEMATYGENPYSGKENEEVIQFVKNGGRLKLPSTTPHKFNSIFNKCMLTETYKRICFKEILEILDPL 300
TNDFKLKSYHSELRKKCFKRK 322
```

図 4-4. センチュウ *daf-2* 遺伝子のアミノ酸配列（アセッション番号 Q968Y9）と同一性を示したコンティグの塩基配列と演繹アミノ酸配列。(a) はコンティグの塩基配列を示す。配列の右側は塩基数を示す。(b) は演繹アミノ酸配列を示す。演繹アミノ酸配列の右側は残基数を示す。(c) は演繹アミノ酸配列と同一性を示したゼブラフィッシュ *Danio rerio* の insulin-like growth factor 1 receptor および主要な生物の insulin-like growth factor 1 receptor (AAM89520) とのアミノ酸配列の比較を示す。ドットは同一のアミノ酸であることを示し、ハイフンは配列の隙間(ギャップ)の位置を示す。

(図 4-4 の続き)

(c)

```
rotifer      FRPDEWEVKRENLTIGERIGAGCFAEVHKG---LLDSKTNQLIDCAIKFCGSDHQN-RQRL--LKEANMLKSIDTHIV
zebrafish   YV.....E..KI.MCREL.Q.S.GM.YE.IAKGVVKDEPET--RV...-TVNESASLHE.IEF.N..SVM.EFNCH.V.
human       YV.....A..KI.MSREL.Q.S.GM.YE.VAKGVVKDEPET--RV...-TVNEAASM.E.IEF.N..SVM.EFNCH.V.
mouse       YV.....A..KI.MNREL.Q.S.GM.YE.VAKGVVKDEPET--RV...-TVNEAASM.E.IEF.N..SVM.EFNCH.V.
chicken     YV.....P..KI.MCREL.Q.S.GM.YE.IAKGVVKDEPET--RV...-TVNESASM.E.IEF.N..SVM.EFNCH.V.
african clawed frog YV..K...P..KI.MNREL.Q.S.GM.YE.IAKGVVKDEAET--KV...-TVNEAASM.E.IEF.N..SVM.EFNCH.V.
fruit fly   YI..D...L...IIQLAPL.Q.S.GM.YE.IKSFPPNGVDR--E....-TVNENATD.E.TNF.S..SVM.EF..Y.V.
C. elegans  YNA.D..LRQDDVVL.QQC.E.S.GK.YL..GNNVVSLMGDRFGP....INVD.PAST-EN.NY.M...IM.NFK.NF...

rotifer      KLLGVISKQNPAYLILEYMDNGDLKEYLRSFK-NTEFKSFI-----TTERFYRMAAEIADGMLWLSEHK
zebrafish   R...V.QGQ.TLV.M.L.TR....S....LR-SV.NT.SLPL-----PP-LKKMIQ..G.....AY.NAN.
human       R...V.QGQ.TLV.M.L.TR....S....LRPEM.-NNPVLA-----PPSLSKMIQ..G.....AY.NAN.
mouse       R...V.QGQ.TLV.M.L.TR....S....LRPEV.QNNLVLI-----PPSLSKMIQ..G.....AY.NAN.
chicken     R...V.QGQ.TLV.M.L.TR....S....LRPD..-SNPGQA-----PP.LKKMIQ..G.....AY.NAN.
african clawed frog R...V.QGQ.TLV.M.L.TR....S....LRPD..-SNSGQP-----TPSLKKMIQ..G.....SY.NAN.
fruit fly   R....C.RGQ..LVVM.L.KK....S...AHRPE-.RDEAMMTYLNRIQVGTGNVQPP.YG.I.Q..I.....AY.AAK.
C. elegans  ..Y...TVQ..MVVM.M..L.N.RD....KREDEV.NETDCNFFDIIPR-----DK.HEW..Q.C...AY.ESL.

rotifer      YIHRDLAARNCLISKDNVIKISDLGLGKDIYQNPVYREKCKSLLPIRWMSPESLKDGSSSTTKSDVWSYGIVIWEMATYGE
zebrafish   FV.....MVAE.FIV..G.F.MTR...ETDY..KGG.G...V.....VF..M....F.V.L..I..LA.
human       FV.....MVAE.FTV..G.F.MTR...ETDY..KGG.G...V.....VF..Y....F.V.L..I..LA.
mouse       FV.....MVAE.FTV..G.F.MTR...ETDY..KGG.G...V.....VF..H....F.V.L..I..LA.
chicken     FV.....MVAE.FTV..G.F.MTR...ETDY..KGG.G...V.....VF..H....F.V.L..I..LA.
african clawed frog FV.....MVTE.FTV..G.F.MTR...ETDY..KGG.G...V.....VF..N....F.V.L..I..LA.
fruit fly   FV.....MVAD.LTV..G.F.MTR...ETDY..KGT.G...V...P...R..VYSSA...F.F.V.L....LAA
C. elegans  FC.....M.NR.ETV..G.F.MAR.LFYHDI.KPSG.RMM.V.....KFDS.....F.V.LY..V.L.A

rotifer      NPYSGKENEEVIQFVK-NGGRLKLPSTTPHKFNSIFNKCLMTEDYKRICFKEILEILDPLTN-DFKLKSYHSE
zebrafish   Q..Q.MS..Q.LR..-ME..L.DK.DNC.DMLFELMRM.WQYNPKM.PS.L..ISSIKE..-EAG..ET.FFY..
human       Q..Q.LS..Q.LR..-ME..L.DK.DNC.DMLFELMRM.WQYNPKM.PS.L..ISSIKEEM-EPG.REV.F.Y..
mouse       Q..Q.LS..Q.LR..-ME..L.DK.DNC.DMLFELMRM.WQYNPKM.PS.L..IGSIKDEM-EPS.QEV.F.Y..
chicken     Q..Q.MT..Q.LR..-ME..L.EK.DNC.DMLFELMRM.WQYNPKM.PS.L..ISSIKDE.-DPA..EV.FFY..
african clawed frog Q..Q.MS..Q.LR..-ME..L.EK.DNC.DMLFELMRM.WQFNPKM.PS.L..ISSIKDE.-DPG..EV.FFY..
fruit fly   Q..Q.LS..Q.LRY.-ID..VMER.ENC.DFLHKLMQR.WHHRSSA.PS.LD.IAY.E.QCP.SQ..EV.F....
C. elegans  Q..I.LS.D..LNYIGMARKVI.K.ECCENYWKVMKM.WRYSRPD.PT.LQLVHL.AAEA-SPE.RDL.FVLTD
```

(a)

```
GGAAGAATTCAGTCTAGAGAAAAAACTTTATTATATAAGATATCATTTGCTTTTGGAGCACTGAAATACTTTTCAAGTGCGAAAAATACTCAAGAA 100
ATTGAAGTAGAGGCATTTATGACTAAAAAAATTTGATCAGATTGGAAAGCAAATCAAAGACATAAAAGACAATGACCGCCTTTTAGATGAGCTTGATATGT 200
TTCAAAAGAATTTGATGTCTAATGATAAGTTCGGTATGCGTAATTACCGACTACCATTTAATCTAAGTTATTGTGTTAGAGAATTAGACATAAAGTCGTG 300
TTCATTTATTAAGTTCGTTTACAGTGCCATTAATAATTAGTTTAAAAAATAGTGATGATCAGCAAAACAGCTTTTATACGATTTATAAAATTGGAGACGAT 400
TTGCGTCAAGATATGTTTGTATTCAAATGATTAATGTCATGAATCAGTTATGGTTAGCCGATGACTTAGACTTGAATATGTTACTTTTGAATGCCTAC 500
AAACAGGAAATAGACGCGGCTTTATTGAAATGATTACTAATGCTGAAACTTTGAAAGAGATACAAAAAGGGACTGTTATTAATGCGTTTAAAAAAATTG 600
CATCAATGAATGGCTTAGATCACACAATCCGGCAATAAACAATTTCAAAAAAGCAGTTGACAACCTTTACAAGGTCTTGTGCTGGATATAGTATAGCAACA 700
TATTTACTTGGAATTGGTGATCGTCATAACGACAATATTTATGATCAAGTACACTGGTCATATGTTTCACATAGATTTTGGAAAAATATCTTGGTGACGCGC 800
AAACATTTGCCGGATTTAAAGAGATCGGACACCTATTCTTTTACAAGCGACATGTTTATGCAATAAATCAGTCCAAAGAACCAAAATTTTAGATTTCA 900
AGAATTTATTGAATTATGTTGTCAGGCATTTCAAATCTTGCCTAAAAATCATATACATCTTTTATCAATTGTTGAATTAATGATCGATAGCGGCATACCG 1000
GGATTAAACAAAAATGCCATTCAATATATTTGTAGAAATCTAATGATTGACCTTGATGAGGACGAGTCCCTCTAATATGCTCAAAAAATAATACATGATA 1100
GTTTAGGCAAATTTGCTTCAATAAATTTTGTCTATTCTACTTTAGCCCCAACCGAAAACGGTCAGCTCGTCCAACTATTTCTCATTTGTATCCCATATTTT 1200
CAATTCAGAACTGATGGAAAAATCCTTGAAATACAGACAAAATTTATCAGAATCAACTAGCTCTGAAAAATTTACGTGGACTCATCAAGTGCTCTGTGGTT 1300
AGGGAGACTGAATTTGAATCAATGATGTTTACAGAACATTTGAAGAATTTTGCGAATTGATCAGATTTGTCCAAGACTTTTACAACATTACGCCTCT 1400
GTGAATCGCCTTCTTATAGCAAATTCAAAGAAGCTAAACAATTTTGAAGCGTGTCTTTTGGTTGAAAAATTTTGAAGAGATTATGAGCCTTCCAGC 1500
TGAGATAAGCCAGTCTGAAATAATCTACACGTTTTTTCATCCAATTTTAAAGAGACAAAAAGAACTTTTACTCCATAGAAAAATGAAATGGTTTAACT 1600
TTGAACAATAGGCAAAAATCGTGAAGTGTATGATTCGATCGAACAAAATGTTAAAGGGGAGGTCAAATTAATACTGAGATTTAAAGAGAACAAATTTTAG 1700
TAAATTGCGCTCAATGTAGAAATTTGAAACCACCTTATAATCAATCTGTCTCTCTTTAAACCTATGTAATAATGTTACTTGAGACCTGACTACACTAA 1800
ATCGACTAAAAAGAAAGTGCAGGCTTTGTTTAAATGGCGCAAATCCAATCTTTACGGAACAATGGAATATGACATTTGGTCTAGATGAACTAAGAAAGCGG 1900
ACACTAGAACTAACAGTGTAAATAATCGTATAAATTTTAAAGAAAATTAGGTTCAA 1957
```

(b)

```
EEFKSREKNFIYIRYHLLLEALKYFSSAKITQEIELEAFMTKKIDQIGKQIKDKDNDRLLELDMFQKNLMSNDKFGMRNYRLPFNLSCVRELDIKSC 100
SFINSFTVPLKLVFKNSDVSANSFYTIYKIGDDLRLQDMFVIQMINVMNQLWLADDLNIVTFECLQTGNRRGFIEMITNAETLKEIQKGTVINAFKKNC 200

INEWLRSHPAINNFKAVDNFTSCAGYSIATYLLGIGDRHNDNIMIKYTGHMFHIDFGKYLGAQTFFAGFKRDRTPILFTSDMFYAINQSKEPNFRFQ 300
PI3_P14_kinase (Phosphatidylinositol 3- and 4-kinase)
EFIELCCQAFQILRKNHIHLISIVELMIDSGIPGLNKNAIQYICRNLMIDLDEDESSNMLKKIHDLSLGFASINFAIHTLAQPKTVSSSNYFVSFVSHIF 400

NSETDGKILEIQTKLSESTSSENLRGLIKCSVVRETEFESNDVYRTFEEFCELYHILSKTFTTLRLCESPSYSKFKEAKQFLKRCLLVENFLKEIMSLPA 500
PX (PX domain)
EISQSEIIYTFHFPILRDKKETFYSIENENGLTLNRRQNREVDYSIEQNVKGEVKLKLRFKENKFLVNCLQCRNLKPPYNQSVSSLKPYVKCYLRPDYTK 600
C2 (C2 domain)
STKKKVQALFNGANPIFTETMEYDIGLDELKRTLELTVLNNRINFKEN 649
```

図 4-5. センチュウ *age-1* 遺伝子のアミノ酸配列（アセション番号 Q94125）と同一性を示したコンティグの塩基配列と演繹アミノ酸配列。（a）はコンティグの塩基配列を示す。配列の右側は塩基数を示す。青字は終止コドンの配列を示し、赤字は非翻訳領域またはミスアセンブルを含む配列を示す。（b）は演繹アミノ酸配列を示す。演繹アミノ酸配列の右側は残基数を示す。（c）は演繹アミノ酸配列と同一性を示したショウジョウバエ *Drosophila melanogaster* の phosphoinositide 3-kinase（CAA63485）および主要な生物の phosphoinositide 3-kinase とのアミノ酸配列の比較を示す。ドットは同一のアミノ酸であることを示し、ハイフンは配列の隙間（ギャップ）の位置を示す。

(図 4-5 の続き)

(c)

```
rotifer      IYKIGDDLQDMFVIQMINVMNQLWLADDDLNIIVTFECLQTGNR----RGFIEMITNAETLKEIQ-KGTVINAFKKNCI
fruit fly    .F.C....Q..QLT..L.RI..KM...ER...KM...N.VP..YK---S.M..LVSE....RK..VECGLTGS..DRP.
human        .F.C.....LTL...RI.SKI.VQEG..MRM.I.R.FS..RG---.MV...P....RK..VEHG.TGS..DRPL
mouse        MF.V.E.....LAL...KI.DKI..KEG...RM.I.R..S..RD---.MV.LVPASD..RK..VEYG.TGS..DKPL
african clawed frog .IRCANVPQ.YWLT.L.YL-----K.HFFQL.QSSSKNLLSAKSLA.IF--SPL.FR..VSSSDSSE.STQIL

rotifer      -----NEWLRSHN-----PAINNFKKAVDNFTRSCAGYSIATYLLGIGDRHNDNIMIK-YTGHMFHIDFGKYLGDAQTF
fruit fly    -----A...GKQ.-----SPLEYQS..R...L.....V...V...C.....L.-TS..L.....F....M.G
human        -----AD..QK..-----GEDEYE...E..IY...CCV...V...C.....L.-T.....RF..H..M.G
mouse        -----A...KY.-----SEEEYE..SE..IY...CCV...V...C.....LR-S.....F..H..M.G
african clawed frog EVLIAS..NEKQAAPALP.KPSKSTAVTN.G.NHVMSLQD.EWYW.DIS.EEV.EKLRDT.DGT.LVRDASTIMHGDTL

rotifer      GFKR---DRTPILFTSDMFYAINQSKEPNFRFQEFIELCCQAFQ--ILRK
fruit fly    N...---...FVL...A.V..GGDK.STD.HY.VD...R..N--V..
human        NI...---.A.FV....A.V..GGDK.SS..HD.VD....YN--LI..
mouse        S...---.A.FVL...A.V..GGEK.TI...L.VD....YN--LI..
african clawed frog TLRKGGNNKLIKI.HR.GK.----GFS DPLT.NSVV..ITHYRNESLAQY
```

(a)

```
TCTGACATCCTCTTAAAGACGAGAAGACCCCATAAACTTAATTTGATCTAAAAATCATAAAACTTTTCTTTTGAATGAGATAATTACAAAATCAT 100
ACAAATTATTGCTATTGGTCGTATAATAAGATTGGTTTTGTTAGTAAGATCAGTTCGTCTGATACTTCTTACGGATGGACTCCAAAAAGCATGAGGCTC 200
ACAGTCGGTGGCAACAAAAGGCGCTATCAAAAAGATGGCTATGATCTAGATCTTTGCTACATTTCAGAGAGTTATTGCAATGAGTTTTCTCTCTCAG 300
GTATAGACGGCGCTATAGGAACAGAATTGAGCAAGTAGCAAAGTTTTAGATGAAAAACACCCTAATAAATACAAAGTTTATAATTTGTGCAGCGAAAG 400
AACATATGATACGAGCTATTTTCATGAGAGATGTGAACGAGTGTAAATCGATGACCACAATGTTCCCACTTTAAAGATTCAATTAGATTGTCTAAAGAT 500
GTCCGAAGTTGGATTGACGCCGATCCAGACAATGTTATTGCTGTTCACTGCAAAGGGGAAAAGGCAGAACTGGAACATGATTTCGATCTGGCTTCTCG 600
AATCAAAACAGTATGCTAGTGCATCGGAAGCATTGTATAAATTTGGAGATCGAAGAACCAATTGGGACAAGGGCAAAACATTCCAAGGTGTTGAAACGCC 700
ATCACAAATCAAGATTTGTAGAATATTACGACATCATATGCAATAAACTAAACGGACTGCTGCCCTATTAAATATTTAAAACTTCAAAAAATCGTGATC 800
CACTCAATAAAAGGCATTGGCAATTCCGGATGGTTCAGACTTTTCAATGATTGTTTACAATAATTTAAACAAGTAATAGCTACTTGTAAATTTGGGAACAA 900
ATAATAATTGCCAATACAGATATGATTTCAGAAAATGATAAAGCCATAATTGAGTCAATAAATTCAGAAAATAATGTCCGAAGAAATAAAAAATAATGTTTT 1000
TTCTTCTAATAAAAAATGTTCCAAAATATTATGACGATTGTGCATCTTCTTTTCATTTTCATACATCGTTTATTGAATCGGACCGATTGTTTATCCGCGC 1100
AATGAACTTGATAATCCTCATAAAGAAAAATTTTGAATGTTTACAACGAGAATTTTGCCGTGGAGCCTTTTTTTGAACTATTGATCAATTAATTTTCTT 1200
ATTATTTTCATTTAATTTCTAATCTAAGTCATTGAATTTTAAAAATTAATTTTGATTTTCCGCAGTTTAAATAAATCAAATAAA 1284
```

(b)

```
DNYKIIQIIAIGRIIRLVLLVRSVRLILLTDGLQKSMRLTVGGNKRRYQKDG YDLDCYISKRVIAMSPSSGIDGVYRNRIEQVAKFLDEKHPNKYKVY 100
NLCSERTYDTSYFHERCERVLI DDHNVPTLKDSIRFAKDVRSWIDADPDNVI AVHCKGKGRTGTMICIWLLESKQYASASEALYKFGDRRTNWDKGKTF 200
```

DSPc (Dual specificity phosphatase, catalytic domain)

```
QGVETPSQSRFVEYYDII CNKLNGLLPPIKYLKQKIVIH SIKGIGNSDGSDFSMIVNNLKQVIATCNLGTNNNCQYRYDSENDKAIIESINSEIMSEE 300
```

```
IKIMFFSSNKNVPKYDDCAFFFSFHTSFIESDRLFIPRNELDNPHKEKFVN VYENFAVEPFETIDQ 369
```

PTEN_C2 (C2 domain of PTEN tumour-suppressor protein)

(c)

```
rotifer      NKRRYQKDG YDLDCYISKRVIAMSPSSGIDGVYRNRIEQVAKFLDEKHPNKYKVYNLCSERTYDTSYFHERCERVLI D
mallard      ....M...F...T..TD.....KQSF...P..KE...R...T..ADH.....KG..PK...Y.V...IF..
human        ....TR...F...T.VTE.I.....RQSF...P..E.VR...K..R.H.R.....A..PKH..N.VS.IM..
zebrafish    .....F...T.VTE.....KQAL...P..RE.VR...T..MDH...F.....KG..PKF..Y.V...M..
pacific oyster .....F.....T.....VS.M...P..QE...R...A..EGS..LIFD.....N..A.I..G.V...F..
```

```
rotifer      DHNVPTLKDSIRFAKDVRSWIDADPDNVI AVHCKGKGRTGTMICIWLLESKQYASASEALYKFGDRRTNWDKGKTFQGV
mallard      .....IR.MLK.TAS..E.MSQ.EK..I..I.....V.T..ID.D.FE..K.S.DY..E...DRSTSTK....
human        .....HEMVV.T.E.NE.MAQ.LE.IV.I.....V.AL.IA.EIFLT.E.S..Y..E...KTHSNK....
zebrafish    .....S.D.ML.YTAC..D.MA..SR...I.....V.T..ID.D.FE..Q.S.DY..E...DKSMSK....
pacific oyster .....SIR.M.D.CIK..K.LSENE.H.....T..VDCDMFTE.E.S.VY.....DL.....
```

```
rotifer      ETPSQSRFVEYYDII CNKLNGLLPPIKYLKQKIVIH SIKGIGNSDGSDFSMIVNNLKQVIATCNLGTNNNCQYRYDSE
mallard      .....Y.G..E.LK..Y.FK...ERQ..IKNLK.Y..H.V.KGN.T.LKVQ.IMR-...VLE.VCA.QG..KLFF.AD
human        .....N.Y.G.FAQVKHLY.WN...RRI.FIKRFI.Y..---RG.VC.LKVQ.VME-.K.VFSST--SLG..SILH.I.
zebrafish    .....Y.G..E.MK.QY.RQ...R.S..IKS.R....A.V.KGN...LKLKIIVK-HELVFQ.VCAQH..TVFP.TG
pacific oyster .....Y.G..E.K.VKI.D.EA..VVK...KS.R.TG.HTV..G....LKLDI.LQ-.TN.FS.K..KKDK.EVEFSK.
```

```
rotifer      NDKAIIESINSEIMSEEIKIMFFSSNKNVPKYDDCAFFFSFHTSFIESDRLFIPRNELDNPHKEK
mallard      S.SVV.GLED.PVI.GDV.VR.-E.HSDL..G..N.P...W.N....NN..YL.....S.
human        T..IL.NVYDGPPLYDDV.VQ.-F.-S.L....N.P...W.N....QNN..CL.....P.
zebrafish    SNAV.V.SLQDGP.VTGDV.V.-E.SAGL..G.E..P.Y.W.N...V.NY..L.S.E.....Q.
pacific oyster K.VVEVSPTEEVVLYDDV.VK.-N...-I..G..G.....W...Y.V.NN..L...D.....K.
```

図 4-6. センチュウ *daf-18* 遺伝子のアミノ酸配列（アセッション番号 G5EE01）と同一性を示したコンティグの塩基配列と演繹アミノ酸配列。(a) はコンティグの塩基配列を示す。配列の右側は塩基数を示す。青字は終止コドンの配列を示し、赤字は非翻訳領域またはミスアセンブルを含む配列を示す。(b) は演繹アミノ酸配列を示す。演繹アミノ酸配列の右側は残基数を示す。(c) は演繹アミノ酸配列と同一性を示したマガモ *Anas platyrhynchos* の

Phosphatidylinositol-3,4,5-trisphosphate 3-phosphatase TPTE2 (EOB04857) および主要な生物の Phosphatidylinositol-3,4,5-trisphosphate 3-phosphatase TPTE2 とのアミノ酸配列の比較を示す。ドットは同一のアミノ酸であることを示し、ハイフンは配列の隙間（ギャップ）の位置を示す。

(a)

```
GTAATTCATGCTCGAATACAAATACATCATGTTCTTCTTCAACTTCATCGTCCCCATCAACAATTTGTACGACTAGTCAAATAATAGAGCGAGAAAGCAA 100
ATTATACTATGTAGATCCTCATACATATGAAGATCCAACCTTTAGCTGTACAAGAATTTGCTCAGGAAATATCACCTCTAGATATTAATAAGTAGAGCTGTT 200
ATTGGTGGTGGTGAATTTGGTGATGTCTGTAAGGAAAGCTAAATCGGCTCATAGTTGGACTACTGTTGCCATAAAAACTTTAAAGTTGGATCTAGTG 300
AAAAAACAGATGCGAATTTTGGACTGAGGCGAGTATAATGGCTCAATTTAATCATGAGAACATTATTTGTCTAGAAGGAGTTGTCAGTCAGTCGCATCC 400
GTTTATGATAATCACTGAATATATGGACAATGGGTCTTTAGACACTTTTTTAAGACTTAACCTCATGGAGATTGAATATTATGATTGGTCAGAATGTTA 500
AAAGATATTGCTAATGGTATGAAATATTTAGCTGGATTGAACCTTTGTTCCACAGGGATTGGCAGCCAGGAATATATTAGTTGACAAAGATTGAAATGCA 600
AAGTAGCTGATTTTGGGCTTAGTCGTGAAATTTGAAGGAACAAATACAGAAGGAGTGTACTGGACTAAGGGTGGAAAAATCCAGTCAGATGGACTGCTCC 700
AGAGGCAATAACTCATACCAAATTTACTTGTTCGTCTGATGTGTGGTCTTTTGGAGTTGTGATGTGGGAAGTTATGAGCTATGGAGAAAGACCATACTGG 800
AATTGGTCTAACACTGATGTTATCAAAGCTGTTGATAAAGGATTAGATTGTTTATACCAGCTGGTTGTCTCAAGTATTGTACAACATGATGTTAGATT 900
GCTGGGAAGCAGATAGATTGAAGCGACCAAAATTTAAAAAATAGTCAACGATTAGATCTTTTGATAAAATCGAGAAAAGAATCGCTTTTGTACCTGC 1000
TAAAAATACTAAAGCTAATTTCAATATTGACACAAACCGACCGAATTTACGCATTTAACTAGTGTTCAGAATGGCTTAATCTCTCAATTTGATCGAT 1100
TATGTCGATTTGTTTGTAAATAGACGAATACTAAATCTTCTCAAATTTTAAATCTAGAGTTGGAGGAACCTATTAAAAATGGAAATATTCGAGCCCAGTC 1200
ATCAATGATTATTTTAGATTCAATAAAGCGAATATCATTTGAATTAATTTTCAAATGCCGAATTTTAAATGGCTTTAACTCGACCA 1289
```

(b)

```
NSCSNTNTSCSSSTSSSPSTICTTSQIIERESKLYYVDPHTYEDPTLAVQEFQAQEISPLDIKIESVIGGGEFGDVCKGKLSAHSWTTVAIKTLKVGSSSE 100
EphA2_TM (Ephrin type-A receptor 2 transmembrane domain )
KNRCEFLTEASIMAQFNHENIICLEGVVTQSHPFMIITEYMDNGSLDTFLRLNSWRLNIYDLVRMLKDIANGMKYLAGLNFVHRDLAARNILVDKDLKCK 200
Pkinase_Tyr (Protein tyrosine kinase )
VADFGLSREIEGTNTEGVYWTGKGKIPVRWTAPEAITHTKFTCSSDVWSFGVVMWEVMSYGERPYWNWSNTDVIKAVDKGFRFLFIPAGCPQVLYNMMLDC 300
WEADRLKRPKFKKIVNDLDDLKSRKESLFVPAKNTKANSNIDNRPNFTHLTSVQEWLNSLNLIDYVDLFVNRRILNLSQILNLELEELIKMEIFEPSH 400
SAM_1 (SAM domain )
QMIILDSIKRISFELNFQNAEFLMALTRP 429
```

(c)

```
rotifer      YVDPHTYEDPTLAVQEFQAQEISPLDIKIESVIGGGEFGDVCKGKLK-----SAHSWTTVA
black-legged tick .....NQ..R..TK..DA.H.T..AI.....R.....CPGRPEV...
African clawed frog .....NK..LK.TMRFR.TPSRAKK...A....E.F..I.....LPGKKES...
C. elegans    ....T.....YQ.LI..TFD...N.VF.TQ.....L.G.SKNSPAAKWSVSNTTMGRGGGGGGYESEPYE...

rotifer      IKTLKVGSSSEKNRCEFLTEASIMAQFNHENIICLEGVVTQSHPFMIITEYMDNGSLDTFLRLNSWR---LNIYDLVRMLK
black-legged tick .....P...D.A.MD.....G..D.P.V.F.Q....K.N.I.....E.....A.DGKFQVI---Q..G..R
African clawed frog .....A.YT..Q.ND..S.....G..C.H...R...W-SKYK.M..V..H.E..A..K..KD.DGEFSPI---Q..G..R
C. elegans    .....S...A.AKA.....T..G..S.P.V.R.I....SAE.V..VA...A.....Q..NTDQ.GEKVHWEKITE..Y

rotifer      DIANGMKYLAGLNFVHR-----DLAARNILVDKDLKCKVADFGLSREIE--GTNTEGVYWTGKGKIPVRWTAPEAITHTK
black-legged tick G..A..Q...EM.Y...-----.....V..NAN.V..I.....SA---...A.T.R.....AFR.
African clawed frog G..A.....SEM.Y...-----.....NSQ.V...S.....VL.DD---P.AT.T.S.....I.....SYR.
C. elegans    G..S.....TDMGY...VSFLR.....V.L.ME.R..I.....GVRSE.SSV.PE.T.N.....R.

rotifer      FTCSSDVWSFGVVMWEVMSYGERPYWNWSNTDVIKAVDKGFRFLFIPAGCP
black-legged tick ..SA.....I.C.....Q....SIE..Y..PA.MD..
African clawed frog ..SA.....Y.I.....EM..QE.M..INE...PA.MD..
C. elegans    ..P.....I...C.F.....D.T.QK..SE.MI.Y..PP.MD..
```

図 4-7. センチュウ *vab-1* 遺伝子のアミノ酸配列 (アセッション番号 O61460) と同一性を示したコンティグの塩基配列と演繹アミノ酸配列。(a) はコンティグの塩基配列を示す。配列の右側は塩基数を示す。(b) は演繹アミノ酸配列を示す。演繹アミノ酸配列の右側は残基数を示す。(c) は演繹アミノ酸配列と同一性を示したクロアシマダニ *Ixodes scapularis* の eph receptor tyrosine kinase (XP002415239) および主要な生物の eph receptor tyrosine kinase とのアミノ酸配列の比較を示す。ドットは同一のアミノ酸であることを示し、ハイフンは配列の隙間 (ギャップ) の位置を示す。

(a)

```
TTTAATAATATACGAAATATTATGAAAAAGCATGACTTCAAATTTGAATAGCAATGACCCTTTTATTCAAATATGGAGTTTAAATGGAACCTACTTTAC 100
ATCCGGTCAGTACTTTTTGGACAATAACCACTTGTTACAATTAAACTATCAACCGGTATTCGAGGATTCGGAATGCAAAAAGCAAAAATTGACCGAAGAG 200
CAAACCGATTTCGGAGGCGAAGAGGCTCAAGACAGCCGATAGTAGAGAATTTAGTTTTTTCACAGCGCCTCCGCCTCAGTCTCTCGGCTCGAATTTCTCCAC 300
CATCATCAAACGAATCCTCGTCACCGAATATCCTGTAAATCAACAATATCCGTTCACCTTTAAGACTACAACAATCAGAAGCCGTTTGGCCACCATCAT 400
TCAGACACCGGTATAGATGATCTGAATCGTATAGACATGTTTATATCAAAAATCAAAAAGAGATCCAATTGCTGAATATGACGCTGAATTGGCCGAA 500
TCGATTGAGTTTCAAACTTGGCCTAAAGAAACAAAATGGACCCAGAAAAAATTCATGGGGTAATTTGTTCATATGCCGAACCTAATTACCAGAGCTATTGAAT 600
CCAGTGCAGAACAAAGACTCACCTTGTCTCAAATTTATGACTGGATAATAAAATATGTTCCATATTTTAAAGAAAAGTTTGATCGAACCAGCAGTGCCGG 700
ATGGAAGAACTCGATTAGACATAATTTGTCTTTGCACACAGATTTATTAGAGTACAGAATGAAAGTTCAGGAAAGAGCTCATGGTGATGATAAATCCG 800
GATGTAAGCAAATATGCGATCAATTCAAATGCTCAAGATGAATTGATAAATTACAATTTCAAAGACAAAGTAGAAAAACAAAACAGATGAAGTAAAAA 900
TAAAAAAGCTAGAGCACGTAATTCTATAGAGACAAATTTTGATGACAAATCAAAGAACTTAAATCCAAATGTGCCAAAAGACCAAGAATGCCAAGAA 1000
GTCTGAGTCGAAAGCGGAAAAATTGGACATTTCTGCAGTTGACTCACCCGTTTCGCCAACAAATTTTAACCTTTCAAATAACATTTCTCGAACGGCCTTG 1100
CAAAAGCCGTCAAATACACCACCACTCCATCGGCAACACCAATATTTTCATATAGATCATATACCGGAGACTTTTACCAAAACACTATGTCTTATCCAA 1200
CGCTACTGACTATTATACCAAAAAAATGGCCTTAATAAAAACTCACATTACTATAATTATC 1262
```

(b)

```
YTKYYEKSMTSNLNSNDPFYSNMEFNGTHFTSGQYFLDNNHLLQLNYQPVFEDESECKKQKLTEEQTDEAKRLKTADSREFFSTAPPQSLGSNSPSS 100
NESSSPNYPVNQYQPFNFNDYNNQKPFATIIQTTVIDDLNRIDNVYIKKSKRDPIDAEYDAELAESIEFELGLKKQNGPRKNSWGNLSYBELITRAIESSA 200

EQRLTLSQIYDWIIKYVPYFKEKFDRFTSSAGWKNLSIRHNLHLNRFIRVQNESSGKSSWWMINPDVSKYAINNSAQDELINYNFKDKVEKTKTDEVKIKK 300
Fork_head (Fork head domain)

ARARNSIETNFDDKSKKLKSKCAKKTNAKKSESKEKLDISAVDSPVSPTNFNLSNNILRTALQKPSNTPPTPSATPNISYRSYTGDFYQNTMSYPTLL 400
TIHTKKMALIKTHITIIII 420
```

(c)

| | |
|---------------------|---|
| rotifer | PRKNSWGNLSYBELITRAIESSAEQRLTLSQIYDWIIKYVPYFKEKFDRFTSSAGWKNLSIRHNLHLNRFIRVQ---NESS |
| brandt's bat | S.R.A.....D...K...APDK.....MVR.....D.G.SN.....T.....---.GT |
| human | S.R.A.....D...K...APDK.....MVR.....D.G.SN.....T.....---.GT |
| mouse | S.R.A.....D...K...APDK.....MVR.....D.G.SN.....T.....---.GT |
| chicken | S.R.A.....D...K...P.K.....E.MV.S.....D.G.SN.....SK.....---.GT |
| african clawed frog | S.R.A...M...DF..K...P.R.....MVRF.....D.G.SN.....T.....---.GT |
| zebrafish | S.R.A...M...D...K...P.K.....MV.S.....D.G.SN.....S.....---.GT |
| fruit fly | S.R.A.....D...H..G.ATDK.....E.MVQN.....D.G.SN.....M.....---.GT |
| C. elegans | T.R.A...M.....T..MA.P.K...A.V.E.MVQN...RD.G.SN.....S..M.I.---.GA |
| baker's yeast | ENR.VKPPH...TM..Q..L..P.GVIS.AD..KY.SSNYA.YR----FAKS..Q.....NKA.EK.PRRP...-P |
| rotifer | GKSSWWMINP-----DVSKYAINS |
| brandt's bat |L.-----EGG.TGKTP |
| human |L.-----EGG.TGKTP |
| mouse |L.-----EGG.TGKTP |
| chicken |L.-----EGG.SGKSP |
| african clawed frog |L.-----EGG.TGKTP |
| zebrafish |L.-----EGG.SGKSP |
| fruit fly |L.-----EA-.PGKSV |
| C. elegans |V.-----A-.PGR.P |
| baker's yeast | ..GMK.R.SESYQQEFLNKWNTG.VGKI- |

図 4-8. センチュウ *daf-16* 遺伝子のアミノ酸配列（アセッション番号 O16850）と同一性を示したコンティグの塩基配列と演繹アミノ酸配列。（a）はコンティグの塩基配列を示す。配列の右側は塩基数を示す。赤字は非翻訳領域またはミスアセンブルを含む配列を示す。（b）は演繹アミノ酸配列を示す。演繹アミノ酸配列の右側は残基数を示す。（c）は演繹アミノ酸配列と同一性を示したホオヒゲコウモリ属の一種 *Myotis brandtii* の Forkhead box protein O6（EPQ07649）および主要な生物の Forkhead box protein O6 とのアミノ酸配列の比較を示す。ドットは同一のアミノ酸であることを示し、ハイフンは配列の隙間（ギャップ）の位置を示す。

| | |
|---|------|
| TGGTTTTGGATCACGTTTGT | 100 |
| TCGCTTGGTTTCGCATAACAGTGTCTTA | 200 |
| CAAAATTAACTTTTCGAACAAAATTGATTTAGATCAAAATTTTTTCGAATAT | 300 |
| TCGTTTTCGAACCGAAGGTTATTTTGTCTAGATACAGTTTCAACCAATGTTT | 400 |
| TCTAGAAATCGGACATAAGTATCTTATTTACTTCTCAACCGTTTCAAAATTAATAA | 500 |
| TCAAATTTTAAAAATAAAAATATGGAGTATTTTCGAGTCTTTAAACATTTAGTCCATAAGAATATTT | 600 |
| TTAGTACAGTAGACATAGATGGAATAGCTGAATTTCTTGCACAACTAACGAAGTTATCGTTATGACTGGT | 700 |
| AGATTTTAGAAGCGAATCATTCGGTCTTTATAATCGATTACAAAAATATAA | 800 |
| CCAAAGGCCATTTTATGAGTTAGCTCATGAAATGATATCCAGTTCCTT | 900 |
| GAAATCTACTAAAAACATTATACATCAAAACATAGATTTGTCTTGAAGAATTAGCTGGCTGGATAGTAGTAAACAGTTCAGCTCAGGACATATTA | 1000 |
| AGGTACTTGCCTTGGGATGCAGGAAAAGTTATGATTTGCAATTTTTTAAAGATAAAGTAAATAAAAATGAAATTCCTAAATGCATCGAATGTT | 1100 |
| ATTAACACAGATGTAGTTTTATTTGGAGAAAAATTTATCAAAGACTTTTGGAAATTTTCCAAGTGATTTTAGCAGATGTAATTTGCTTATAATAATGGGAA | 1200 |
| CTTCACTAGTTGTACAGCCTTTTGCAGGTTTGGCTGGGCAAGTAAACCAGAAGTGTCTTAGAGCTTTAATCAATAGAGATCCAGTTGGCGATT | 1300 |
| GTTAGGCTCTTTTGGACAAATCTTTTTCATTGAACTCCTGAATTTGGTGCAAGTTCGAATAGCAACCGGGATGTTTCTAAAGGTGACTGCGATCAA | 1400 |
| TGCCTTCAATTGGCCGAAAAGCTCGGATGGAAAGAGGAACCTTGAGTTACTAATGAATCAAAACATAGCAAAATTTGATGAAAAAATTC | 1500 |
| TTTATTAAATTTGTTTATTTATTTTATTAATTAATAATATTTT | 1600 |
| AGG | 1600 |

| | | |
|---|---|-----|
| FILNLNFLYKKNSNFKIKNMEYFRVFKHLVHKNISSIFGSKSQQTLSTVDIDGIAEFLAQTNFVIMT | <u>GAGISTNANIPDFRSESFGLYNRLQKYNLPHP</u> | 100 |
| <hr/> | | |
| TAVFTLDYFKENPKPFYELAHEMYPLQNARPTVAHYFIKLLDLKGKLLKHYTQNIDCLEELAGLDSSKTVQAHGHIKTGTCLGCRKSYDFEFLKDKVIK | | 200 |
| <hr/> | | |
| SIR2 (Sir2 family) | | |
| <hr/> | | |
| NEIPKCIECSETIKPDVVLFGENLSKDFWNFPDFSRCKLLIIMGTSLVVQPFAGLAGQVNQNCPRALINRDPVGDSGMLGSFWTNLFHLNPEFGASSNS | | 300 |
| <hr/> | | |
| KRDVSKGDCDOICLOLAEKLGWKEELELLMNONIAKLMKKFKI | | 343 |

図 4-9. センチュウ *sir-2.1* 遺伝子のアミノ酸配列（アセセッション番号 Q21921）と同一性を示したコンティグの塩基配列と演繹アミノ酸配列. (a) はコンティグの塩基配列を示す. 配列の右側は塩基数を示す. 青字は終止コドンの配列を示し, 赤字は非翻訳領域またはミスアセンブルを含む配列を示す. (b) は演繹アミノ酸配列を示す. 演繹アミノ酸配列の右側は残基数を示す. (c) は演繹アミノ酸配列と同一性を示したコロモジラミ *Pediculus humanus corporis* の NAD-dependent deacetylase sirtuin-2 (XP002429118) および主要な生物の NAD-dependent deacetylase sirtuin-2 とのアミノ酸配列の比較を示す. ドットは同一のアミノ酸であることを示し, ハイフンは配列の隙間（ギャップ）の位置を示す.

(図 4-9 の続き)

(c)

```
rotifer      GAGISTNANIPDFRSESFGLYNRLQKY--NLPHPTAVFTLDYFKENPKPFYELAHEMYPVLQNARPTVAHYFIKLLDLKG
human body louse  ....S.G.....PGS...DN.G.--K....Q.I.AI.....E..FH..K.LF.--GSYK.....VR..HE..
human       ....S.G.....P.T...DN.E.--H..Y.E.I.EIS...KH.E..FA..K.L.--GQFK..IC...MR..KD..
mouse      ....S.G.....P.T...AN.E.--H..Y.E.I.EIS...KH.E..FA..K.L.--GQFK..IC...R..KE..
chicken    ....A.G.....PGT...AN.GR.--E..Y.E.I.DIS...QH.E..FA..K.LL.--GQLK...C...MR..KE..
zebrafish  ....S.G.....PGT...AN.....--...Y.E.I.QI....KH.E..FA..R.L.--GQFK...Y.....M.KD..
pacific oyster  ....S.G.....PET...HN.E.--D..N.Q.I.....MM..E..CM..R.LW.--GIFK-----
C. elegans  ...V.VSCG.....KD-.I.A..RSEFPD..D...M.DIR..R...A...NF.R.IF.--GQFV.S.S.R...E.ETS.

rotifer      KLLKHYTQNIDCLEELAGLDSSKTVQAHGHIKTGTCL--GCRKSYDFEFLKDKVIKN--EIPKCIE--CSETIKPDVVLF
human body louse  L..R.....G..K...IP.E.V.E...TFY.SH.--S.K.K.SL.WM.N.IFTE--KV.L.ED--KGVV...I.F.
human       L..RC.....T..RI...EQEDL.E...TFY.SH.VSAS..HE.PLSWM.E.IFSE--VT...ED--QSLV...I.F.
mouse      L..RC.....T..RV...EPQDL.E...TFY.SH.VNTS...E.TMGWM.E.IFSE--AT.R.EQ--QSVV...I.F.
chicken    L..RC.....T..RV...QPEEL.E...TFQ.AH..RSS..HQ..LSWV.E.IFSS--LV...DK--QSVV...I.F.
zebrafish  L.RRC.S...T..RV...EGEDLIE...TFH.SH.VSFL...E.SMDWM.NQIFSE--...DS--GSLV...I.F.
pacific oyster  -----T..SV...EEE.L.E...SFRL.H.--E.NAE.TQDWM.ERILGKDMR...ERDG.EG....I.F.
C. elegans  R..RN.....T..HQT.I--KRV.EC..SF--SK.TCTR.GQK..GNEIREE.LA--MRVAH.KR--EGV...NI.F.

rotifer      GENLSKDFWN-FPSDFSRCCLLIIMGTSLVVQPFAGLAGQVNQNCPRALIN
human body louse  ...PNR.FSLSEE..PKAD.....S..A.....S.VDR..S...L.L.
human       ..S.PAR.FSCMQ...LKVD..LV.....Q.....S.ISKAPLST..L...
mouse      ...PSR.FSCMQ...KVD.....Q.....S.ISKAPLAT..L...
chicken    ...PSR.FSLQ...QKVD.....Q.....S.VSR.PAST..L...
zebrafish  ..S.PSR.FTSMKA..PQ.D.....Q.....S.VSR.SNR...L...
pacific oyster  ..S.PNR.VQCVSK..KS.D.....T.....S.TSK.SEET..LY...
C. elegans  ..D.GRE.HQHVTE.KHKVD.IVVI.S..K.R.V.LIPHC.DK.V.QI...
```

(a)

```
ATATTATATATATATATAAAATTCATTGAATAAAAGCTTAGTTCGAAAAAATTGATTATATAAAATTATAATTATTTATAATAGAATATATAGATTTCT 100
ATCAGAGATAGTTAAAAATCAATGAATAATTCGATAAATTGGATTACATTATATTTTAGAAGAAAAATGTTTCGCAACCAATGCGACTCCAAATTTTTCG 200
GGAGCTCATGTTGGTACCAAGACTGATGACGAATTTTACAGTGTAGATGTAGCACCTGATTGAGTATTTAGGGTTCTAAAGCGATATCAGAATCTTAAAT 300
CGATTGGATCTGGTGCACAAGGATTCGTTTGCTCAGCATTGTGACTATACTTCAGCAGAACGTTGCCATTAAGAGCTCAGCAGACCATTTCAAAATGC 400
AACACACGCCAAAAGAGCTTATCGAGAGTTTTGTATCATGAATCTTGTTTCATCATAAAATATTATAAGTCTTTTAAATGCTTTTACACCTCAGAAAACT 500
GTAGATGAGTTCACTGACGTCTATTTGGTTATGGAATTAATGGATGCCAACTTATGCCAAGTTATTCAAATGGAGTTAGATCACGAACGCATTTTCATATT 600
TATTATACCAATGCTTTGTGGTATAAAACATTTGCATTCTGCAGGAATTATTCACAGGGATTTAAAGCCAGCAACATAGTGGTGAATCAGATTGTAC 700
GCTAAAAATTTTGGACTTTGGACTAGCTCGAACGGCAAATTTCTAATTTTCCATGACTCCATATGTTGTCACCAGATATTATCGATCTCCGGAGATCATT 800
CTTGAATGGCCTATTCTGACAATGCTGATATTTGGTCAGTTGGATGTATTTTGGTGAAATGTTACGAGGAGCAGTAGTTTTTCAAGGATCAGATCAAA 900
TCGACCAATGGAATAAAATAATTGAACAATTGGGTACACCATCAAATGATTTTCATGGAGCGTCTGAGTACATCAGTTCGAAATTATATTGCTAATCGTCC 1000
AAGATTTCTGGCTTTGAATTTGAAAGACTTTTCCAGATATTTTATTTCCAGCCGATTGTCGACAGAGTCAATTGACAGCTGCCTCTGCTAGAGATTTA 1100
TTAAGCCGAATGCTAGTAATAGATCCATTAATAGAATTTCTGTTCAACAAGCACTTAATCATCCATACATAAAAGTTTGGTATGATGATTCAGAAGTTA 1200
ATGCTCCAGCACCAGGTTTATGATCATTGAGTAGATGAGCAAGAACACACCATTTGAACAATGGAACAACATAATTTTAAATGAAGTTACAAGATATGA 1300
ACAGTTGTTTCAACAGCAGTATTAGATGCGTCTCAAATCATAAGCCCTAGTAAATATGCAATATATAAATGAATATAATCAAAAAAATTGCAATGTTT 1399
```

(b)

```
IGFTLYFRRKMFATNATPNFSGAHVGTKDDEFYSVDVAPDSVFRVLKRYQNLKLSIGSGAQGFVCSAFDITLQQNVAIKKLSRPFQNAHAKRAYREFCI 100
MNLVHHKNIISLNAFTPKQKTVDEFTDVYLVMEMLMDANLCQVIQMELDHERISYLLYQMLCGIKHLHSAGIIHRDLKPSNIVVKS DCTLKILDFGLARTA 200
Pkinase (Protein kinase domain)
NSNFSMTPYVVTRYRSP EII LGMAYSDNADIWSVGCIFGEMLRGAVVFQGS DQIDQWNKII EQLGTPSNDFMERLSTSVRNYIANRPRFPGF EF EFERLFP 300
DILFPADCRQSQLTAASARDLLSRMLVIDPLN R ISVQQALNHPYIKVWYDDSEVNAPAPKVYDHSVDEQEHTIEQWKQLIFNEVTRYEQLFQQQY 395
```

図 4-10. センチュウ *jnk-1* 遺伝子のアミノ酸配列（アセッション番号 Q8WQG9）と同一性を示したコンティグの塩基配列と演繹アミノ酸配列。(a) はコンティグの塩基配列を示す。配列の右側は塩基数を示す。青字は終止コドンの配列を示し、赤字は非翻訳領域またはミスアセンブルを含む配列を示す。(b) は演繹アミノ酸配列を示す。演繹アミノ酸配列の右側は残基数を示す。(c) は演繹アミノ酸配列と同一性を示したオオカバマダラ *Danaus plexippus* の c-Jun NH2-terminal kinase (EHJ68412) および主要な生物の c-Jun NH2-terminal kinase とのアミノ酸配列の比較を示す。ドットは同一のアミノ酸であることを示し、ハイフンは配列の隙間（ギャップ）の位置を示す。

(図 4-10 の続き)

(c)

| | |
|---------------------|--|
| rotifer | RVLKRYQNLK SIGSGAQGFVCSAFDTILQQNVAIKKLSRPFQ NATHAKRAYREFC IMNLVHHKNIISLLNAFTPQKTVD E |
| monarch butterfly | TI.....P.....I..A.Y..VT.....V.....KL.K..N....G.....SLE. |
| human | T.....P.....I..A.Y.A..ER.....Q.....LVL.KC.N....G...V....SLE. |
| mouse | T.....P.....I..A.Y.A..ER.....Q.....LVL.KC.N....G...V....SLE. |
| african clawed frog | T.....P.....I..A...AV.ERH.....Q.....LVL.KC.N....G...V....SLE. |
| zebrafish | T.....RP.....I....Y.HV.DR.....Q.....LVL.KC.N....G...V....LE. |
| <i>C. elegans</i> | V.....RL.....I.....VRNEQ.....V.....LKL.S..N....GI..C....KL.. |
| rotifer | FTDVYLVMEIMDANLCQVIQMELDHERISYLLYQMLCGIKHLHSAGIIHRDLKPSNIVVKS DCTLKILDFGLARTANSNF |
| monarch butterfly | .Q.....D.....M.....L.....GTT. |
| human | .Q...I.....M.....GTS. |
| mouse | .Q...I.....M.....GTS. |
| african clawed frog | .Q.L.I.....M.....GTS. |
| zebrafish | .Q.....L.....A.....ATGL |
| <i>C. elegans</i> | .N.L.I.....D.....L.....R.....IEA. |
| rotifer | SMTPLYVVTRYRSPEIILGMAYSDNADIWSVGCIFGEMLRGAVVFQGS DQIDQWNKIIIEQLGTPSNDFMERLSTSVRNYI |
| monarch butterfly | M.....A..V...G.TE.V.....M...I..G.L.P.T.H.....AA..S..QPT...V |
| human | M.....A..V...G.KE.V.L.....M...VCHKIL.P.R.Y....V.....CPE..KK.QPT..T.V |
| mouse | M.....A..V...G.KE.V.L.....M...VCHKIL.P.R.Y....V.....CPE..KK.QPT..T.V |
| african clawed frog | M.....A..V...G.KE.V.....L...IK.G.L.P.T.H....V.....CTE..KK.QPT..T.V |
| zebrafish | L.....A..V...G.QA.V.V..I...MA..V..S.L.P.T.H....V.....QE..MK.NQ...T.V |
| <i>C. elegans</i> | M.....A..V...G.KE.V.V..I.....LI..R.L.P.G.H....TR.....DRS.L...QPT...V |
| rotifer | ANRPRFPGFEFERLFDPDILFPADCRQ-SQLTAASARDLLSRMLVIDPLNRISVQQALNHPYIKVWYDDSEVNAPAP |
| monarch butterfly | E....YT.YS.....S.SNEHNR.K.SQ.....ER....DE..L...N....EG..... |
| human | E...KYA.YS..K...V....S-EH NK.K.SQ.....K....ASK....DE..Q...N...P..AE..P. |
| mouse | E...KYA.YS..K...V....S-EH NK.K.SQ.....K....ASK....DE..Q...N...P..AE..P. |
| african clawed frog | E...KYA.YS..K...V....S-EH NK.K.SQ.....K....ASK....DD..Q...N...PL.AE..P. |
| zebrafish | E....YA.YS..K...V....S-DH NK.K.SQ.....K....ASK....DE..Q...N...P...E..P. |
| <i>C. elegans</i> | E....YQATP..V..S.NM..MTA-DS.R..G.Q.....ER....DD..R...VN..F.EI...Y..P. |

(a)

```
GAACTTAATAGATTTAGAACATCACATTGATAAACACAAAGAGACACATACTCAAATAAAAGAATGCCATTGTCAAGTCCAACTTCGAGTACACAACA 100
ACCAATATACCGGCTTTTTTGAGCAAATGTGGACACTTGTGAAGACTCAAAATATGACGAATTGATTGCTTGGGATTTCGAGTGGCTTCAGCTTTCATG 200
TCTATGACCAGACTCGGTTTGCTAGAGAGATTTTGCCACGGTTTTTCAAGCACAACAACATGGCAAGCTTCATTTCGTTCAGTTAAATATGTACGGTTTTTCG 300
CAAAGTAAATAGCATCGATCATGGCAGCTTAAAGAATGAAAAGAAGACATGGAGTTTCATCATCCCTATTTTATTCGCGGCAAAGAGCAATTTTGGAA 400
TTCATCAAACGCAAAGTTCCTGATATTAAAGTAAATGCCAACCAGTCGGCTAATTCGAATGGGTCCACAAATCAGCAAGCTTTGTCTATCCAATACTCGC 500
AGATTAAGCCTGATGAGCTTAATAAGGTCTTGGATGATGTAATGTAATTAAGAGCAAACAGAAATGGTTGACGATTCAGTGTAGTGTAAAAA 597
```

(b)

```
NLIDLEHHIDKPRDYSNKRMLSSPNFEYTTTNPAPFLSKLWTLVEDSKYDELIADSSSGFSFHVYDQTRFAREILPRFFKHNNMASFIRQLNMYGFR 100
HSE_DNA-bind (HSE-type DNA-binding)
KVNSIDHGSLKNEKEDMEFHHPYFIRGKEQFLEFIKRKVPDIKVNANQSANSNGSTNQALSQISQIKPDELNKVLDDVNVISKQKMVDDSLFSVK 198
```

(c)

| | |
|---------------------|--|
| rotifer | PAFLSKLWTLVEDSKYDELIADSSSGFSFHVYDQTRFAREILPRFFKHNNMASFIRQLNMYGFRKVNSIDHGSL---KNE |
| human | ...T.....S.PDT.A..C.SP..N...F..GQ..K.V..KY.....V.....VH.EQ.G.VKPE-- |
| mouse | ...T.....S.PDT.A..C.SP..N...F..GQ..K.V..KY.....V.....VH.EQ.G.VKPE-- |
| chicken | S...T.....PET.P..C.SP..N...F..GQ..K.V..KY.....V.....VH.EQ.G.VKPE-- |
| african clawed frog | ...A.....PDT.P..C.SPE.N...F..GQ..K.V..KY.....V.....VH.EQ.G.VKPE-- |
| zebrafish | ...T.....PDT.P..C.SPN.T...F..G..SK.V..KY.....V.....VH.EQ.G.VKPE-- |
| Vase tunicate | .T..L..IN.LQEPD.K.YVS.NED.TA.T.H..GN..KHV..VY...KF...V.....STVM..GIASLH-- |
| fruit fly | ...A...R..D.ADTNR..C.TKD.Q..VIQN.AQ..K.L..LNY.....H.IT...N.G.-RFD-- |
| C. elegans | .V..I...NI...PNLQSIHV..D..A...IS.PYL.G.NV..H.....N.MV.....MTPLSQ.G.TRTESD |
| fission yeast | TQ.SN..YNM.N..ST.S..R.SDR.D..L.IGHED..KLV...Y....FS..V.....H..PH.QQ.V.-QSDSP |
| rotifer | KEDMEFHHPYFIRGKEQFLEFIKRKV |
| human | RD.T..Q..C.L..Q..L..N.... |
| mouse | RD.T..Q..C.L..Q..L..N.... |
| chicken | .D.T..Q.....Q.HL..N.... |
| african clawed frog | RD.T..Q.....Q..L..N.... |
| zebrafish | .D.T..Q.....Q..L..N.... |
| Vase tunicate | DTAIQ...L...E.SL.PY.... |
| fruit fly | RDEI..S..F.K.NSPFL.DQ....I |
| C. elegans | QDHL..S..C.VQ.RPEL.SQ....- |
| fission yeast | N.LL..AN.N.Q.DQPEL.CLVT..K |

図 4-11. センチュウ *hsf-1* 遺伝子のアミノ酸配列 (アセション番号 G5EFT5) と同一性を示したコンティグの塩基配列と演繹アミノ酸配列. (a) はコンティグの塩基配列を示す. 配列の右側は塩基数を示す. (b) は演繹アミノ酸配列を示す. 演繹アミノ酸配列の右側は残基数を示す. (c) は演繹アミノ酸配列と同一性を示したアフリカツメガエル *Xenopus laevis* の heat shock factor protein (NP001084036) および主要な生物の heat shock factor protein とのアミノ酸配列の比較を示す. ドットは同一のアミノ酸であることを示し, ハイフンは配列の隙間 (ギャップ) の位置を示す.

(a)

```
GATGAAGAAAAAATTTGTCTTGGACTTGTACTCAAATGTTTATCATTGAACCACAGTGATGGCGATAATTTGCAAAATCCAATGTTTCAATTCAATAGT 100
GAGATCTTTTCGGTCTCAGGCCGAAATTCAGCTTCTCGAAATGCAAGCTTTGAGCAAAAGAACACATTGAATCATTAGTAAATTTCTTAATGAACATCA 200
TTGACCGGGTCACTATATTATCTTAAAGTTGCATGCAAACTCTTATTTTCATGTTTTCTTAACTAAAGTCTTCAGATGAAAAAATATATCGTCCAGTCTCAG 300
GATAATAAACTACTGGTCAAGTATGCTATTGAACTAAAAGATGACTTGAAGACAGGTCTGGACGAAATCCAAGTGAGCCGTGGAAGAATATAATACCA 400
CAGCTTTTTTCCAGGCTAAATCATCCGGAGATGTATGTGAGAGAATCAGTTAGTCAATTGCTATGCAGAATTGCCAAGGATTTTCTCATTTGATTATAT 500
ACCTGCTGTTGTTGGCTCTCAAGATGGACCTACTCGAATTGAACTGTTCACACAGCCAAAAATGACACAGTCTTTTTGATAATTTACCAAGATCGCA 600
ACAAGATGATTTGAAAACTGATTCCAAGAACGAAATGGAAAACTACAGTGATTTGAGTGATGAAGAAAACTCAGCTGAACTGAGTGATGAAC TAGAACAA 700
GCCGTAGAAGACGAGGAGGAAAAACGAGACTAGCACATATGACGACTATATTCAAGAGGAGTCAAAATCCGAGTTAAAAAACACATACAAATATCTTCTAA 800
ATACATTGAATGACTCAAATCGAATATGATTGATCAGGTGAAATTATTTGTTACGAAATGAGGCGTATTACACTTCTACGAGAAGAACTATGTTACGG 900
AACTCTGAATCAAATTAATTTCTGACTTTAACAACAGAGTCGAACAGTTGAATTTAGAAATACAAAAACAAATCCAATCCTCATTTAGCTGAAGATGAA 1000
AAGCCCCAAATTTCAAGAAAAAGTATCAAATATGCTTCAGCCGATTGTCCTAATCCTTGAACATGTGCAAGAAATCACACCAATTTGCCTCCTGAAA 1100
CTCCCAATGAAGAAACATTTTCAGCTAGAATTCGACGAAAAAATTAAGAAGTAATCAATCAGCTAAAAGACACAGAAAAATTTCAACAAACCATCAAATTC 1200
TTTGACTCTATTCAAACAATTACACAACACATTTTCATCATAGAAGCCAGCGTCGGCAGTCTACATCGCTTCAAATGGATCAAATTAAGCCCCAAATTTATAC 1300
CAACTCAAATCAACTAGCATTTCAATCCCGGGCAAGATGGATGTTCAATTTTTATTTACTCAATAGCAAAATGCTGTTCAAGTTCTACCGACAAAAACCA 1400
AGCCAAAAAGCTTTATTTTATCGGCTCAAATGGAAGACGCTATCCGCTACTTATTCAAAGGACTAGAGGACTTACACTTGGACGAAAGAACTCATGCAACT 1500
GCTCAACATCATAAATTTCAATGTTTTCAAAGCTTAACAAAAACAGAAACGGTACAATTTACGCAATTTGAACATTTAGCTTACGCCACTCGGTCCTCGGTCA 1600
GGTCTGATCTCGTGGGTCGAGGCGCTACGCCTTTGTTAATCTGTACAAAAAGTGGCAGCACAGAGAAGCAGTTTACTTGGCTAGCAAGCTCAAATTC 1700
AAACATCTCAACATGTACAGCTGATGAGACCAATGACATATTTTATGCGCAATTTGAACCCATTGCTAAAAGAAAAATGGAATTAATAATTTCCAAGAAAA 1800
TCGATCCGAGTGTCTGTGTTCAATTTTGCACAAAGTGTCTGAAGATTTAATAAAAGAAACGCCATGTGACTTGTGAGCAAAAGAAATTTGGTGCAACTCG 1900
ACCACACCGGCAAAATTTGGTGGACAAGTGTCAAACGTTTTGTGATCCACATCCGTCATGTCTATGATCGGCTATGTGATTGGACTTGGTGACAGACATC 2000
TTGACAAATGTGTTGATTAACTGCGAACAGGACAAGTAGTGACATAGACTACAATGTTTGTGTTTGAAGAGGCCACAATTTGCGAGTACCAGAAAAAGT 2100
TCCATTTTCGATTGACTCAAATATTCGCCATGCCTTTGGTCTGACCGGCTATGAAGGCCTGTTTAGACTATCCAGTGAACAAGTTCTCAACATACTCAGA 2200
CAAAAAAGAGAAACGCTGTTGACTTTGCTAGAGGCTTTTGTTCACGATCCGTTGCTTGATTGGACTGGACACGATACAGGCATAATTTGCTTCATTCTATG 2300
GCGGTGGCAATGCCAACTTAAGACAGAAAAATGGCGAAAAACAAGAGGAAACAAGAAAAAATTTGGAAAAAACAACAACTTAGAGCTGTTTGAAATACG 2400
TTTGATTGAAAAATAGGGTTTTAATGGAGCAAAATGAGCATCAACTGAAAAATTTAATCAGTCAAATTTAGATAAAATAAAATGTTTGTCCGACTTGGCA 2500
AAGCGAAAAGGCCCTTAATGACAATTTGATTTCGGCTCAATGAACAGGCTAAAATTTATCTAGACGAAAGCTTGACTTTACATGAGACAACAAGAAATAAGG 2600
CTAATCATCCGGTGTATACCCTGCACGACAGATACGCACCTTTACGAAACTTATAACACCAATTTGGACATGGTCAAGTCAAATGTTCAAACGAACTGTC 2700
CAAATTACAGAAATTTAAAGAGCAACATTTGAAAGCATTGGAATATTTTAAGATTGAAAACATTGAATTCGAACCAATCGAGTTGACTAGGCCTCATGAG 2800
CTGGTCAGAGATTTTTTAGCATCGATCGGACAGTCCACTTTGTTAGAGTTAAACGAAAAAATTTTGAAGACATAGCTAAACAAGAAAAACAATTAAGC 2900
TGTCATTGTCTCTTTGTGTCAAAAACAAACAATTAGCCAAAAATTTTGGAAATTTTTCATTGATTTTGTGCTCAATCAAAGCAAGCAGTGCAAAAT 3000
TGTCGATGGCTCAACGAACTCAAAGTTCGTTGACTTGGGACAAATTTGACAAAAATAAAAAAGAATTAGAAATGGAATTTAGAGAAAAATTTTGGAGCAT 3100
CAACAACATAATCGAAAGCTAAATGAGCTTAGATTAAGTCTTAGTTTCAAGTTGAAGATCGCCTGCACAATTTGGAAGCACGCAAGGCCAACCTTTTGCAAT 3200
CAAAAAACAACGAATATCAGCAATATATTTGTTTATTGGCGAAAAATTTGAACGAGTTCACTGACAACCAACTATTTGAAAGCTTCAATTTGTTGTCTGCT 3300
TCAATTTTGTGGTGAATTTTACAAAAATGGATGGCCATGGAACAGCTGCTGTTGACGCCAAAGAAAACTTGATCAATGTTACATCAATGGACGCGCAT 3400
TGGTATTTGAAGAAATGCTTACTCTGGTACAAAAATTTGTGCTCACTTGGCCGATCTTGTCTCAATGTGTACAAATATTTTGACAAGTTTTCACCAATGA 3500
TAGAAGCGAGGTAATTTCAAGAAAAAGCGTCGACATTTTACAGTCTTTTGGAAAGCTTTTTTCAACATTTGAACAATTTGATCATCGATTTTGACTGTGTT 3600
TTGTTCTCCAAATTTGCTCAAATGAGCTTTAGTGATCAACAAGAACTTGATTTTTTAACTAGCCAAATTTGAATCAATGCATTTGGAAGAATTTTTTGAAA 3700
TAATTACAATTTCAAATGCAATGATTTAACAATACGGAATATGCACAAAAAATTTGCTGAAATAAGTCAAATACGGAATTTATTGACAACAAAAA 3800
CGCCAAGTCAAGCTCACAAATTTTGTGTTGAATTTGAAAAATATTTCTAAAGTTGACACCGAGTTTGACAAGACAATAAAATTTTGTAATAATTTCTAT 3900
TCATTTCAAGATCCAGAGTCTATGGATCAAAGTTGGTTTATATACACACCTAATTTAGTGATTTTGATGGACCCAGCCAAATTTATGTTTATGAAAAAT 4000
TTGTTTTGGTCAAAAAATTTCACTCTATACAATTATGCATCCAAATTTGTGCTCAATTT 4059
```

図 4-12. センチュウ *smg-1* 遺伝子のアミノ酸配列（アセッション番号 O01510）と同一性を示したコンティグの塩基配列と演繹アミノ酸配列。（a）はコンティグの塩基配列を示す。配列の右側は塩基数を示す。青字は終止コドンの配列を示し、赤字は非翻訳領域またはミスアセンブルを含む配列を示す。（b）は演繹アミノ酸配列を示す。演繹アミノ酸配列の右側は残基数を示す。（c）は演繹アミノ酸配列と同一性を示したマガキ *Crassostrea gigas* の Serine/threonine-protein kinase SMG1（EKC30990）および主要な生物の Serine/threonine-protein kinase SMG1 とのアミノ酸配列の比較を示す。ドットは同一のアミノ酸であることを示し、ハイフンは配列の隙間（ギャップ）の位置を示す。

(図 4-12 の続き)

(b)

| | |
|--|------|
| MKKKFVLDLYSNCLSLNHSDGDNLQNPMFQFNSEIFRSQAEIQLLNCKALSKEHIESLVNFLMNIIDRVIYYLKVACKSYFMFLKLKSSDEKNISSLR | 100 |
| IIKLLVKYAIELKDDLKTGLDETPSEPWNIIIPQLFSRLNHPEMYVRESVSQLLCRIAKDFPHLIIPAVVGSQDGPTRIEVHTAKNDNSLFDNLPRSQ | 200 |
| QDDLKIDSKNEMENYSDLSDSEENSAELSDELEQAVEDEEENETSTYDDYIQEESKSELKNTYKYLLNTLNDNRTMIDQVKLFVHEMRITLLREELWYG | 300 |
| TLNQINSDFNKRVEQLNLEITKTNSNPHLAEDEKPKILRKKYQILLQPIVLILEHVQEITTNLPPEPNEETFQLEFDEKIKEVINQLKDTENFNKPSNS | 400 |
| LTLFKQLHNTFHHRSQRRQSTSLQMDQISPPLYQLKSTSIPIPGKDGCSIFIYSIANAVQVLPTKTKPKKLYFIGSNGRRYPYLFKGLEDLHLDERIMQL | 500 |
| | |
| LNIINSMFSKLNKTETVQFHALNYSVTPLGPRGLISWVEGATPLFNLYKKWQHREAVYLASKAQNTSQHVQLMRPNDIFYAKLNPLLKENGIKNFQEN | 600 |
| PI3_P14_kinase (Phosphatidylinositol 3- and 4-kinase) | |
| RSECPVFILRKVLEDLIKETPCDLLSKEIWCNSTTPANWWTSVQTFCSRSTSVMSMIGYVIGLGRHLDNVLINLRTGQVVHIDYNVCFEKGHNLRVPEKV | 700 |
| | |
| PFRLTQNIRHAFGLTGYEGLFRLSSEQVLNLRQKRETLTLLEAFVYDPLLDWTGHDGTGIASFYGGGNAKLKTENGKNKETRKNLEKKQTLLEFQEN | 800 |
| | |
| LIENRVLMQNEHQNLKISQNLKIKCLSDLAKRKLNDNLIRLNEQAKIYLDSESLTHETTRNKANHPVYTLHDRYALYETNTNLDMVKSNVQNELS | 900 |
| KLQNLKEQHLKAFYFKIENIEFEPIELTRPHELVRDFLASIGQSTLLELNEKIFEDIAQENKLLKSIVSLSKTKQQLAKILEFFSFDFLLNQSKQCKF | 1000 |
| VRWLNELKSSLTWDFDKIKKELEMEFRENFEHQTTNRKLNELRLSLSSVEDRLHNLARKANLLQSKTNEYQQIYLFIGENLNEFTDNQLFESFNCCLL | 1100 |
| QFFGENLQKWMAMETAAVDAKENLINVTSMGDWYLKKCLLWYKIVLTWPILSQMCTNILTSSFHQMIQAR | 1170 |

(c)

| | |
|-------------------|--|
| rotifer | VLPKTKPKKLYFIGSNGRRYPYLFKGLEDLHLDERIMQLLNIINSMFSKLNKTETVQ---FHALNYSVTPLGPRSGGLIS |
| pacific oyster | I.....ILL..D.K.....F.G.V.N..VND.RQ.QQL---.R.RH.....Q |
| human | I.....L.L..D.KS.....F.S.V.T..ATI.RQ..PR---.RH.....T.....Q |
| mouse | I.....L.L..D.KS.....F.S.V.T..ATI.RQ..PR---.RH.....T.....Q |
| mallard | I.....L.L..D.KN.....F.S.V.T..ATI.RQ..PR---.RH.....T.....Q |
| zebrafish | I.....L..D..N.....F.S.V.T..T.V.QQ.SPR---.Q.RH.....T.....Q |
| fruit fly |VA.Y....Q..TF...M.....F.S.S.AIMAC--RSDAPGNGCYR.HH...I....Q.... |
| <i>C. elegans</i> | I.....R....G.V..D.KQVAF....R.....V..F.RLC.V.LQPGKGKHRQSVAAYQ.HH.A.I.....K |
| | |
| rotifer | WVEGATPLFNLYKKWQHREAVY-LASKAQN---QTSQHVQLM-RPNDIFYAKLNPLLKENGII-KNFQENRSECPVFILR |
| pacific oyster | ..D.....S...R..Q.D.LA-QSI.N.STSSASSTNQATTIL..SE...NQ.T.A.R.K.--TNL...K.W.LSV.. |
| human | ..D.....G...R..Q...AL-Q.Q...D--SY..P.NPGIVP..SELY.S.IG.A..TV.L--SLDVS.RDW.LHVMK |
| mouse | ..D.....G...R..Q...AL-Q.Q...D--SY..P.NPSIVP..SELY.S.IG.A..TV.L--SLDVS.RDW.LHVMK |
| mallard | ..D.....G...R..Q...AL-Q.Q...D--SY..P.NPGIVP..SELY.S.IG.A..AV.L--SLDVS.RDW.LNVM. |
| zebrafish | ..D.....G...R..Q...V-Q.Q...D--SF.QP.NLPMVP..SELY.S.IS.A..AV.L--SLDVS.RDW.LSVM. |
| fruit fly | ..D.V..V.A.....Q.-----RS.VAGNAGAGAVANVPR.FT.L..N..S...AKHNM--QVSDP.RQW.ISV.L |
| <i>C. elegans</i> |M.HI.R...MK.KALKQ.T.-----KNGET.PEIE..SNMYHNMIRLAFADHK.DSSITSD..KW.AE..E |
| | |
| rotifer | KVLEDLIKETPCDLLSKEIWCNSTTPANWWTSVQTFCSRSTSVMSMIGYVIGLGRHLDNVLINLRTGQVVHIDYNVCFEK |
| pacific oyster | S..Q...A...G...AR.L..S..GSNE..QIT.SYA...A.....I.....VD.A..E..... |
| human | A...E.MEA..PN..A..L.SSC...DE..RVT.SYA...A...V..I.....DMT..E..... |
| mouse | A...E.MEA..PN..A..L.SSC...DE..RVT.SYA...A...V..I.....DMT..E..... |
| mallard | A...E.MEA..PN..A..L.SSC...DE..RVT.SYA...A...V..I.....DMT..E..... |
| zebrafish | D..RE.MEA..PN..A..L..SC...SE..SVT..YA...A...V..I.....DMT..E..... |
| fruit fly | Q..DE.SQ...N...AR.L..QAGNA.E.RQ..RR.V.CM.....GS.DI..... |
| <i>C. elegans</i> | E.F.S.TAK..T..I.R.L.MRANDATT..SVTKRYS..LA...V.S.L.....L.VD.KW.H.....I..D. |
| | |
| rotifer | GHNLRVPEKVPFRLTQNIRHAFGLTGYEGLFRLSSEQVLNLRQKRETLTLLEAFVYDPLLDWT |
| pacific oyster | .KG.....ET.L.V..I..T..I.C.H.MKTM.KG.....V... |
| human | .KS.....M...ET.L.V..V..V...C...H.M.RG.....V... |
| mouse | .KS.....M...ET.L.V..V..V...C...H.M.RG.....V... |
| mallard | .KS.....M.H..ET.L.V..V..V...C...H.M.RG.....V... |
| zebrafish | .KS.....M.H..ET.L.V..V..I...C...VQ.M.RG.....V... |
| fruit fly | .RT..I.....LVQ.M.I..I..P...GC.Y..KVM.KE.....V... |
| <i>C. elegans</i> | .K...I..T.....R.M...L.PSEMY.T..E.CVH..ST..SGHQV.TM..D...F...V... |

(a)

```
AATTTGATCAAACCAGAAGATGTGGTATCTAAAAGTGCAAAAAATCTTTCAGAGAGCACTCTAACAATAAAATGTGGCTTTATCTTGAAATGAAAAATG 100
ATATTGAAGAACAGGAAACAAATAGTGATTTAACACCTGATTTTATGAAGCATTAAATGAAAAATAACATGATATAGACAAGTGGTTTGAATTTATTGA 200
GTATCAGAATAAAGCAATTAATTTAAACTTTTGTGGTCAAGTTAAAAATTTGTGCAAAATGTTATTCGAAAGGAAAAAAGCAATTTTGTAGCGAGCAATA 300
AGTGAATAATCCCCAAAATTTTCGTCTAAGAATCGAATATTTAAATTAAGAGCGAATGCTATTGAAATGATGACCCAGTATAATTCAACTGATTTCAAAT 400
TGGAAAAATTTGTTACTGAAAATCTTCAAGAACAATTAACATGTTTCAGCTATATCAACAACAGCATCAACAGATTCAAATGGGCATCAAATGCCAATCA 500
AAATCTACCAGCTTTTTTCCAATTTTTTAATTCAAGAGACATTAGCAAGAAAAAAGTGAATTGCATATTCAAATGGCCAAGTGTATCTAAACTAGGT 600
AATTGGAATATGAAGTAGATGGTTTCACTGAACAAACAATTCGGATATTATTTCTTACTATAAAGTGGCGAAGGAATATAATCAAACTCATACAAAG 700
CTTGGCAAGCATGGGCTTATGCTAACTATGAGGCGCTTCAGTTTTATAAATCAAATGGTACAATTAATGAGGAGCAAAAAATGCATTTTGTAAACGGGC 800
AATTAAAGGATTTCTCAAGTGTATTAGTTTATGTTTCAATATTGATAATTACGAAACCAATTTCTTTACAGATACACTTCGTTTTATTGACTTTTATGGTTC 900
GATTATTGTAATCACAGACATTTATGAAGTATTGGAGGAAGGCATTAAGGATACGCCCAAAGAAATATGGCTTCAAGTTATACCTCAACTAATTGCCA 1000
GAATTGACACTACTAAACAATATGTTGCCAAGTTGATCCATAAAATGCTGATTGATTTTCGGAAGAGTTTCATCCTCAAGCATTAGTTTATAGACTTATTTT 1100
GGCTTCGAAATGTAACACTAAATTGAATAGCTACAATAGCAGCTATACGGACACGAATAATTCGACAAAAAATGTAGCATCAAATATTTTACAGTCGCTA 1200
AAAGAGCACAATAATAGATTGGTTGAACAGGCTAAGCTTGAAGCGAAGAGTTAATACGAATGGCCATTTTATGGCATGAAATGTGGTATGAAAGCTTAG 1300
AAGAGGCTTCAAACTGCATTATAATGAAAAAATACTCAAGGAATGTTGGATATATTGGGCGCATTCACACCAATGATGAAAAAAGGTGCAACTACTAG 1400
TAAAGAACTGCTTTTCTGCAAACTTATGGCCGAGATCTAATTGAAGCAAAAAATCATTGTGATCGGTACAGAAATTTACGAAAAATCAAGTGACATTGAC 1500
CAGGCTTGGGATAGATACTATGCTGTTTTTAAACGAATAACTAAGCAATGAATCAAATGACAAGTTTAGAATTGAGCTATGTTTCACCAAAGTTAATGA 1600
CCAGCAGAGATTTAGAGCTAGCTGTGCCAGGAACATATGAGCCAAATAAGCCAATAATTGCAATTAAAGCATTCAATGCAAAATATTCAGGTAATTACGTC 1700
CAAGCAAAAGACCAAGAAAAATTAGCATGTTTGGATCAAAATGGCTGTGAATACGTATTTTTGTTAAAAGGACATGAGGATTTGCGTCAAGATGAAAGAGTA 1800
ATGCAAAATATTTGGCCTAGTGAATAATTTACTTCTTAAAAATAATGAAACCGCCCGACGCGATCTAGCTATTCAACGATATAGTGCATACCTTTGTCAC 1900
AAAATAGTGGCCTTTTAGAATGGTTGCTGAATTGCGATACATTACACTCTCTAATTAGAGAATATCGTGAAAAAAGAAAAATTTTATTAAATCTTGAACA 2000
CAAAATAATAATGAAATATGCTCCTGATTATGAACATTTGACACCAATTCAAAAAGTTCAAATTTTCGAAATGGCCATTGAAATGACTTGGGGCAATGAT 2100
TTGGCTGAGATATTATGGCATAAAAGCTTAACAGCTGAAAAGTGGCTCGAAAGACGAACCAATTTTACTAGGTCACCTTGCAGTAATGAGCATGGTTGGCT 2200
ATGTTCTAGGACTAGGGGATCGACATCCTTCCAATTTGATGCTTGACCGAACAAATGGCAAAAATAATACATATTGATTTTGGAGATTGCTTTGAAACAGC 2300
AATGACAAGAGAAAAAGTTCCAGAAAAGATTCCATTCAGATTGACTCGTATGCTAAAAAATGCCATGGAAGTTACTGGCATAGAAGGTACTTTTAGACGA 2400
ACTTGTGAAAGTGAATGAAAGTATTGAGAAATAACCGCGATAGTTTGTATGGCGGTTTTAGAAGCTTTTGTATTATGATCCTCTTGTATTATGGCGTCTAG 2500
TTGAAGCAACTAATAATCAAATTGGACAAATAACACCAACGTCTAATTTAAATGAGTTAGGAATGATGAAGCCTATTAAATAAACAGAAAGTTGAAGAAAC 2600
AAACAGAAAAGCAATAATGGTTTTAAACAGGGTAAAGACAAATTGACAGGAAAAGATTTCGAAGATACCGATTTCGACCGATGAAGTTAATCAGGTTGAT 2700
TTGTTAATAAAGCAAGCGA 2719
```

図 4-13. センチュウ *let-363* 遺伝子のアミノ酸配列（アセッション番号 Q95Q95）と同一性を示したコンティグの塩基配列と演繹アミノ酸配列。（a）はコンティグの塩基配列を示す。配列の右側は塩基数を示す。（b）は演繹アミノ酸配列を示す。演繹アミノ酸配列の右側は残基数を示す。（c）は演繹アミノ酸配列と同一性を示したドイツゴキブリ *Blattella germanica* の target of rapamycin（ACH47049）および主要な生物の target of rapamycin とのアミノ酸配列の比較を示す。ドットは同一のアミノ酸であることを示し、ハイフンは配列の隙間（ギャップ）の位置を示す。

(図 4-13 の続き)

(b)

| | |
|--|-----|
| NLIKPEDVVSKSAKNLSESTLTNKMWLYLEMKNIDIEEQETNSDLTPDFMKHLNENKHDIDKWFEFIEYQNKAINLKLCGQVKNLKMLFERKKAI FERA I | 100 |
| NRDE-2 (NRDE-2, necessary for RNA interference) | |
| SENPNQFRLRIEY LKL RANA IEMMTQYNSTDFKLEKFVTENLQEQ LNMFLYQQQHQQIQMASNANQNLPAFFQFFNSRDISKKKSELHIQLAKCYLKL G | 200 |
| FAT (FAT domain) | |
| NWKYELDGFTEQTIPDIISYYKVAKEYNQNSYKAWQAWAYANYEALQFYKSNGTINEEQKNAFVKRAIKGFLKCISLCSNIDNYETNSLQDTRLRLTLWF | 300 |
| DYCKSQDIYEVLEEGIKDTPKEIWLQVIPQLIARIDTTKQYVAKLIHKLLIDFGRVHPQALVYRLILASKCNTKLNSYSSYTDTNNSTKNVASNILQSL | 400 |
| KEHNNRLVEQAKLVSEELIRMAILWHEMWYESLEEASKLHYNEKNTQGMLDILGALHTMMEKGATTSKETAF LQTYGRDLIEAKNHCDRYRISRKSSDID | 500 |
| Rapamycin_bind (Rapamycin binding domain) | |
| QAWDRYYAVFKRITKQMNQMTSLELSYVSPKLMTSRDLELAVPGTYEPNKPIIRIKAFNANIQVITSKQRPRKISMFGSNGCEYVFLLKGHEDLRQDERV | 600 |
| MQIFGLVNNLLKNNETARRDLAIQRYSVIPLSQNSGLEWLLNCDTLHSLIREYREKKKISLNLEHKIIMKYAPDYEHLTPIQKVQIFEMAIEMTWGND | 700 |
| PI3_PI4_kinase (Phosphatidylinositol 3- and 4-kinase) | |
| LAEILWHKSLTAEKWLERRTNFTRSLAVMSMGYVLGLGDRHPSNLMLDRTNGKIIHIDFGDCFETAMTREKFPEKIPFRLTRMLKNAMEVTGIEGTFRR | 800 |
| TCESVMKVLRRNRDSLMAVLEAFVYDPLVYWRLEATNNQIGQITPTSNLNLGMMKPINKTEVEETNRKAIMVLNRVKDKLTGKDFEDTDSTDEVNQVD | 900 |
| LLIKQA | 906 |

(図 4-13 の続き)

(c)

| | |
|-------------------|---|
| rotifer | DQAWDRYYAVFKRITKQMNQMTSLELSYVSPKLMTSRDLELAVPGTYEPNKPIIRIKAFNANIQVITSKQRPKRISMFGS |
| german cockroach | N...L..H..R..SR..LP..L.....Q.....LMC.....S..T..GQ..VV..AQIQSSL.....LCIK.. |
| human | T...L..H..R..S..LP..L.....Q.....LMC.....D..Q.....QSIAPSL.....LTLM.. |
| mouse | T...L..H..R..S..LP..L.....Q.....LMC.....D..Q.....QSIAPSL.....LTLM.. |
| zebrafish | T...L..H..R..S..LP..L.....Q.....LMC.....D..QS...QSIAPSL.....LTIM.. |
| fruit fly | .R...I..H..QK.SR..LP..L.....P.....CK.....S..N..GQEL...SIIKT..L.....LCIR.. |
| <i>C. elegans</i> | N...EI..CS...KLRD..LATLN..D..V...N..VSAK...V....D..SA..VS.QS..SSKMN.....MVIR.. |
| yeast | N...I..N..RK..R..IP..LQT..D..QH...Q..LATH.....F..G..T...AK..EPLFS..S.....F..IK.. |
| rotifer | NGCEYVFLKGHEDLRQDERVMQIFGLVNNLLKNNETARRDLAIQRYSVIPLSQNSGLEWLLNCDTLHSLIREYREKK |
| german cockroach | ..RD..M.....L.....T...NDPD..F..N..T...A.....T...IG..VPH.....T...D..... |
| human | ..H..F.....L.....T...ANDPTSL..KN..S...A.....T...IG..VPH.....A...D..... |
| mouse | ..H..F.....L.....T...ANDPTSL..KN..S...A.....T...IG..VPH.....A...D..... |
| zebrafish | ..H..FM.....L.....T...ANDPASL..KN..S...A.....T...IG..VPH.....A...D..... |
| fruit fly | ..KD..MY.....L..S...T...DDPD..F..N....A.....T...IG..VPH.....T...D...D... |
| <i>C. elegans</i> | ..LD..Q.....P.....L.....T...AN..S...C...N..T...IVA...KD...IG..VP.....T..VK..... |
| yeast | D..KD..KYV.....I...SL...L.....T...KNDS..CFK..H..D..Q..PA....PK....G..VP..S...F..V...H..DA.. |
| rotifer | -KISLNLEHKIIMKYAPDYEHLPITQKVQIFEMAIENTWGNDAEILWHKSLTAEKWLERRTNFTSLAVMSMVGIVLGL |
| german cockroach | -..L..I..R..MLRM...D...LM...EV..H..L..H..Q..D...SRL..L..PSS..V..FD...Y.....I... |
| human | -..L..I..R..MLRM...D...LM...EV..H..VNN..A..D...KL..L..PSS..V..FD...Y.....I... |
| mouse | -..L..I..R..MLRM...D...LM...EV..H..VNN..A..D...KL..L..PSS..V..FD...Y.....I... |
| zebrafish | -..L..I..R..MLRM...D...LME...EV..H..VNN..A..D...KL..L..PSS..V..FD...Y.....I... |
| fruit fly | -..VP..Q...RTMLNF...D...LM...EV..H..LGQ..Q..D...KL..L..PSS..L..F...N..Y.....I... |
| <i>C. elegans</i> | A..P..SI...TLQ..LSLET...LM...L..L...S..LSV..Q..E...RHV...L..PSS..V..FD...Y...V..C.....I... |
| yeast | -..P..I..WVMLQM....N..LL...IEV..TY..LDN..K..Q...YK...L..RSS..T.....TY.....T...I... |
| rotifer | GDRHPSNLMMLDRTNGKIIHIDFGDCFETAMTREKFPEKIPFRLTRMLKNAMEVTGIEGTFRRTCESVMKVLRNNRDSLMA |
| german cockroach |LS...L.....V.....I.....Y.....S...HR..K..... |
| human |LS...L.....V.....T.....LD..NY..I...HT...E...EHK..V... |
| mouse |LS...L.....V.....T.....LD..NY..T...HT...E...EHK..V... |
| zebrafish |LS...L.....V.....T.....LD..NY..I...HT...E...EH...V... |
| fruit fly |MS...L.....V.....IK.....Y.....L...R..K..... |
| <i>C. elegans</i> |LT..VV.....V..L.....RV.....I.....LD..VYNY..A..R..L..M..T..QE...L.. |
| yeast |IT..V.....A..IL...Y...V.....TY...S....S...I...N...R...D..KE.... |
| rotifer | VLEAFVYDPLVYWRL |
| german cockroach |LN... |
| human |LN... |
| mouse |LN... |
| zebrafish |LN... |
| fruit fly |LN... |
| <i>C. elegans</i> |VIN... |
| yeast | I....AL...IH..GF |

(a)

```
AAAAAATATGACCACTGAAGTTTGTGCACAACAATCGAACAACGATAATAAGCAATCACAAAATGCTATTGCTACAAAAGAACAAGTTCAAATGACACTA 100
AATGATCCGAATGTCAAATTTCCACTCGAAGATTCATGGTCATTTTGGTTTATATAAAATGAAAGGACAAAAGAATGGAAGAAAAATGTTAAATTTATAA 200
CTAGTGTAGATTTTGTGAAGATTTTGGGGAGTTTATAATCATATTCAATTAGTAAGTAAAGTAAATGTCGGATGCGATTACATGTTCTTTAAAAAAGA 300
CATACCACCAATGTGGGAAGATCCTCACAATTGTGACGGAGGAAGATGGATTTTAAATTTAGACAAAAAATATCATAATACTAATCTTGATATGTACTGG 400
TTGAATACACTATTGGCTTTAATAGGTGATCAATTTTGGATGAAAGCCCTTATGTCAATGGTGTGGGTAAATATAAGATCTAAATTTGGATAAAATAT 500
CTCTATGGACTAAAGTTGCTAAGAATGCCGAAGTTCAAATGAAAATTTGGACGACGTTTCAAAGAAATTTAAATCTAAAAGATAAAGACACAACAATAGC 600
TTATGAAGAACATCAAGCTGCTAATAGCGGATCATCTCAAGCAGAACCACCTTTATATGATTAAATTTTGTCTCATGATGCTTTTGTGTTCAAATAAAA 700
TTCAAGCATTAATAAATAATTATTTTTTACTACTTCTTAACCAGATATTTTGTAAACCTTA 763
```

(b)

```
KNMTTEVLSSQSNNDNKQSQNAIATKEQVQMTLNDPNVKFPLEDSWSFWFYKNERTKEWKENVKFITSVDFVEDFWGVNHIQLVSKVNVGCDYMFFKKD 100
IPPMWEDPHNCDGGRWILNLDKKYHNTNLDMYWLNTLLALIGDQFLDESFPYVNGVWVNIRSKLDKISLWTKVAKNAEVQMKIGRRFKEILNLKDKDTTIA 200
IF4E (Eukaryotic initiation factor 4E)
YEEHQAANSQSSQAEPYMI 220
```

(c)

| | |
|-------------------------|--|
| rotifer | ERTKEWKENVKFITSVDFVEDFWGVNHIQLVSKVNVGCDYMFFKKDIPPMWEDPHNCDGGRWILNLDKKYHNTNLDMYW |
| <i>Caligus clemensi</i> | N.AR...V.Q.Q...FKT.....AL.....EVT.RMEN....SL..EG.W.....A.K.....LIT....QRS.F..NV. |
| human | DKS.T.QA.LRL.SKF.T.....AL.....S.NLMP....SL..DG.E.....EK.KR....LIT.N.QQRRSD..RF. |
| mouse | DKS.T.QA.LRL.SKF.T.....AL.....S.NLMP....SL..DG.E.....EK.KR....LIT.N.QQRRSD..RF. |
| mallard | DKS.T.QA.LRL.SKF.T.....AL.....S.NLMP....SL..DG.E.....EK.KR....LIT.T.QQRRSD..RF. |
| african clawed frog | DKS.T.QA.LRL.SKF.T.....AL.....S.NLMS....SL..DG.E.....EK.KR....LIT.N.QQRRND..RF. |
| zebrafish | DKS.T.QA.LRL.SKF.T.....AL.....S.NLMS....SL..DG.E.....ER.KR....LIT.N.QQRRKYD..RF. |
| fruit fly | D.S.S.EDMQNE...F.T.....SL....KPP.EIKL.S..SL...N.R.....AA.KQ....VIT.N.SS-K.D..NL. |
| <i>C. elegans</i> | ..N.S.E.RL.NVKTFSS.GE..ALHDS.KPP.GL.PPS..NV.RDG.E...V.Q.QN....LITIE.GRTPEIM.TI. |
| yeast | DKSES.SDLLRPV..FQT..E..AIIQN.PEPHELPLKS..HV.RN.VR.E...EA.AK..K.SFQ.--RGKGADI.EL. |
| rotifer | LNTLLALIGDQFLDESFPYVNGVWVNIRSKLDKISLWTKVAKNAEVQMKIGRRFKEILN |
| <i>Caligus clemensi</i> | .EVM.C...ES.D.H..II..AV.SV.P....AI.LGD.SKNNMVL..KKV..R.. |
| human | .E...C...ES.D.Y.DD.C.AV..V.A.G...AI..TECE.R.AVTH...VY..R.G |
| mouse | .E...C...ES.D.Y.DD.C.AV..V.A.G...AI..TECE.RDAVTH...VY..R.G |
| mallard | .E...C...ES.D.Y.DD.C.AV..V.T.G...AI..TECE.RDAVTH...VY..R.G |
| african clawed frog | .E..MC...ES.DEH.DD.C.AV...A.G...AI..TECD.RDAITH...VY..R.G |
| zebrafish | .E...C...EA.D.Y.DD.C.AV..V.T.G...AI..ADYG.R.AVTH...VY..R.G |
| fruit fly | .DV..C...EA.D-H.DQIC.AVI...G.SN...I..ADGN.E.AALE..HKL.RDA.R |
| <i>C. elegans</i> | TEI.M.M..E..S.DIESLC.IVC.V.G.GS...V..TNSADDGANLR..GVL.QV.. |
| yeast | .R....V..ETIDEDDSQI...VLS..KGGN.FA...-KSEDK.PLLR..GK...QV.K |

図 4-14. センチュウ *ife-2* 遺伝子のアミノ酸配列（アセション番号 Q21693）と同一性を示したコンティグの塩基配列と演繹アミノ酸配列。（a）はコンティグの塩基配列を示す。配列の右側は塩基数を示す。青字は終止コドンの配列を示し、赤字は非翻訳領域またはミスアセンブルを含む配列を示す。（b）は演繹アミノ酸配列を示す。演繹アミノ酸配列の右側は残基数を示す。（c）は演繹アミノ酸配列と同一性を示した *Caligus clemensi* の Eukaryotic translation initiation factor 4E（ACO14709）および主要な生物の Eukaryotic translation initiation factor 4E とのアミノ酸配列の比較を示す。ドットは同一のアミノ酸であることを示し、ハイフンは配列の隙間（ギャップ）の位置を示す。

(a)

```
GAGTTGGACACACAGTGTATAATAGCGGACGAAGAGCAAAAAAATATCAGGCCTTATTAAAAGGCTGAAAAGTCAGATGCCTGATGAGGAGGAAATTA 100
AGAAATTTGGAAGAAAGAACTAGCAGCGCTAGATTGAGAGGAAAAAAATTCGGAACCCAATTGGAATAAGTGAAAAAGAGAAAAATGATTTGATCGAAAT 200
GAAAAATAAATTAAGCCAAGAGGAAACTAATTTGATTAATGAAGAACAAAATTTAATGCTTGAATATTTCTAATTTAAAGCGTCAGTTGGTCAAATTTGGAA 300
GAGAATTATGAGAGCTTAGAAAAATCAGCATAAAAATGCCAAATTTTCATTTCATCGTCTAAGTAGTGTGAATGTATTGAATGCAGCCTTTACATTGTCG 400
ATTGAGGACCGTTGCGAACCATATAAATTTTAGACTTGGATGCATGCCGACGATAAAGTTGAATGGGATGAAATAAATGCTGGTCTTTGGTCAAGCTAA 500
TCTTTTGTCTTTATTGTCTTGCAGAAAAAATCAAACTAGAATTTCAACGATTTAGATTAGTGCCATACGGAAGTTTTTCATATATTAGGTAATTGAAAAT 600
GATCCAAATTTATTCAGGATTTAAAATTTGGCGATGAATGCAATATGTACGAGATTAAAGGCAAAAAATATTTTCTTATGCCGACAAAAATTTGACAAGG 700
GCATGATGTCATTTTGGATTGTATTAAACAATTTGGAAGAGAGATAAAAAACAAAAGATAAACAATTTAGCTTGCCGTATAGGATTAATGGTGACAAATT 800
AGAAGACAAAAATTCAAGTTATAGTGTAAAATTTTTTCAAATTCCTATGAACATTGGACAAAAGCGCTCAAATTTATGTTGACTAATCTTAAATGGAGT 900
TTGGCCTGGCTAACATCACAAAAAATAATACCTCAAATTAGTTAATTTTTTTAAATTTATTTTAAAGAAAAATTTTTTAATCTTTCGATCGAAAAATAA 1000
CATTTTTTTTTTAATTTTAATTAATAAAAAAATCAAAATTTAAAAAA 1051
```

(b)

```
ELDTQCIADDEEQKKYQALIKRLKSQMPDEEEIKNLEKELAAALDSEEKKLRTQLEISEKEENDLIEMKNKLSQEETNLINEEQNLMLEYSNLKRQIVKLE 100
ENYESLENQHKNKAKFHFNRLLSSVNLNAAFHIWHS GPFGTINYFRLGCMPPDDKVEWDEINAGLGQANLLLYCLAKKIKLEFQRFRLVPYGSFSYIQVIEN 200
APG6 (Autophagy protein Apg6)
DPNYSGFKIGDECNMYEIKGKKYFLMPDKKFDKGMIAFLDCIKQLEERIKTKDKQFSLPYRINGDKLEDKNSSYSVKFFSNSYEHWTALKFMLTNLKWS 300
LAWLTSQKNNTSN 313
```

(c)

| | |
|---------------------|---|
| rotifer | KRQLVKLEENYESLENQHKNKAKFHFNRLLSSVNLNAAFHIWHS GPFGTINYFRLGCMPPDDKVEWDEINAGLGQANLLLYC |
| pacific oyster | ...VQE...DEQR.VD...L.Y.QTQLDK.KKT...F.TT.....H....N....RL.SVP.D.N...AW..TV...NS |
| human | ...QLE.DDELK.V...MRY.QTQLDK.KKT...F..T.....Q.....N....RL.SVP...N....AW..TV...HA |
| mouse | ...QLE.DDELK.V...VRY.QIQLDK.KKT...F..T.....Q.....N....RL.SVP...N....AW..TV...HA |
| chicken | ...QLE.DDELK.V...MRY.QMQLDK.KKT...F..T.....Q.....N....RL.SVP...N....AW..TV...HA |
| african clawed frog | ...QLE.DDDLK.V...MRY.QIQLDK.KKT...F..T.....Q.....N....RL.SVP...N....AW..TV...HA |
| zebrafish | ...QLE.DDDLK.VD...MRYCQIQLDK.KKT...F..T.....Q.....N....RL.SVP...N....AW..TV...HA |
| fruit fly | R.E.MLT.DDKR...C.IAYS.QQLDK.RDT.IF.IT....A.H....N....RL.SVS.D.S...AW..TV...SA |
| C. elegans | L..VFEDQDELH...AERQY.EVQHRK.TDT...DLC....VD.IV.E..G....YLK.AP..FT...A...IV...EI |
| rotifer | LAKKIKLEFQRFRLVPYGSFSYIQVIENDPNYSGFKIGDE-CNMYEIKGKKYFLMPDKKFDKGMIAFLDCIKQLEERIKT |
| pacific oyster | ...MN.T...Y....F.NH...ESLSDKSK-----LPL.GSG.FRF.W--.T...QA.V....LQ.FK.EVEK |
| human | ..N.MG.K...Y.....NH...LESLTDKSK-----LPL.CSG.LRF.W--.N...HA.V....VQ.FK.EVEK |
| mouse | ..N.MG.K...Y.....NH...LESLTDKSK-----LPL.CSG.LRF.W--.N...HA.V....VQ.FK.EVEK |
| chicken | ..N.MG.K...Y.....NH...LESLTDKSK-----LPL.CSG.LRF.W--.N...HA.V....VQ.FK.EVEK |
| african clawed frog | ..N.MG.Q...Y....F.NH...LESLTDKSK-----LPL.CSG.LRF.W--.N...HA.V....VQ.FK.EVEK |
| zebrafish | ..S.MG.C...YQ.....NH...LESLSDKSK-----LPL.CSG.LRF.W--.N...HA.V....VQ.FK.EVEK |
| fruit fly | ..R..G.T.E.Y.V..F.NH...VE.LGE-NR-----LPL.GSG.F.F.W--.T...AA.V....LT.FQKEVEK |
| C. elegans | .LER.GVQHHELM.P.AM..H...KLRR.GIDMETYALYGQGTPLSGSS.I-----P.IRR..QLLEF.LKEL.D |
| rotifer | KDKQFSLPYRINGDK--LED---KNSSYSVKFFSNSYEHWTALKFMLTNLKWSLAWLTS |
| pacific oyster | G.TG.C...KM--E.GKI..SS-TGT...I.IQF..E.Q.....Y.....G...VS. |
| human | GETR.C...MDVE.GKI..TGGSGG...I.TQF..E.Q.....G...VS. |
| mouse | GETR.C...MDVE.GKI..TGGSGG...I.TQF..E.Q.....G...VS. |
| chicken | GETR.C...MDVE.GKI..TGGSGG...I.TQF..E.Q.....G...VS. |
| african clawed frog | G.TG.C...MDV..GKI..TGGSGG...I.TQF..E.Q.....G...VS. |
| zebrafish | D.TG.C...MDV..GKI..TGGSGG...I.TQF..E.Q.....G...VS. |
| fruit fly | R.TE.L...KM--E.GKII.PS-TGN...I.IQF..E.Q.....G...VS. |
| C. elegans | RN.N.KP..Q.HA.S--.V.---NGVK.NAVMTL.TDVR..R.MAL...D..AAC.QCDA |

図 4-15. センチュウ *bec-1* 遺伝子のアミノ酸配列 (アセセッション番号 Q22592) と同一性を示したコンティグの塩基配列と演繹アミノ酸配列. (a) はコンティグの塩基配列を示す. 配列の右側は塩基数を示す. 青字は終止コドンの配列を示し, 赤字は非翻訳領域またはミスアセンブルを含む配列を示す. (b) は演繹アミノ酸配列を示す. 演繹アミノ酸配列の右側は残基数を示す. (c) は演繹アミノ酸配列と同一性を示したマガキ *Crassostrea gigas* の Beclin-1 (EKC28450) および主要な生物の Beclin-1 とのアミノ酸配列の比較を示す. ドットは同一のアミノ酸であることを示し, ハイフンは配列の隙間 (ギャップ) の位置を示す.

(a)

```
TATTGTGATTCAAGACAATGGCACAATGAATGCTCTCGAAGATTGAATGAAAAATATGATATAAATAAGCCGAATTTAGTCTACTCTTTGAATAAAAAG 100
AAAAGGTGGCAAGTTGCCTCGGAGCTTACTAAGAATATGAAAGATTATAAGGATGAAAAATATTGATGTTTCGGTTGTACGAAACAAGAAATAGGAATGAAA 200
AAAAAGCAAACGTATTGCCATTCTATAAAGTCAAGGTGAAAAATAAGTATTAAAAAACATTGCAAATTTAGAATCAATAAAGGCTAGTGAATTATA 300
TTCTAATGATCAAGAACATGCCAGTATCAAATTGAATATATGCCAAAAAAGATATATTAATATGGTAATAAAAAATTCGCTTCTGAGCCTCGAGTG 400
GCCAAGCACAAAAATAAAAAATTTCAACTCAAATTATGAGCAATATATTGACGATTATAGCGAAGAAAGTGAATCGAAGACCAAGCTTTAGACGATTCAA 500
ATGAGAATAAGAATCGAATCAATTTAAACGTTGAAGATTGATTGATCATCATATATGCTCAGTTATTGAAAAGAACTTAAGAAAAACAAAAATAAATGA 600
AAAAAATTAACACAAAAATACCATTTTTAGATTATTTTCAATTTTTTCTTTAATAAAAAAGAAATTAAGAAAAATTTGCAAAAAAATATGTGTTGTC 700
CATGTTTCCATATCCATCTGGACGGCTTCATCTTGGCCACGTTAGAGTTTACACATTGAACGACGTTTTGGCTAGATACAATAGACTAAGAGGATTTTAT 800
GTCATAAATCCCATCGGATTCGATTCTTTTGGTCTTCCGCTGAAAATGCTGCTATTGAAAGAAATATTGAGCCAGATGTATGGACTGATAGCAATGTTG 900
AATATATGAAGAATCAGCTAAAGAATTGTCTTTTAGTTTCGACTGGAATCGGGAATTGCTACATGCAAAACCATCTTACTACAAATGGACACAATATTT 1000
ATTTTACAGATGTATCTCAAGGATGGATGCTTTATAGATTTTGATCTTGAGTATGAAGATAAATCATTAGAAAAACAATTTTGTCTGTTTTCACCTCAA 1100
AGTCCACAAGGTGTTTATGGTGTTCGCACATAAATATCAATAAGCATCATCTAATTCTAAAGAACTTAAAAAACATATAGAAGAAAAATAATAAGTTC 1200
CATGTTATGCAATTAATCCATTTACGAAAGAAAAAATTCCTGTGTATCTTAAAAATGAATCAGAATTCGGAACCTTAAATTCTCAAGGTATACCTTATTT 1300
GGATGCAAAATTTGGCCATACCAAGTTTGATACCATTTGATAAAAAATTCGCAATAGAAAATGGCCTAAATTCGGGATATAATTTTCGATCAAAAATTG 1400
ATTAATTCTCAAAA 1415
```

(b)

```
MKKINTKNTIFRLFSIFFFNKKEIKENLQKKYVLSMFPYPGRHLHLGHVRVYTLNDVLARYNRLRGFYVINPIGFDSDFLPAENAAIERNIEPDVWTDNS 100
tRNA-synt_1g (tRNA synthetases class I (M))
VEYMKNLKELSFSDWNRELSTCKPSYKWTQYLFLQMYLKDGCFIDFDLEYEDKSLEKTILSVFTQSPQGVYGVSHININKHHLILKNLKKHIEENNK 200
VPCYAINPFTKEKIPVYLKNESEFGTLNSQGIPLYLDAKLAIPSLDTIDKKFAIENGLKFRDIIIFDQKLINSQK 273
```

図 4-16. センチュウ *lrs-2* 遺伝子のアミノ酸配列（アセッション番号 G5EBH2）と同一性を示したコンティグの塩基配列と演繹アミノ酸配列。(a) はコンティグの塩基配列を示す。配列の右側は塩基数を示す。赤字は非翻訳領域またはミスアセンブルを含む配列を示す。(b) は演繹アミノ酸配列を示す。演繹アミノ酸配列の右側は残基数を示す。(c) は演繹アミノ酸配列と同一性を示した *Coprothermobacter platensis* の leucyl-tRNA synthetase (WP018962949) および主要な生物の leucyl-tRNA synthetase とのアミノ酸配列の比較を示す。ドットは同一のアミノ酸であることを示し、ハイフンは配列の隙間（ギャップ）の位置を示す。

(図 4-16 の続き)

(c)

```
rotifer          KKYVLSMFPYPSGRHLHGHVSVYTLNDVLSYNSLSGFYVMNPIGFDSFGLPAE-----
Coprothermobacter platensis .....E.....M...RN...G..V.R..RMR..N.LH.M.W.A.....-----
human           .YF.TFPY..MN.....TFSLSKCEFAVG.QR.K.KCCLF.F.LHCT.M.IKACADKLKREIELYGCP
mouse           .YF.TFPY..MN.....TFSLSKCEFAVG.QR.K.KSCLF.F.LHCT.M.IKACADKLKREIELYGCP
african clawed frog .YL.TFPY..MN.....TFSLSKCEFSVG.QR.K.KICLF.F.LHCT.M.IKACADKLKREIELYGCP
zebrafish       .F.....M...R..AIS.TISHFQKMR.HQ.L..M.W.A.....-----
fruit fly       .Y.....N..M...R...IA.SV.RFQRC.KN.FQ.M.W.....-----
C. elegans      ...I.....I..MR...IS.AT.R.YR.N.YE.IH...W.....-----
baker's yeast   -.I.CQ.....A..I..LR..VIS.S.NRFYKQK.YN.IH.M.W.A.....-----

rotifer          -----NAAIESNIEPDVW-----TDSNVEYMK-----
Coprothermobacter platensis -----...R..H.ET.-----L..ID...-----
human           PDFPDEEEEEETS--KTEDIIKDKAKGKSK..AKAGSSKYQ.GIMKSLGLS.EEIVKFSEAEHWLD
mouse           PDFPEEEEEEESSA--KPGDIVVRDKAKGKSK..AKAGSSKYQ.DIMKSLGLS.DDIVKFSEAEHWLD
african clawed frog PQFPEEEEEEEEKLAKKDDEVVIKDKAKGKSK..AK.GSAKYQ.GIMKSLGLS.EHIVKFSEAEHWLD
zebrafish       -----...R.LD.ED.-----R..I.S.R-----
fruit fly       -----...NQRGV..AS.-----EQ.IAQ..-----
C. elegans      -----...RDKGVD.RE.-----IN.I.S..-----
baker's yeast   -----...RS.N.AI.-----RD.IAK..-----

rotifer          -----NQLKELSFSDWNRELSTCK--PSYKWTQYLFLQMYLK
Coprothermobacter platensis -----Q.M.K.G..Y..D...A..L--D.....W...KL.E.
human           YFPPLAIQD..RMGLKV..R.SFI.TDVN.Y.DSFVRWQ..TLRER
mouse           YFPPLAVQD..TIGLV..R.SFI.TDVN.Y.DSFVRWQ..TLRER
african clawed frog YFPPLAVED..SMGLKV..R.SFI.TDVN.F.DSFVKWQ.VKLKER
zebrafish       -----T..DS.GLC.N.D..IT..L--D.....IK.FEA
fruit fly       -----E...R.GC.....H....S--.K.....H...MLHRH
C. elegans      -----Q..LGTKIL...EK.I...E--.ECCR...WI..CKLFEY
baker's yeast   -----Q.MQSMAN...D..IT..D--.E...F..WI..KLFEY
```

(a)

```
ATTTCTTAGAATTATTTATTTGTTATTTGAATTGAAAAGGATGGGAAATAGCGCAAATAAGCCGGCGAATACAGCTACAGCTAAATCAGAGTGTCGGATTC 100
AGCATGATAAAAAATCCGTCTGATCACGATAAATTGAAGCAATCAGGCGCAGAGATTCCTCTGTAATGTCCGATGCATCAGGCCAAGTCGGGCAAACAGCA 200
GTCTGATGCTTGTCCGATAAAGCATGATGACATTGATCCGAAAAATATGATGCCACCACCGAATCAGCAACCTCGCCGGGTCAACCATTTACACTCTCG 300
ACTTCCCGAATAACATCGACTATTTCCCAAAGCCGGAACCGAAGATGAAAAATGGCAGTATCCATCCGAGCAAATGTTTTGGAACGCTATGCTAAGAAAAG 400
GCTGGCGATGGGAAGAGGACGCCATAAAACAGCAGGACATGACTCATATAATCAATATACACAATGCTAATAATGAAAAAGCGTGGCAAGAAGTTTGA 500
ATGGGAAGCGTTGCATTACGGTGAGTGTCAATCACCTAACTAAAAAATTCGGTGGTAAAGCTAGTGAATACTCGCCAAGAGCTAGAATACGCCATTGG 600
ATGGGCTATGAGCTGCCGTTTGATCGTCATGACTGGATTGTGGACAGATGTGGAAAAGAGGTTTCGTATATAA 673
```

(b)

```
NYLFVFEKRMGNSANKPANTATAKSECPHQHDKNPSDHDKLKQSGAEIPSECPMHQAQSGKQKQSDACPIKHDDIDPKNMMPPPNQQPSPGQPFTLSTSR 100

ITSTIPKAGTEDEKWQYPSEQMFWNAMLRKGWRWEEDAIIQQDMTHIINIHNANNEKAWQEVLKWEALHYGECQSPKLKKFGGKASEYSPRARIRHWMGY 200
Cyto_heme_lyase (Cytochrome c/c1 heme lyase)
ELPFDRHDWIVDRCGKEVRYI 221
```

(c)

| | |
|---------------------|---|
| rotifer | IDP-KNMMPPPNQQPSPGQPFTLSTSRITSTIPKAGTED--EKWQYPSEQMFWNAMLRKGWRWEEDAIIQQDMTHIINIHN |
| pacific oyster | ...R.....R...D...P...D.VV.N...DSD---N.V...P.....K.GD.NK...DN..S.. |
| human | L..S.L.....T.A.D...A...V.EE.S..R.DS.--K..V.....K...K.KDED.S.K..YN..R.. |
| mouse | L..S.L.....T...D.....EE.S..R.DS.--K..V.....K.KD.D.S.K..YN..R.. |
| chicken | ...S.....L...D...P...V.EE.S..R.HSD--K..V.....K.D.D.TSE...N..K.. |
| african clawed frog | ...S.....T.A.D...S..LD.EE...RSS...--KN.V.....K..DL.PE...N..K.. |
| zebrafish | ...T.....V.A.D...P..VK.EE.K..RS...--QN.V.....K.D.TLPE...SN..Q.. |
| fruit fly | VN..L....A....AAD...P.P.D.Q.....VTEDGSVQF....Q.....KTEDVS.K..GD..R.. |
| C. elegans | .N.LN.ELEH...K.A.D...A.P.K.EK.....--T.T.T...P.....QD.SLSKS..EN..S.. |
| yeast | .N.LN.-..ELAASKQ...KMD.PVD.TI.S...--SP.SN.F.E...P.QMY...V...KIGGSGEVAEDAVESMVQV. |
| rotifer | NANNEKAWQEVLKWEALHYGECQ-SPKLKKFGGKASEYSPRARIRH-WM-----GYELPFDRHDWIVDRCG-K- |
| pacific oyster |Q..K.....AR..S-E.R..R....K.F....K..N..L-----..S.....V.....-. |
| human | .Q...Q..K.I.....AA..PCG.S.IR....K.....S-.....IN...-T- |
| mouse | .Q...Q..K.I.....AH..PCG.S.VR....R.....S-.....IN...-T- |
| chicken | .Q...Q..K.I.....AM..PCG.S.MR....K.....S-.....-. |
| african clawed frog | .K...Q..S.I.....AK..PCG.S.VR....K.F....M.S-.....-R- |
| zebrafish | .R..DQ...I.....AS..PCG.S..R....K.F.....-.....-. |
| fruit fly |Q.....AK..G-N.R..S....KDF....F.S..L-----..-. |
| C. elegans |E..R.....N.LHP..A-E....S.K.D.KNL....F.NLFL-----..D.....T.- |
| yeast | .FL..GC....E..KP.TD.SHVQ...L..M..PGVL....----.HLCGLLFPSHSFSQ.....L.GER.A |
| rotifer | -----EVRYI |
| pacific oyster | -----.... |
| human | -----...V |
| mouse | -----...V |
| chicken | -----...V |
| african clawed frog | -----K..V |
| zebrafish | -----...V |
| fruit fly | -----D..V |
| C. elegans | -----Q.Q.V |
| yeast | EQQPPTFK...V |

図 4-17. センチュウ *cchl-1* 遺伝子のアミノ酸配列（アセッション番号 P53703）と同一性を示したコンティグの塩基配列と演繹アミノ酸配列。（a）はコンティグの塩基配列を示す。配列の右側は塩基数を示す。赤字は非翻訳領域またはミスアセンブルを含む配列を示す。（b）は演繹アミノ酸配列を示す。演繹アミノ酸配列の右側は残基数を示す。（c）は演繹アミノ酸配列と同一性を示したマガキ *Crassostrea gigas* の Cytochrome c-type heme lyase（EKC21297）および主要な生物の Cytochrome c-type heme lyase とのアミノ酸配列の比較を示す。ドットは同一のアミノ酸であることを示し、ハイフンは配列の隙間（ギャップ）の位置を示す。

(a)

```
TACTGCTTTTAAATAATTCAAAGCAAATTTCTAAGCATAGAAGAGATTGCATTAGAATGTCAATAAAAGCAGTGGCCGTCTAATTGGTGAAACAG 100
TGAAAGGAGTGGTCCATTTTGAACAAGAAGGCTTAGATTGGCAGTTCATATATTTGGCGAAGTGAGCAATTTAAGCCCAGGGCAACACGGCTTTTACAT 200
TCACCAGTTTGGTGATACAACCTAACGGATGCATTAGTGCAGGTCCGCATTTTAATCCTTTTCAAAAACTCACGGCGGACCTGAAGACCAAGAAAGACAC 300
GTTGGTGACCTAGGCAACATTACTGCTGATGAAAATGGCTTAGCCAAATTTGACTTTAATGATCGCTTAGTCCGTCTAACGGACCTCATTCAATCATTG 400
GACGAACATATCATTTGTTCACTCGGACCTGACGATCTAGGCCAAGGTGGAAGTCTAGCTCAGCAAAACAAGTGGTAATGCTGGTGGACGATTAGCATGTGG 500
AGTTATTGGAATAACTTATATTGATTTTATTAAATCTTTTTTTTTTT 549
```

(b)

```
KLIIQSKISKHRRDCIRMSIKAVAVLIGETVKGVVHFEQEGLDASVHIFGEVSNLSPGQHGFHIIHQFGDTTNGCISAGPHFNPQKTHGGPEDQERHVGDL 100
Sod_Cu (Copper/zinc superoxide dismutase (SODC))
GNITADENGLAKFDFNDRLVRLNGPHSIIGRTIIVHSDPDDLGGGTELSKTTGNAGGRLACGVIGITYI 170
```

(c)

| | |
|-------------------------------|--|
| rotifer | TTNGCISAGPHFNPQK-THGGPEDQERHVGDLGNITADENGLAKFDFNDRLVRLNGPHSIIGRTIIVHS |
| Formosan subterranean termite | N...T...A...Y...-D...D.EV.....E..SS.V..V..IA.KVIS.T.A.N....LV..A |
| human | N.A...T.....LSR-K...K.E.....V...KD.V.DVSIE.SVIS.S.D.C.....LV..E |
| mouse | N.Q...T.....HS.-K...A.E.....V..GKD.V.NVSIEH.VIS.S.E.....MV..E |
| chicken | N...T...A...EG.-Q...K.AD.....V...-KG.V.EVEIE.SVIS.T...C.....MV..A |
| African clawed frog | N...M...S...EN.-N..A.G.TD.....V...-G.V.Q.KIT.S.IS.K..N.....AV..E |
| Zebrafish | N.....HD.-....T.SV.....V...AS.V..IEIE.AMLT.S.Q.....MVI.E |
| fruit fly | N...M.S.....YG.-E...A.V.EN..L.....E.TGDCPT.VNIT.SKIT.F.AD.....VV..A |
| C. elegans | S.....G.-....KSEI.....VE.GAD.V..IKLT.T..T.Y..NTVV..SMV..A |
| baker's yeast | A...V.....K.-...A.T.EV....M..VKT....V...GS.K.S.IK.I..T.VV..SVVI.A |
| E. coli | KPVAAL...G..D.KKTGK.L..WSPDG.L...PALYVTND.K.NYPV--LAPK.TELKD.N.HSLMI.I |
| rotifer | DPDDLGGQ-GT--ELSKTTGNAGGRLACGVI |
| Formosan subterranean termite |K.-.H--.....A.S....V |
| human | KA...K.-.N--..E.TK.....S..... |
| mouse | KQ...K.-.N--..E.TK.....S..... |
| chicken | KS...R.-.D--NE..L.....P..... |
| African clawed frog | KA...K.-.N--DE.LK..... |
| Zebrafish | KE...K.-.N--..E.LK..... |
| fruit fly | .A.....-H--....S....A.IG.... |
| C. elegans | GQ...E.V.DKA.E..K....A.A.... |
| baker's yeast | GQ...K.--DT.E.LK....P.P.... |
| E. coli | GG-----NHHDNPEPL.GG.A.I...I. |

図 4-18. センチュウ *sod-1* 遺伝子のアミノ酸配列（アセッション番号 P34697）と同一性を示したコンティグの塩基配列と演繹アミノ酸配列。（a）はコンティグの塩基配列を示す。配列の右側は塩基数を示す。青字は終止コドンの配列を示し、赤字は非翻訳領域またはミスアセンブルを含む配列を示す。（b）は演繹アミノ酸配列を示す。演繹アミノ酸配列の右側は残基数を示す。（c）は演繹アミノ酸配列と同一性を示したイエシロアリ *Coptotermes formosanus* の Cu/Zn superoxide dismutase（AGM32998）および主要な生物の Cu/Zn superoxide dismutase とのアミノ酸配列の比較を示す。ドットは同一のアミノ酸であることを示し、ハイフンは配列の隙間（ギャップ）の位置を示す。

(a)

```
AATGAAGTTAAAAGAATCTAAATTTATAAACTAATAGTTTAACAACAAAATTTTCGATGGACACAAACACTGACCAACTGTCTAAATATGCAGAAAATAAT 100
CATGAAGATATTTTGACTACAAGCTATGGAAAGCCTATTGGAGATATGCTTAATCTCTGACAGTTGGACCAAGAGGTCCCATTTTGCTTCAAGACACAG 200
TTTTTTTAGACGAAATGACTCATTTTTCGCGAGAGAATCCAGAACGAGTTGTACACGCCAAAGGTGCTGGAGCTTTTGGTTATTTTGAAGTAACACA 300
CGATATAAGCAACTACACTAAAGCCGTAGTTTTTGTATAAAATTGAAAAAAGAACTCCTATTGCCGTTTCGTTTTTCAACTGTTGGAGGAGAATCTGGCTCA 400
GCAGACACTGTGCGAGATCCAAGAGGTTTTTGCTATGAAATTTTATACTGAAGATGGAACTGGGACTTGGTTTGAATAATACTC 485
```

(b)

```
FNNKISMDTNTDQLSKYAENNHEIDILTSYGKPIGDMNLSTLVGPRGPILLQDTVFLDEMTHFDRERIPERVVHAKGAGAFGYFEVTHDISNYTKAVVFD 100
Catalase (Catalase)
KIGKRTPIAVRFSTVGGESGSADTVRDPRGFAMKFYTEDGNWDLVCNNT 149
```

(c)

| | |
|---------------------|--|
| rotifer | LTTSYGKPIGDMNLSTLVGPRGPILLQDTVFLDEMTHFDRERIPERVVHAKGAGAFGYFEVTHDISNYTKAVVFDKIGKR |
| chicken | ...GA.N...K..IM.....L.V..V..T...A.....TK.C..K..EH.... |
| human | ...GA.N.V..K..VI.....L.V..V..T...A.....TK.S..K..EH...K |
| mouse | ...GG.N...K..IM.A.S...L.V..V..T...A.....TR.S..K..EH.... |
| african clawed frog | ...GG.N..S.K..L.....L.V..V..T...A.....C.....TK.S..K..EN.... |
| zebrafish | ...GA.V...K..AM.A....L.V..V..T...A.....TR.S..K..EHV..T |
| fruit fly | I..GN.A...IKDA.Q.....VN.....S.....TQ.CA.KI...VK.. |
| C. elegans | I...N.A..YSKTAV..A.R...M.M..V.YM...A.....H.....K.C..DI.N.V..Q |
| fission yeast | Y..NT.C..FNPMAAAR..KG..V....SHLI.VFQ.....S....E..C.D..TK...HTM.S.V..K |
| E. coli | ...NQ.VR.A.DQ...RA.N...T..E.FILREKI....H.....I...R.SA.H...QPYKSL.DI...DFLSDPN.I |
| rotifer | TPIAVRFSTVGGESGSADTVRDPRGFAMKFYTEDGNWDLVCNNT |
| chicken |I.....A.....E.....G... |
| human |A.....V.....G... |
| mouse |T.....V.....G... |
| african clawed frog |A..A..S.....V.M.....TG... |
| zebrafish |A..A..S.....V....DE....TG... |
| fruit fly | ..L.....A.....V.....V....G... |
| C. elegans | ..LLI.....A.....I....E.....G... |
| fission yeast | ..MVA.....R.TP..A.....L....DE.IF.M.G... |
| E. coli | ..VF.....Q.GA.....I....T....E.IF...G... |

図 4-19. センチュウ *ctl-1* 遺伝子のアミノ酸配列 (アセッション番号 O61235) と同一性を示したコンティグの塩基配列と演繹アミノ酸配列。(a) はコンティグの塩基配列を示す。配列の右側は塩基数を示す。赤字は非翻訳領域またはミスアセンブルを含む配列を示す。(b) は演繹アミノ酸配列を示す。演繹アミノ酸配列の右側は残基数を示す。(c) は演繹アミノ酸配列と同一性を示したニワトリ *Gallus gallus* の catalase (NP001026386) および主要な生物の catalase とのアミノ酸配列の比較を示す。ドットは同一のアミノ酸であることを示し、ハイフンは配列の隙間 (ギャップ) の位置を示す。

(a)

```
CGATTTTGTCTTCTAAATGGTCTCATCTTTTCAAACCAGACAAAGACATAAAACCAGACGTCAAATGATTTGGCATTTCATCTACCAGTCACTTTGTTT 100
CCGACCAAATTTTCCAAACATGAATTCGACTATGCCCAAAGTGTTCAAAAAATTTTCAAAAATTAATTTTCAACATTTCAAAGATCATGAGTTTGTGA 200
GAAAACTTTAAAAACGGTTATTTTAGTCGATGATTTTACCAGACGTTTGTGGGACATATATGAAAAAGTGCATCAAGAAGGAACAGCACACCAGTCTC 300
TTTGGCCATAAATCGCAATGATTTTATGCTTGATCAGAACAGTCAGAACATGTGACACAACCTTAGCCAAATTGAAATCAACACCATAAGTTGTAGCTTT 400
GGTGCAGCCACTTGTCAAGTTTCTAAACTTCATGAATATAATCTAAAGTTAACTGATAATAGTGGCTTTTATCAAATTAGCACCTAATAATAATGTAC 500
AAGTACTAGCACAAAGGTTTAGTGAATGCATGGAAATTATATTCAAATGAAAAGCTATTTTAGTCTTTTAAATTATTGATTGGAGCGCAATATTGGTGA 600
CCAACGTCTATTGGAGTATGAATGCTCTAAAAAGAGCCTAATTGTACAAATTTTGTAGATATACTTTAAAGATTGTGCTCAACGTGGTCACTCTAAATGAC 700
AATAAATGTCTTATTATAGACGGCAAAGAAGTTGGTCTAATTTATTTACGAGCTGGCTATGATCCAGATCACTACAATGCGAAGATGATTGGAATGCTA 800
GACTTTTGTATTGAAAGATCAAAGGCTATCAAGTGTCCCAATATTCAGTTGCATTGGTGGGGCTAAAAATTGTGCAGCAGGCTTTATGTGAGCCTAATGT 900
TGTCGAAAAGTTTGTCTCAAATCTGAAGAGGCTGAAAAAATTCGCTCCACATTGTTCAAATTTATTCAATAACTAAAGATAATCTAGACTTTATTTTG 1000
GATTTAATTGACAAAAATGTGAAGAATTTGTGTTAAAGCCTCAAAGAGAGGGAGGCGGTAACAACATTTATAAAGGTGATATTAGAAAGTTTGTGCGATT 1100
CATTGCTGATAAAATGAACTAATGGGATACATACTGATGAAAATGGTAGATCCGTATGTTAACCAAAATTATGTGATTAAAACTGGTGAAAAAGTGA 1200
GAAAAGAAAGCTGATTAGCGAATTTGGGTATTTATGGTTATTACGTATGTAATGGCCTGGAATGGTCGAAAATCAACTAGGTGGATATTTACTTCGCAC 1300
AAGTCGTTTGGCGTAAATGAAGGGGTGTTGCCACTGGCTTTTCGGCACTAGATTCAATTTATTTTGTCTAATTTATTTTAGTTTAAATAAAATAATATT 1400
AATTTTAGAAAAAAAGGTTTAAATATCGGAATGGTTTGTAAATTTTCAAATCTAAAAAATAAAAAAGGTTACAAATTAATAAAAAAAAAAAAAAAAAA 1500
CCGAAAAAAGGTTTAAATATCGGAATGGTTTGTAAATTTTCAAATCTAAAAAATAAAAAAGGTTACAAATTAATAAAAAAAAAAAAAAAAAA 1400
AGATCAAGTGAATTTAGTATCCCGCTCTACGATTAACGAAAAAGTTGTGACGAACACCACAACCTCTTACCAGCTGCCTCTCGATGCCAAGATGATTG 1400
TTCTGGTATGACCCGCTGGACTGCCAGTCCATTTGATGCCAATTTGGATGCCATTTCTGAAATGTACTCTGTCGTGCCATGCTGAATCTTTGTGGAA 1400
CTGGATGAGATCGCCGCGTTTACGTCGGTCTTCAAGTGTGTCGTCATCCGAGGGCCTCTCTCTCTCCACGTACGGCTTCGATTTGAGCTCTGGCACAAGC 1400
TTGAAGAACCTCCTCTGGACCTTTTCGAGTACGTAAATTTACCACGTCAGTACGGTTCCAGGCTGCTACCGCAAAGGTGAGGTGATCGAACGATTTAT 2000
AGAGCAAA 2008
```

(b)

```
DFCFLNGLIFFKPKDNINQTSNDLAFHLPVTLFPTKFSKHEFDYAQSVQKIFQKLI FNISKDHEFLRKTLKTVILVDDFTRRLWDIYKVHQEGTAQPVS 100
LAIIRNDFMLDQNKSEHVTLQSLQIEINTISCSFGAATCQVSKLHEYNLKLT DNSGFLSKLAPNNNVQVLAQGLVNAWKLYSNEKAILVFLIIDLERNIGD 200
GSH_synth_ATP (Eukaryotic glutathione synthase, ATP binding domain)
QRLLEYECSKKEPNCTILRYTLKDFQRGHLNDNKCLIIDGKEVGLIYLRAGYDPDHYKCEDDWNARLLIERSKAIKCPNIQLHLVGA KIVQQALCEPNV 300
VEKFVSNSEEA EKIRSTFVQIYSITKDNLDLIDKKCEEFLVKPQREGGNNIYKGDIRKFVDSLSDKNELMGYILMKMVD PYNQNYVIKTGEKSE 400
KRKLISELGIYGYVVCNGLEMVENQLGGYLLRKTSGFVNEGGVATGFSALDSIYFV 456
```

図 4-20. センチュウ *gss-I* 遺伝子のアミノ酸配列（アセション番号 NP496011）と同一性を示したコンティグの塩基配列と演繹アミノ酸配列。（a）はコンティグの塩基配列を示す。配列の右側は塩基数を示す。青字は終止コドンの配列を示し、赤字は非翻訳領域またはミスアセンブルを含む配列を示す。（b）は演繹アミノ酸配列を示す。演繹アミノ酸配列の右側は残基数を示す。（c）は演繹アミノ酸配列と同一性を示したマガキ *Crassostrea gigas* の glutathione synthase (EKC19457) および主要な生物の glutathione synthase とのアミノ酸配列の比較を示す。ドットは同一のアミノ酸であることを示し、ハイフンは配列の隙間（ギャップ）の位置を示す。

(図 4-20 の続き)

(c)

| | |
|---------------------|---|
| rotifer | SQIE--INTISCS-F-G-----A-A---T-CQVSKLH-EYN-LK---L---TDNSGFLSK |
| pacific oyster | K...--F...AS.-.A.-LVG-.LS-----D.---.R.TVK.-AKI-KC.K-----NQ |
| human | K...--.....A.-.G.-L---.S-R-.P-A.---.RH-V.SV---.SK-.KEA---G. |
| mouse | K...--.....A.-.G.-L---.S-R-.P-A.---.RH-V.NV---.NK-.KEA---. |
| african clawed frog | K...--.....AA.-.G.-L---.S-R-.P-A.---.QH-V..F--.RK-SEE.---.S |
| zebrafish | K...--.....AA.-.G.-L---.S-R-.P-D.---.RH-I..VAN.-P---.EC---.L |
| fruit fly | K.V.-----A-G.-.HL-GP.-S-K----I---Q-RF-V.S--E.G---H-A---D. |
| <i>C. elegans</i> | K...--...N.AS.-M-.------H.LRL.-E---W.IR--V..-A.-N-IS.DV---IQR |
| <i>E. coli</i> | K--DPPFD.---E-.---IY--.-----I.E-----R-AEE-----. |
| rotifer | ---LAPNNN--VQ-VL--A--QGLVNAWK-LY-S-NEKA-ILVFLII-D--L-E-RN-I- |
| pacific oyster | ---.R.DPAL-G---C---...K..QH-.GNK---A...-V--SS-IP.-..RL- |
| human | I---S...PS-KG-...L---IAK..E...G.P---LV---AQEK---...F |
| mouse | I---S...PS-KG-...L---IAK..E...G.A---VV---AQEK---...F |
| african clawed frog | I---T-.D-A.EG-I--GW--.IAH..A..G.VD--.TVM-.V--EN---Q...L |
| zebrafish | V---D...PAA-G-...K..AK..E...G.KR--.VV...V--EN-V-Q---Y |
| fruit fly | LHNM-.D.-ALAG----C--D.M.K..D-I.AKPQ--.V...I.-ED-V-SY--.- |
| <i>C. elegans</i> | -A-I-.E.KP-IP-MI---EA.FK..SH-F--.PA.VV..-VV--EN-V-N-Q.Q.- |
| <i>E. coli</i> | -GT.IV-.KP--.S-.RDC-NEK.FT...-F-.D-----T-PETLV-T...KA- |
| rotifer | GDQRLLYEY--CSKK-E--PNCT-ILRY-TLK-DF-AQR-GHLND---NK-CLIIDG-K |
| pacific oyster | -HTWM.KKIFDL-DQ-S-----ID-V.---Y-CNLPS--LSS.MSLGRD.A..FLNN-T |
| human | -...AI.N.L--L-AR-N---IH-VI-.R.FE-.I-SEK-.S.----QDRR-.FV...-Q |
| mouse | -...AV.N.L--L-DR-K---IH-VI.GR-FE-.V-SE-.S.----Q.RR-.FM.D-Q |
| african clawed frog | -...FI.A.L--.R-N---VR-VI-.RR.A-.V-FE-.T.----EERH-.F...-Y |
| zebrafish | -H.YV.N.L--W-.R-N---IP-VI-.RQFE-.V-F-.T.S.----ES.R-.FV...-H |
| fruit fly | C...F-H-.FY-I--R-.TY.HIK-V..R..-TEV-H-.E.K---GQS.E-.LL-.SQ |
| <i>C. elegans</i> | -...HV...L---E.LGV-.M.C.I.-RN.-TQC-YEQL-S...-RS-D-.M...-R |
| <i>E. coli</i> | --...KA-F--W-Q.HG---DI--.KP--.-M---G-----. |
| rotifer | EVG-LIYLR--AGYDP-DHY-KCEDDWNAR-L-L-I-ERSK-AIKCPN-IQLHLVGAK-I |
| pacific oyster | .IA-VV.F.--E..S...SS-QKE.S...-D.....S-.HYQ.A.T.K- |
| human | .IA-VV.F.--D..M.RQ-.SLQ-N.E...-L...H-.A...D-.ATQ.A.T.K- |
| mouse | .A-VV.F.--D..M.SQ-.NS-Q-N.E...-M-L...R-.A...D-.AIQ.A.T.K- |
| african clawed frog | .A-VA.F.--T..V.-QD.TE-Q-.E...-M-L...R-.V...D-VPTQ...T.K- |
| zebrafish | .A-IV.F.--N..M.-QN.TSEQ-S.EV...-M-M...-V.V...D-.ST..A.T.E- |
| fruit fly | .A-V..F...E.G-.HS-QA..D..Y.-M--T..L...S-.HY..A.T.K- |
| <i>C. elegans</i> | Q.A-IV.F.--...S...PSTK-E.E..ER-M---L.-T...T.-W.G.QVANT.K- |
| <i>E. coli</i> | --ASI--F.VKE.-.-N-----GV-.A.-T---L-T-E-----TRYC |
| rotifer | V-QQALCEPNVVEKFVSNSE--E--A-EK-IRSTFVQIYSITKDNL-D-FILDL-IDKK |
| pacific oyster | I...E.AREGA..R...D-.K-.-A...V.AGQ..L---.P---.G-.RN |
| human | ...E.SR.GML.MLLPG-QP-...VAR-L.A..AGL..L---VGE-----E-G-.Q |
| mouse | ...E.SRVGLL.ALLPG-QP-...VAR-L.A..AGL..L---MGE-----E-G-.Q |
| african Clawed Frog | ...E.SR.QIL...LPD-KP-...VAR...E..TGL..L---IGE-----E-G-.E |
| zebrafish | ...E.AR.G.L.C.FPD-.P-...TVSQ...A..AGL.TL---MGE-----E-G-.N |
| fruit fly | ...AQ.A.L.R.IND--P.EIK.VG.-...TGL..L---N---EAG--N |
| <i>C. elegans</i> | T...V.S.DG.L.R.I-G-KPR-...RD..AS.AGMWAL--E.T-...E--VTM. |
| <i>E. coli</i> | MA.NY--.AI--.-DG--D-----L-VV--GQSS--E--P-- |
| rotifer | C---E-----E-FVL-K-PQREGG---GNNI-YKG-D--I--RKFVDSLSDKN-ELM- |
| Pacific oyster | A---.TAINNPGD-Y...-H.-D-.E--KTLLTE.K.-D-KMRA |
| human | AIA--ALAAP-SR...-L...-E-EMV-QAL-KQ.K.SE--RA |
| mouse | AIA--ALAAP-SH...-L...-E-EMV-QAL-K.SE--RA |
| african clawed frog | AV--RVALANP-DQ...-L...-E-ELK-E.L-QECK.SE--RT |
| zebrafish | TVA--MALANP-DQY...-S-E.C-EVL-EK.KNSS--RT |
| fruit fly | A-SY.MALRTP-.R...-V...V--PDAL-KRM--SRV--RS |
| <i>C. elegans</i> | VVAG--AQKHP-.A...-T...-AA-L-HT--.EMV-QML-RE.PE-E--RG |
| <i>E. coli</i> | -V-----P---YC.ARI...ETR..LA-A.GRGE--P.PL-TE----- |
| rotifer | GYILM-KMVDPY---VNQNYV-I-KTGEKSEK--R-KL---ISEL-G-IY-G--YYV--- |
| Pacific oyster | ...E.-IY.WVQ---K..L-...-ID.REVV..I-...-T-I-I--- |
| human | S...E.-IE--EPF-E.CL-L-RP-...-PA.V-V-QC...-F--V---R |
| mouse | S...E.-IE--EPF-R.CL-L-RP-...-PAQV-V-QC...-F--V---R |
| african clawed frog | S...D.-IN--KPL-K.CL-L-RA--G---.VQISEC...-MF--V---R |
| zebrafish | A...D.-IQ---VP...IL-L-RP--A--PLKV--SSCL...-AF--A---R |
| fruit fly | AW...DL-IH---PLTKG.M-V-RP--GDMPPQI-V-DMV...-F-.V-V-I-- |
| <i>C. elegans</i> | AF...E.-LK.MI--I-E..LVLA-...-P--ITFAKAV...-V.-...AFGR |
| <i>E. coli</i> | -W---I---A-RQ---P--T-.K---.K.L.FV.LDI-I--- |
| rotifer | CNG--L-E-MV-EN-Q--L-GGYLLRTK-SFGV-N-E-GGVA-TGFSAL-DS--IY-FV |
| Pacific oyster | --.T-AD--.I..NE--A-.H.M...-YL...-N...-SC-.TP--F-LI |
| human | -QE----KTL.M-.KH-V-.H.....-AIEHAD...-A.V-.V-.NP--P- |
| mouse | -Q----TTL.M-.KH-V-.H.....-A.EHAD...-A.V-.V-.NP--P- |
| african clawed frog | HRD----Q-.IYYD--V-.H.....-AIEHSD...-A.V-.V-.NP--L. |
| zebrafish | -K.S---.L.L-.E-CV-.H.....-SSEHAD...-A.V-.V-.NP--L.L. |
| fruit fly | --.D-A-.HI-.H.Y--A-.HM...-LSTA.-A...-A.LG...P--LI |
| <i>C. elegans</i> | -KD--AP-.L-----K-TA-.H....PE-ST--A-M...-A.-H.VV-.TPFL.E.I |
| <i>E. coli</i> | --.DR.T--I--.-VTSPTCI.-E----IE-A.FP-.SI..M---M.A-----I |

(a)

```
AGTGTCAAAGATCGAATAGGCATCCGAATGATTGAGGAGGCTGAAAGAATGGGTCAAATTAACCTGGTGATTACATTATTGAGCCAACAAGCGGCAATA 100
CAGGAATTGGTCTAGCTTTGACATGTGCAGTAAAGGGCTATAAATGTATTATTGTGATGCCTGAAAAAATGTCAAAGAAAAAATGATGTTTTAAAGC 200
ACTAGGAGCAACCATAATTCGTACTCCTACTAGTGTGCATTTGATGCACCAAATCTCACATAAGCGAGGCACAGCGAATTAAGAACGTTTAAATGCA 300
GAAAATCCTGGATGTGCATTCATTCTGGATCAATACACCAATCCATATAACCCATATGGCTCATTATGATGGAACCGCTGAAGAAATTGTCAATCAGTTAA 400
ATGGAAGTAGATTTAATAATTTAGCAGCTGGTACTGGTGGAACTATTTGTGGCATAGCCCGCAAATTAAGAAAAATGTCCAAATTGCATTGTAGT 500
TGGTGTTGATCCGTTGGATCTTTGCTTGCTTTGCCAAATAGTTAAATGAATTTACGGGATCCGGTTTTTACGAAGTGAAGGAATAGGCTATGATTTT 600
TTGCCTACGGTTCTGGACAGAAAACAGTAGATTACTGGTATAAATCAATTGACAAGGAATCTTTTCTGATGTCACGACAACTGATTAAGAGAGAAGGTA 700
TCTTATGCGGAGGCTCAAGTGGCTCAGCA 730
```

(b)

```
SVKDRIGIRMIEEAERMGQIKPGDYIIIEPTSGNTGIGLALTCAVKGYKCIIVMPEKMSKEKNDVLKALGATIIIRTPTSAAFDAPNSHISEAQRIKERLNA 100
ENPGCAFILDQYTNPNPMAHYDGTAEIIVNQLNGKVDLIISAAGTGGTICGIARKIKEKPCNCIVVGVPVGSLLALPNSLNEFTGSGFYEEVEGIGYDF 200
PALP (Pyridoxal-phosphate dependent enzyme)
LPTVLDRKHVDYWKSIDKESFLMSRQLIKREGILCGSSGSA 242
```

(c)

| | |
|---------------------|---|
| rotifer | ILDQYTNPNPMAHYDGTAEIIVNQLN----GKVDLIISAAGTGGTICGIARKIKEKPCNCIVVGVPVGSLLA |
| pacific oyster |R..S..L..F.....LQACD---D...MNVVG.....LT.....AR....K.I....L..VI. |
| human |R.AS..L....T..D..LQ.CD----..L.MLVASV.....T.....L.....G.RII....E..I.. |
| mouse |R.AS..L....D.....LQ.CD----..L.MLVAS.....T.....L.....G.KII....E..I.. |
| african clawed frog |R.AS..L....S.....LQ.CE----.QL.MLVAG.....T..L...L.....KI....E..I.. |
| zebrafish |R..S..L....T.....LE.CD----..MLVAG.....T.....L.....IKI.A...E..I.. |
| fruit fly | V....R.AG..L.....A..LW..D---N...M.VVS...A...S...G.....QV.S.QI....Y..I.. |
| <i>C. elegans</i> |C..G..L...EE.....LWDMG---DRKIDLVLGAGT.GTITGISRKIHERRPNAI.VGVPNGSIL |
| baker's yeast | LDQYNNMMNPEAHYFGTGR.IQRQLEDLNLFDNLRAVVAG.....S..SKYL..QNDKIQI..A..F..I.. |

図 4-21. センチュウ *cbs-2* 遺伝子のアミノ酸配列（アセッション番号 NP494215）と同一性を示したコンティグの塩基配列と演繹アミノ酸配列。(a) はコンティグの塩基配列を示す。配列の右側は塩基数を示す。(b) は演繹アミノ酸配列を示す。演繹アミノ酸配列の右側は残基数を示す。(c) は演繹アミノ酸配列と同一性を示したマガキ *Crassostrea gigas* の cystathionine beta synthase (EKC27927) および主要な生物の cystathionine beta synthase とのアミノ酸配列の比較を示す。ドットは同一のアミノ酸であることを示し、ハイフンは配列の隙間（ギャップ）の位置を示す。

(a)

```
TAAATGATGAAAAATTGTATGAACGAATGAAATATTTACAAAATGCTGTGGGAGCCGTCCTTCGCCTTTTACTGCTATTGGCAAGCCGTGGTCTCAA 100
AACACTGGCATTTCGCATGCAAGCTCATATGCATAATGGTTTAAAGGTGGCCAAATCTTGTCCGAGAATCCTAGAGTTGAAAAAGTCATCTATCCAGGC 200
TTGGAGTCGCATCCACAGCACGAGCTCTACAAGCGCCAAATGAAAGGCTTTGGCGGAATGATCTCTATTTACATTAGAGGAGGTATCGATGAATCATTTT 300
GATTTCTATCAGCATTGAAGTTGTTCTCCTGTGCAGAGTCTTTGGGTGGATATGAATCTCTGGTGGACATCCAGCCATTATGACTCATGCATCTGTGCC 400
CAAAGATCAAAGAGCAGTTTTAGGAATCGATGACAACCTTTGTGCGAATTCAGTAGGCATTGAAGACGCTGATGACTTAATCGGCATTGAATCAAGCC 500
CTGGAAAAAGCCATACCAAATGTTTAAAGAAAATGTAATGCATTACAAATTTTTAGGATAATTTAGTTTAAATTTGAAAAATTTTTAA 592
```

(b)

```
NDEKLYERMKYLQNAVGAVPSPFDCYLASRGLKTLAIFRMQAAMHNLKVAKSLSENPRVEKVIYPGLESHPQHLYKRMKGFGGMISIIYIRGGIDESFR 100
Cys_Met_Meta_PP (Cys/Met metabolism PLP-dependent enzyme)
FLSALKLFSCAESLGGYESLVEHPAIMTHASVPKQDRAVLGIDDNFVRISVGIEDADDLIGDLNQALEKAIPNV 174
```

(c)

| | |
|---------------------|--|
| rotifer | QN-AVGAVPSPFDCYLAS-RGLKTLAIFRM-QAAMHNLKVAKSLSE-NP-RVEKVIYPGL |
| Western clawed frog | ..-.I.....CN-.....HL..Q.-.FQ.A.A...F.-.AD.-.D..L.... |
| human | ..-SL.....I.....CN-.....HV..EK-.FK..MA..QF.-.S..W-..... |
| mouse | ..-SL.....C-C.....QV..EK-.FK..MA..RF.-.T.-.....V.... |
| <i>C. elegans</i> | ..-L.....F.VN-.....HI..-R..YE.A.A...Y.-.A.D-.I.S.L..A.. |
| rotifer | ESHPQHLY-KRQ-MKGFGGMISIIYIRGGIDESFR-FL-SALKLFSCAESLGGYESLVE- |
| Western clawed frog | P....Y...-T...CT-.VS...TF..K.NLEHA-TT..K.-..V.AL.....A.- |
| human | P.....-V...CT-.CT..VTF..K.TLQHA-EI..KN-....TL.....F...A.L |
| mouse | P.....-A...CS-.CP..V.F..K.ALQHA-KA..KN-....TL.....A.L |
| <i>C. elegans</i> | P.....VHE.-.-T..MS....F.LK.ELQ.-.-A.-....V.TL.....A.L |
| rotifer | HPAIMTHASV-P-K-QDRAVLGIDDNFVRISVGIEDAD-DLIGDLNQAL |
| Western clawed frog |A.-.EE-.-..A.N.S.TLI.L.I.L..VE-.I....D... |
| human |L-.-.N.-.D....S.TLI.L..L..-EE..LE..D... |
| mouse |-E.-.-.T...N.TLI.L..L..-EQ..LE..DR.. |
| <i>C. elegans</i> | ..S.....-AET--.I....T..LI.....L.-..VA..D... |

図 4-22. センチュウ *cgl-2* 遺伝子のアミノ酸配列（アセッション番号 P55216）と同一性を示したコンティグの塩基配列と演繹アミノ酸配列。(a) はコンティグの塩基配列を示す。配列の右側は塩基数を示す。青字は終止コドンの配列を示し、青字は終止コドンの配列を示し、赤字は非翻訳領域またはミスアセンブルを含む配列を示す。(b) は演繹アミノ酸配列を示す。演繹アミノ酸配列の右側は残基数を示す。(c) は演繹アミノ酸配列と同一性を示したニシツメガエル *Xenopus (Silurana) tropicalis* の cystathionase (cystathionine gamma-lyase) (NP989037) および主要な生物の cystathionine gamma-lyase とのアミノ酸配列の比較を示す。ドットは同一のアミノ酸であることを示し、ハイフンは配列の隙間（ギャップ）の位置を示す。

(a)

```
TTTTTCTCCTTTAAATCCAGATCTTCTTGATCAAAAGCATTTTTTCTAAAATAAAATTTTGCTCCAAACAAGCATTTCTTCTTTGAGCTCTTTCATAT 100
TTTCATCTATCTTACTAATTGGTATTA AAAAGTTAAGATTGAATTGTTTGATTGCATGCACCAATAAGATAACAAAAGCACAGAAGGCGCTGTTTTCAAA 200
CGAAGTAAACTGTAGTTCAACTGGTCGAAATTC AACTCGCCATCCAATTTTTTTCATCATTTGCTCTAATTGGAGGAGGCTTAAACCTCATCGATTGCCAA 300
TTAGTTGATTGAATATTCTCGAAAGAGTCCACATCTTGATCATCTTCGCTAACTAATTTTTCTTTAAAAATAGCAATTGGATCTCTGGTAAACAAATGGC 400
TTATATGCTCTGCCAAGCTTTTATCAACACTATTCTCGAGTAATTTCTCATAAAATTCATTTCTTTAGTGAACCAATATCATTATAAAGCTGCCCAGA 500
TTGGCTTAGGTATAAATCAACTGAATCATACCTAGACTTATAAATGCGATATTGACCTTTTTTCAAAGGTATATTTCCAAGCTCTTCATCAGTTCCGGTCA 600
TCCACAGATGCACCTTATAACACTCCAGCGGCAATCTATGTACATAAGTAGCCTCTCCAAATAGGCGACCTGCACTCAATGCTAAAAATATAGGTGTTA 700
ATGGTAAAAGCTGGTCATATAAATGCTTTGCTTCATCTATTGATTGAGCTTGAATGTTGCTTGAAGACATGAACATCCCATTCCAAATCCAGTAGCATC 800
CAATATATATATGGTCTTCTTTAACC AAATATTGATAATTCGAATTGTCAAAACATGGTAAAATTTCCCTTAAATGGGCTCATGATGTTTATATCTTTGAAA 900
ATGGGAATATAAATAGAAACATTTTTTATTTTTCTTTCTCTAATATTCCTAGACAAAGTTCTAAAACGCGGATGACCATTGAATATGATTTCTGTCGGAT 1000
AAAAATATCGATTAGATATTGATCATTTTGACTAGGTTTGTAGGAAGGAAAAGTGAATTCATTACAACCCAAAAGTGGGAAACAAGTAAGAGAAAACAAC 1100
GTGTTCATTTTTTATCGAGCAAGGACTCGATTGTTTTTCTCTCATATCCATATTATCTTCCAAATATTTGAATGCATTTAAATCACATGAGAATGGTTCT 1200
TTTGGTGTGGATTCAACCATGTAGCTTGCATATTCAGGTTGAAAAAAGCTAGTTTGGAGTCTTTAAGCAATTCATAATTTTTTCTGCTTTGAGCAAAA 1300
GTTTAGCTTTTTTCTCATTTGTGGTTAAAGTGTATCAAAGTGAACCTCAATTTTCATCGCCCCATTGAACGGACAATGTGAATATGTTTAAATCGATTGTA 1400
GATTCGGATAAATGTGTTCAATGCTAATTTTCGGACATTCGAAGAATTCCTTTTGGTTTCAATCCAATCAAGTGGTGTGCCACAGCTTAAAGGCCCAT 1500
TNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN 1600
NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNAAAGTTACTTTGAATAGTGGCGAAACAAAGCCAGCCTACGATGCCATCCAAGATGAAACATGGATCAAGAATCTTTTATT 1700
CCAATCGTTCAAAAACGTGGTGTGCCATTATTGCCGCCCGAAAACCTCATCGGCAATGTCTGCTGCTAAGGCCATCTGTGATCATTTAAGAGATTGGT 1800
GGTTCGGAACATCTAGTGATGATTGGGTCTCAATGGGTGTTGTATCAGATGGCTCTTATGGTATTGAAAAAGGCCTTGTGTACAGTTTCCAGTAAGATG 1900
TCAAAATCGAACATGGTCTATTGTTCAAGGCTTAGATATAAACGACTGGGCCAAAGATTTAATGACAAAGACTGCTCAAGAATTAACCTCAAGA 1993
```

(b)

```
EFSGGNGSTTFLLDWNKRILDPVFI LDGIVGWLCFATIQSNFXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXMGLLSCGTPLDWIETKK 100
NSWNVRLGIEQFIRIYNRFKHIHNC PFKWGDEIEFTLIHFNNHNEKKAKLLKAEKII ELLKDSKLAFQPEYASYMVESTPKPEFSCDLNAFKYLEDNM 200
DMRRKTIESLLDKNEHVSLT CFPLLGCNEFTFPSYKPSQNDQISKSIFYPDEIIFNGHPRFRTL SRNIRERKNKNVSIYIPIFKDINIMSPFKEILPCF 300
DNSNYQYLVKEDHIYLDATGFGMGCSCLQATFQAESIDEAKHLYDQLPLPTPIFLALSAGSPIWRGYLCDIDCRWSVISASVDDRDEELGNIPLKKGY 400
```

```
RIYKSRYSVDLYLSQSGQLYNDIEFTKEME FYEKLENSVDKSLAEHISHLFTTRDP IAFKEKLVS EDDQDVSFENIQSTNWQSMRFKPPPIRDNDEK 500
```

GCS (Glutamate-cysteine ligase)

```
IGWRVEFRPVELQFTSFENSAFCA FVILLVHAIKQFNLNFLIPI SKIDENMKRAQR RNACLEQKFYFRKNAFDQEDLDLKEK 582
```

図 4-23. センチュウ *gcs-1* 遺伝子のアミノ酸配列（アセッション番号 Q20117）と同一性を示したコンティグの塩基配列と演繹アミノ酸配列。(a) はコンティグの塩基配列を示す。配列の右側は塩基数を示す。赤字は非翻訳領域またはミスアセンブルを含む配列を示す。(b) は演繹アミノ酸配列を示す。演繹アミノ酸配列の右側は残基数を示す。(c) は演繹アミノ酸配列と同一性を示したイソギンチャクの一種 *Aiptasia pallida* の glutamate-cysteine ligase catalytic subunit (ACC86274) および主要な生物の glutamate-cysteine ligase catalytic subunit とのアミノ酸配列の比較を示す。ドットは同一のアミノ酸であることを示し、ハイフンは配列の隙間（ギャップ）の位置を示す。

(図 4-23 の続き)

(c)

| | |
|---------------------|--|
| rotifer | EDHIYL-D-ATGFGMG-CSC-LQATFQA-ESIDEAKHLYDQL-LPLTPIFLALSAGSPIW |
| mouse | P....M-.-.M.....N.-.-.V....C-..S..RY.....AT-IC..VM....A..FY |
| african clawed frog | P....M-.-.M.....N.-.-.V....C-..S..RY.....AT-IC..MM....AA.FY |
| zebrafish | P....M-.-.M.....N.-.-.V....C-..S..RY.....AT-FC..VM....A..FY |
| fruitfly | P.-VV.L.-.M.....-.C..L....C-N.T..RR.....AP-.C..M...T.A...Y |
| <i>C. elegans</i> | P....M-.H-M.....-.C..V....V-NV...RW.....-T.I...L.....AT..F |
| rotifer | RGY-LCDIDCRWSVISASVDD-RTDEELGNI-PLKKGQYR-IYKSRYSVDLYLS-Q-S- |
| mouse | ...-VS.....G.....-.R..R.-LE...NNRF.-.S.....I.S...-KC-- |
| african clawed frog | ...-VS.....G.....-.K..R.-LE...NSK...-S.....I.S...-KC-- |
| zebrafish | ..F-VS.....G.....-.R..R.-LES..NNKF.-.H.....I.S...-CC- |
| fruitfly | ...-.TES....N...S...-C..E..R.-LA..DQQKF.-.A.....I.S...PE--- |
| <i>C. elegans</i> | ..-K.SNV.S..DI.....-.P..R.-LE...NSKW-V.D.....T.C.IYP-C.V |
| rotifer | GQ-LYNDIEFT-KEMEFY--EKLL-E-NSVDK-SLAEHISHLFTRDPI-AIFKEKLVSE- |
| mouse | .EK-....DL.IDK-.I.E-Q-..E.-G-I.HL-.Q.VA...I...L-TL.E..-I-HL |
| african clawed frog | .EK-....DLIIDK-.I.N-Q-.IT.-G-I.HL-.Q..A...I...L-TL.E..-I-HL |
| zebrafish | .EK-....L.ID.-DI-NKQ-..-DAG-I..L-.Q..A...I...L-SL.Q..-I-HL |
| fruitfly | .AK-...VPL.YD.-KV.-QR.V-.GG-I.HL-.Q.VA...I..TV-SL.S...-HQ |
| <i>C. elegans</i> | .-...PLQYD.-TI.-KQ-.I-D-GNI.E-P..K..A.M.I...-HQV.R.R-I-.Q |
| rotifer | DD--Q-DVDSFENIQSTNWQSMRFKPPPIRDND-EKIGWRVEFRPVELQFTSFENSAF-- |
| mouse | ..ANE--S.H.....T.....-P.S-D-.....M.V.L.D....YVV |
| african clawed frog | ..ANE--S.H.....T.....-P.S-D-.....V.L.D....YVV |
| zebrafish | ..ENE--S.H.....T.....-P.S-.....M.V.L.D....YVV |
| fruitfly | N.-NE-.T.H.....T.....-P.S-S-.....C.A.ISD...A.-IV |
| <i>C. elegans</i> | ..--EKSSEH..T...S..MN.....-PDAP.-.....T.V.L.D...A.YC- |
| rotifer | CAFVILLVHAI-KQFNLFNLFIPISKIDENMKRAQRRNACLEQ--KFYFRK |
| mouse | --.V..TRV.LS-YK.D....L..V....V..K.D.V.-.-GM..... |
| african clawed frog | --.V..TRV.LS-YK.D....L..V....M..K.D.VK--GM..... |
| zebrafish | --.IV..TRV.LS-YK.D....L..V....V..K..V--EGM..... |
| fruitfly | ..V..TRV.LS-YQ....T....V....QT..K.D..R-KE-.W... |
| <i>C. elegans</i> | ..V..TRMMIS-.R.TY.M...MVT.....QKD.V.N.--.L... |

(a)

```
ATTTAAATGGAATGCAACCTATTCGTTTGGTTAGTATGCCGCATATATGGATGATTTACAATGGAGAGATTTACAATTATAAGCAGTTACAGGCAAAATA 100
CAATTCGACTACTTGACAAACTGCGATGGTGAGTCTCTTATCCATTTGTACAACAAAGAGGCATTGATTTTATGTGTAAAAACCTTTATGGAGTTTTT 200
GCTTTTATCTTCTGGATACCAAAGAGAACAAATGTACTGTGGTAGAGACTCGTTTGGAGTCCGCCCTGCTTTCAAACCTTTGACCAGCAATGGAACAT 300
TGGGAATTTGTTCCGAAGCTAAAGGACTGCTCAATCTAAAATTAGTTTCAGGTTCTAAGTTTAAGATTGAGTTTGTGACCCAGGAACCTTCGAAGAGTA 400
TTCAGTTTCATTTAGCCTCAAACAATGAACGAAAAGTAAATTCGAACGAAAATTTAAGTTTCATGATATAACCCATCTACCAGCTTATGATGTAGATGTT 500
AAATTAATGATAGTGTCTGGAAAATATTAGAAATTCCTTGACCAACTCGGTTAAAATGAGGCTCATGTCACAAAGAAGAATGGGCTGTCTGCTATCAG 600
GTGGACTAGATTTCGAGTTTGATTACAGGCTTAATGGTACATGAAGCTCGTAAGGCTGGTATAAACTATCCAATTCAAACATTTTCAATCGGAATGGGTCA 700
TGAAAGTCCAGACATAGTGGCTGCTAGAAGAGTTGCCAAACATTTGAATACTGAGCATCATGAAATTATTTTACTCCACAAGACGCTATAAATTCATT 800
AGAGATGTAATTAAGCCCTTGAGACGTTTGATGTGACCACAATTAGAGCTTCAATTGGAATGTATTTGATAAGCAAATATATTAAAGAAAATACTGATA 900
CTGTAGTTATATTCTC 916
```

(b)

```
LNGMQPIRLVSMPHIWMIIYNGEIYNYKQLQAKYNFDYLTNCDGESLIHLYNKGIDFMCKNLYGVFAFILLDTKENKLYCGRDSFGVRPAFKLLTSNGTL 100
      GATase_7 (Glutamine amidotransferase domain)
GICSEAKGLNLNLKLVSGSKFKIEFVDPGTFEEYSVHLASNNERKVKFERKFKFHDITHLPAYDVDVKLNDVLENIRNSLTNSVKMRLMSQRRMGCLLSG 200
GLDSSLITGLMVHEARKAGINYPIQTFSIGMGHESPDIVAARRVAKHLNTEHHELIIFTPQDAINSIRDVIKALETDFDVTIRASIGMYLISKYIKENTDT 300
      Asn_synthase (Asparagine synthase)
VVIF 304
```

図 4-24. センチュウ *Asparagine synthetase* 遺伝子のアミノ酸配列（アセッション番号 Q21463）と同一性を示したコンティグの塩基配列と演繹アミノ酸配列。(a) はコンティグの塩基配列を示す。配列の右側は塩基数を示す。(b) は演繹アミノ酸配列を示す。演繹アミノ酸配列の右側は残基数を示す。(c) は演繹アミノ酸配列と同一性を示したマガキ *Crassostrea gigas* の *Asparagine synthetase* [glutamine-hydrolyzing] (EKC26133) および主要な生物の *Asparagine synthetase* [glutamine-hydrolyzing] とのアミノ酸配列の比較を示す。ドットは同一のアミノ酸であることを示し、ハイフンは配列の隙間（ギャップ）の位置を示す。

(図 4-24 の続き)

(c)

| | |
|---------------------|--|
| rotifer | GMQPIRLVSMPHIWMIIYNGEIYNYKQLQAKY-NFDYLTNCDGESLIHLYNKGIDFMCKNLYGVFAFILLDTKENKLYCG |
| pacific oyster |M.VFKY....LM.....H.L.EEQF-...TS.A....VI....A...AEYAA.H.D...C.VI...A.RRV.V. |
| human |VKKY.YL.LC.....H.KM.QHF-E.E.Q.KV...IIL...D....EQTICM.D....V....ANK.VFL. |
| mouse |VRKY.YL.LC.....H.A..QRF-E.E.Q..V...IIL...D....EKTICM.D.....ANK.VFL. |
| chicken |VKKF.YL.LC.....F....EQF-G.E.Q.LV...VIL...R...EQTASM.D.....ANR.VFLA |
| green seaturtle |VKKF.YL.LC.....FR...KQF-G.E.Q.LV...VIL...R...EQTASM.D.....ANR.VFL. |
| western clawed frog |L.VKKF.YL.LC.....F...EKNF-G.E.Q.LV...VIL...SEH..EKTAAL.D.....ANR.V.L. |
| baker's yeast | .A...TSSDGEYM-LCV.....HI..REECADYEFGLS.C.PI.PM.L.HD..-AP.Y.D.M..WT.Y.A.QDRIVAA |
| rotifer | RDSFGVRPAFKLLTS-N-GTLGICSEAKGLNLKLVSGSKFKIEFVDPGTFEEYSVHLASNNERKVKFERKFKFHDITHL |
| pacific oyster | ..T....G..SYIE-QK.F.AV.....MP.QQIDNN-VQ.TIFP..HV.T..LD.SG---RATYVNTTR..K.GEP |
| human | ..TY....L..AM.E-D-.F.AV.....VT..HSATPFL.V.PFL..HY.VLDLKPNG---.ASVEMV.Y.HCRDV |
| mouse | ..TY....L..AM.E-D-.F.AV.....VS..HSTTPFL.V.PFL..HY.VLDLKPNG---.ASVEMV.Y.HC.DE |
| chicken | ..TY....L..V..D-D-.F..V.....I...HSTSFP.V.PFL..HY.VLDLKPNG---.VSVEVV...SYKDE |
| green seaturtle | ..TY....L..V..E-D-.F..V.....I...HSMS.CP.V.PFL..HY.VLDLKPNG---.ASVELV...SCKDE |
| western clawed frog | ...Y....L.R...D-D-.F.AV.....ID..HSMT.CP.VDPFP..HY.VFDLKPNG---.TSVEVI...NFRDE |
| baker's yeast | ..PI.ITTLYMGRS.ASPK.VYFA..L.C.-----TDDCDT.TAFP..H--V.DSKTD-----.ITRYFTPDWL.EKRI |
| rotifer | P---AYDVDVKL-----NDSVLENIRNSLTNSVKMRLMSQRRMGCLLSGGLDSSLITGLMVHE-ARKAGINYP----- |
| pacific oyster | .VY-----KT.VNPVD-.D.D.S..VL.DAA.HK.T.AE..I.....VAA.F.RK-.KEI..K.----- |
| human | .LHAL..NVE..FPGFEIET.KN.L.ILFN.A..K...TD..I.....VAATLLKQ-LKE.QVQ.----- |
| mouse | .LHAI..SVE..FPGFDLET.KN.L.ILFD.AI.K...TD..I.....VAASLLKQ-LKE.QVQ.----- |
| chicken | .LHA.C.TVGN.PSGFDLET.KS..VLFE.A.RK...AH..I.....VAAVLLKL-MKEMN.K.----- |
| green seaturtle | .LHA...TMEH.PAGLDLET.KS..LLFE.A.RK...H..I.....VAAML.KL-MKESVS.----- |
| western clawed frog | .LHA...TLD..QPGETDRET.KR..CCLFE.A.RK...AH..I.....VAATLIKL-IKERNMH.----- |
| baker's yeast | .-----STPIDYMAIRHSL---EKA.RK...AEVPY.V.....ASIAAR.T.KATNDVE.STYDSKA |
| rotifer | -----IQTFSIGMGHESPDIVAARRVAKHLNTEHHEIIFTQDAINSIRDVIKALETFDVTTIRAS |
| pacific oyster | -----..EN...LL...K....G....VVM..DEG.E.LKS..FH..SY.I..... |
| human | -----L...A...-ED...LL...K..D.IGS..Y.VL.NSEEG.QALDE..FS...Y.I..V... |
| mouse | -----L...A...-ED...LL...K..NYIGS...VL.NSEEG.QALDE..FS...Y.I..V... |
| chicken | -----L...A...-EN...LL...K..A.IGS...V..NSEEG.QAVEE..FS...Y.I..V... |
| green seaturtle | -----L...A...-ED...LL...K..AYIGS...V..NSEEG.QALEE..FS...Y.I..V... |
| western clawed frog | -----L...AV.T-ED...LL...K..L.IGS....M.D.EEG.QAVDE..FS...Y.I..V... |
| baker's yeast | RHLAGIDDDGKLHTAGWTSLS.A..L-PNA..IQ...K...FIGSI...HT..L.EGLDALD...YH...Y..... |
| rotifer | IGMYLISKYIKENTDTVVIF |
| pacific oyster | VA...L...N.K...R..L |
| human | V.....RK...S.... |
| mouse | V.....RK...S.... |
| chicken |V....RKK..S.... |
| green seaturtle | V...V.RH.SKK..S.... |
| western clawed frog | V.....RKK..S.... |
| baker's yeast | TP.F.L.RK..AQGVKM.L- |

(a)

```
GAGTATTTAAGTGGCGCTTGAAAAACATTGATTGTGAGGATTTTATTGTAGCGAGGATTCTGGTGGGCTAAGCAATTATCTTTACCGATGCGAAGTAA 100
AGAAAGGAAAATTTTCATCAAATAAAGAATGAACCAAGTAAAATTCTATTGAGACTATATGGAGAAAATCATCATAAGCATTTCATCTATATTACTAAAAGA 200
TATAATTGTTTCGGCAATAATGAGTGACCATCTTCTTGGCCCAAACCTGTACGGAATTTTCCGAACGGTCGCCTCGAAGAATATATTAATGCAACTTCA 300
ATGGCTCAAGATGATATGTATGTACCTGAATTGAGTCGTCTTATTGCTAAAGTAATGGCAAGATCCATACTTTAGAGATGCCTTTCATCAAAGAGCCAC 400
AGTGGCTTTTGTATTCAACGGACAAGTATATAAAGCAGACAAATGAAATAAAATTTAGTGACGAAAAGGATGTTAAAATATATGCAAAACTAATGAGTTT 500
CAATCTTGAAAACGAATATAAGCAACTCAAAAAATTTTGAAGACGTTAAATTCGCCAGTTGTTTTTGTGCATAATGATGTTAATGTCGGCAATATCTTG 600
AAGCTAACTGATAAATTAATGGTAATAGATTACGAATACGGAAGCTATAACTTTAGAGGATTTCGATTTTG 670
```

(b)

```
EYLSGAWKNIDCEDFIVARISGGLSNLYRCEVKKGKFHQIKNEPSKILLRLYGENHHKHSSILLKDIIVSAIMSDHLLGPKLYGIFPNRLEEYINATS 100
MAQDDMYVPELSRSIAKVMARFHTLEMPFIKEPQWLFDSTDKYIKQTNEIKFSDEKDVKIYAKLMSFNLENEYKQLKKILKTLNSPVVFCNDVNVGNIL 200
Choline_kinase (Choline/ethanolamine kinase)
KLTDKLMVIDYEYGSYNFRGFDF 223
```

(c)

| | |
|---------------------|---|
| rotifer | EPSKILLRLYG-----ENHHKHSSILLKDIIVSAIMSDHLLGPKLYGIFPNRLEEYINATSMAQDD |
| zebrafish | ..RNV.....EIL-----QGADAMVLESVMF..LAERE.....Q....QFVPSRKLTT,E |
| human | ..R.V.....AILQMRSCNKEGSEQAQK..EFQGAEMVLESVMF..LAERS.....Q....QF.PSRRLDTEE |
| mouse | ..R.V.....AILKMRSCNKEGSEQAQN..EFQGAEMVLESVMF..LAERS.....F....Q....QF.PSRRLDTEE |
| mallard | ..R.V.....AILQMRSCNKGESVQSQK..DLQGAEMVLESVMF..LAERA.....Q.....F.PSRKLSTEE |
| western clawed frog | ..RSV.....AILQM-SCNKGENQETQRQ.FFQGAEMVMESVMF..LAERS.....Q.....F.PSRKLETSE |
| rotifer | MYVPELSRSIAKVMARFHTLEMPFIKEPQWLFDSTDKYIKQTNEIKFSDEKDVKIYAKLMSFNLENEYKQLKKILKTLNS |
| zebrafish | LS..GINAE..EKI....GMR...N...K...GTME..MD.VLQLT.TR.PHLRNF SRIL.Y..PQ.MDN..CL.ESTP. |
| human | LSL.DI.AE..EK..T..GMK...N...K...GTME..L.EVLR...TE.SRI.KLH..L.Y..PL.LEN.RSL.ESTP. |
| mouse | LRL.DI.AE..EK..T..GMK...N...K...GTME..LN.VLRL...R.AR.QQLH..IL.Y..PL.LEN.RSL.QYTR. |
| mallard | LSL.DI.AE..EK.....GMK...N...K...GTME..LN.VLR...TR.SKTRKLN..L.Y..PQ.M.N.RAM.EATP. |
| western clawed frog | LSL.D..AE..EK.....GMN...N...K...GTME..LQ.VLK...TR.SHTRKLN..LAYD.SK.MRS.RCL.EATS. |
| rotifer | PVVFCNDVNVGNILKLT-----DKLMVIDYEYGSYNFRGFDF |
| zebrafish |LQE.....L.NGRENTDRQR..L..F..S...Y....I |
| human |CQE.....L.EGRENSEKQ...L..F..S...Y....I |
| mouse |CQE.....L.EGQENSERR...L..F..S...Y....I |
| mallard |CQE..V.L.EGRENSEKQ...L..F..S...Y....I |
| western clawed frog |CQE.....L.DGRENSEKQ...L..F..S...Y....I |

図 4-25. センチュウ *ckb-2* 遺伝子のアミノ酸配列（アセッション番号 P46559）と同一性を示したコンティグの塩基配列と演繹アミノ酸。(a) はコンティグの塩基配列を示す。配列の右側は塩基数を示す。(b) は演繹アミノ酸配列を示す。演繹アミノ酸配列の右側は残基数を示す。(c) は演繹アミノ酸配列と同一性を示したゼブラフィッシュ *Danio rerio* の choline kinase alpha (NP001038330) および主要な生物の choline kinase alpha とのアミノ酸配列の比較を示す。ドットは同一のアミノ酸であることを示し、ハイフンは配列の隙間（ギャップ）の位置を示す。

(a)

```
CCAGCTATAGCAAAGAAACAAACTAGCAAAGCAACTCTGATATACGGAAGTGAATGGAATGTGTATTAAAAAGCAATGATCAAAATAAGAAATTCAA 100
ATTATTTTATATTTAATTTGAATTTTTTTTATATTGAATAAAGTAAATAACAAATTGCTTTATAAATACAATCATTTTTACAAGAATTAATTAAAAATG 200
ATAAAAACTATTTTCTAAGTTACATTTTAATATTAGGATATTCATGCTCCGAAGCTGAATACAACTGAATTATTTTGATATCAGGGGAAGAGGAGAAT 300
TTATCCGTTTCATTTTGCAGCTTCGAATCAAAATTTTGAAGATAACCGAATTAAAAATAGAAGATTGGCCCACTCTAAAGCCAACATTCCCATTTTCAGCA 400
ATTACCAACTCTTGATGTCCTCAAGGATCTGAAACTATAGTTCTTGCCCACTCGAAAGCAATTGCACGATTTTGGCTGACAGATTGGGTTAAATGGT 500
GAAAATGAAATAGAAAAAGCTTTAATAGACATGTATGGCTGTCAATTAGGGGACTTGTTGATTGCTGACTTTGGGAAAAATCTTACAAAGGAACAGTTAG 600
ATGAAATCTTGACAGAACTTTAGATTTTTTGAAGACAGACTGATTAAAAATGGAACGGTTTTTTGGTTGGTAGTAACTTTCTTGACAGATTGTT 700
TCTTTCCAATTGATGGACTTTTGTAGAAAAACAAAAGATGAATATTTTAAAACTATCCACACGTTAAAGCTCTTGATGAATACGTAAGAGAGCTTCCA 800
GGGATCCAAGAATGGATTAAAAAAGGCCAAATTTTAAAGAGCTAAAAATTAGTTTAGTAAATATTTTGTCTAGTATGTAGCTACAACTAAGCTGGTT 900
AAAGCAGGTGATCAAAACCTTCAGAATTAGAAACCAAGTTGCCCAACTTTGCTCGACTTAGAAGCCACAAGCGATATTAAAGTCCAATTAAGAGAGC 1000
TTCACATCACTGGTGCTCGAGAAGTCGATATCGCAGGTGGCAAGAAAGCTATCATCATGTTTGTTCAGTTCC 1073
```

(b)

```
KMIKTIFLSYILILGYSCSEAEYKLNLYFDIRGRGEFIRFIFAASNQNFEDNRIKIEDWPTLKPTFPFQQLPTLDVRQGSSETIVLAQSKAIARFLADRFGL 100
GST_N (Glutathione S-transferase, N-terminal domain)
NGENEIEKALIDMYGCQLGDLVDSTLGKNLTKEQLDEILHRNFRFFEDRLIKNGNGFLVGSKLSWTDLFLSQLMDFLEKTKDEYFKNYPHVKALDEYVRE 200
GST_C (Glutathione S-transferase, C-terminal domain)
LPGIQEWIKRPNF 214
```

(c)

```
rotifer          YKLNLYFDIRGRGEFIRFIFAASNQNFEDNRIKIEDWPTLKPTFPFQQLPTLDVRQGSSETIVLAQSKAI-----
Brachionus ibericus .....GNNYSYHVFFNI

rotifer          -----ARFLADRFGLNGENEIEKALIDMYGCQLGD
Brachionus ibericus KSTLNL.....
```

図 4-26. センチュウ *gst-30* 遺伝子のアミノ酸配列（アセッション番号 Q23520）と同一性を示したコンティグの塩基配列と演繹アミノ酸配列. (a) はコンティグの塩基配列を示す. 配列の右側は塩基数を示す. 青字は終止コドンの配列を示し, 赤字は非翻訳領域またはミスアセンブルを含む配列を示す. (b) は演繹アミノ酸配列を示す. 演繹アミノ酸配列の右側は残基数を示す. (c) は演繹アミノ酸配列と同一性を示したシオミズツボワムシ *Brachionus ibericus* の glutathione S-transferase family member *gst-38* (ADR79300) とのアミノ酸配列の比較を示す. ドットは同一のアミノ酸であることを示し, ハイフンは配列の隙間 (ギャップ) の位置を示す.

(a)

```
ACCAGATTCAGACATGAAACATTATTAATATCCAAGACATAATAAGAGCACCCACAATTGATCAAATGAAAGATGTTTATATAGTGCATGTTTAAATGG 100
AGACAGATTTGCACAAGTTGCTTAAACACAACTATTAGCAACGAACATGTATGCTATTTTTTGTACCAGATTCTGCGTGGCCTAAAAATATATTCATTC 200
CGCTAACGTACTGCATCGTGATTTGAAACCAAGCAACTTGCTATTGAACACTAACTGTGATTTAAAAATTTGTGATTTTGGATTGGCAAGAATTGCTGAT 300
CCCGAACACGATCATACCGGATTTTGGACTGAATATGTGGCCACTCGCTGGTACAGAGCTCCAGAAATTATGTTAAATTCAAAAGGTTATAACAAATCAA 400
TTGATGTCTGGAGTGTTGGATGCATTTTGGCAGAAATGTTAAACAACAAGCCACTCTTTCCCGGCAAGCACTACTTGGACCAATTGAACCATATTTTGAA 500
TATTATTGGATCGCCTAGCGAAGAAGACCTAAATTCATTCAAACGAAAGAGCTAGAGGCTACTTAATCAATTGCCAAAAAGCCAAAAATTCCTTTT 600
GATAGAATTTTTCCCAATGCTGATCCACAGGCCTTGGACTTGTGGACAAAATGTTGACATTTAATCCCAATAAAAGAATTAATGTAGAAGAAGCTTTGA 700
GTCATCCTTATCTAAGACAATACTATGATCCCGAAGACGAACCTATTTGTGAAAGTCCATTTACTATTGAATTCGAAAAATGATGAATTGCCCAAAGAAGA 800
ACTTAAACGACTTATTTTAAATGAGACTTTAAATATTAACCAACAATAATTTAGCTAATGGAGCTCATTAGAAAAGTCATGTAATGATAGAAATGT 900
GAGATAAGACTTCATTAAAGGCTGTTGAAATTATTTTCTTAAAAAATATAAAAAATAGCTTTTTTAAAAAACTTTTATGCTAAAGTAATATTTCTCGT 1000
GTAGCAAGAATCGTTAACCATTTTCTTAACTATTTTCTAAGACAACAATTTTCGATATTGTTTTAAAAATCTAGCTAACTTTTTTGTCTTTTGAAGCAT 1100
ATTTATTTACTTTTTTCCCTTTAAACCTCCTAATAAGTCAACAAGGCTATTTAAATACGGAAGCTTAGTTGAAATTCGATTATTCAGAATGTTGA 1390
ACGCATTAGAGTTTTTAGTCAATTAATTTTCTTTTAGTCTGTTTTAATATAAAATTTTCATCTAGGATTTTCGATGTTTTTTTTCTGTTTTGATTGTT 1390
TTGACATGCTTTTTTGAGAATGTGAGCAAGAATTAGTCATTATTCATTAATTATTTTGTATTTCAAACATAAAACATTGATTAAAA 1390
```

(b)

```
TRFRHENIINIQDIIRAPTIDQMKDVYIVQCLMETDLHKLLKTQTISNEHVCYFLYQILRGLKYIHSANVLHRDLKPSNLLNTNCDLKICDFGLARIAD 100
Pkinase (Protein kinase domain)
PEHDHTGFLTEYVATRWYRAPEIMLSKGYNKSIDVWSVGCILAEMLNKPLFPKGHYLDQLNHLINIIIGSPSEEDLNCIQNERARGYLINLPKKPKIPF 200
DRIFPNADPQALDLDKMLTFNPNKRINVEEALSHPYLRQYYDPEDEPICESPFTTIEFENDELKPEELKRLIFNETLNKNTNNNLANGAH 291
```

(c)

| | |
|---------------------------|---|
| rotifer | TRFRHENIINIQDIIRAPTIDQMKDVYIVQCLMETDLHKLLKTQTISNEHVCYFLYQILRGLKYIHSANVLHRDLKPSNLL |
| <i>Tegillarca granosa</i> | ..K.....L..Q..EE.....MY.....KL..D..... |
| human |G.N.....E.....D.....Y.....HL..D.I..... |
| mouse |G.N.....E.....D.....Y.....HL..D.I..... |
| african clawed frog | ..K....G.N.....E.....D.....Y.....HL..D.I..... |
| zebrafish | ..K....G.N....T.....D.....Y.....HL..D.I..... |
| rotifer | LNTNCDLKICDFGLARIADPEHDHTGFLTEYVATRWYRAPEIMLSKGYNKSIDVWSVGCILAEMLNKPLFPKGHYLDQ |
| <i>Tegillarca granosa</i> | ...T.....V...D.....T.....S.R..... |
| human | ...T.....V...D.....T...I.....S.R.I..... |
| mouse | ...T.....V...D.....T...I.....S.R.I..... |
| african clawed frog | ...T.....V...D.....T...I.....S.R.I..... |
| zebrafish | ...T.....V...D.....T...I.....S.R.I..... |
| rotifer | LNLHILNIIIGSPSEEDLNCIQNERARGYLINLPKKPKIPFDRIFPNADPQALDLDKMLTFNPNKRINVEEALSHPYLRQY |
| <i>Tegillarca granosa</i> |AVL....QD....L.DK....IQS..F...V.WN.L..GV..K.....E.....HQ....QS.....E.. |
| human |G.L....Q....I.LK..N..LS..H.N.V.WN.L....SK.....H...E..Q..A...E.. |
| mouse |G.L....Q....I.LK..N..LS..H.N.V.WN.L....SK.....H...E..Q..A...E.. |
| african clawed frog |G.L....Q....I.LK..N..LS..H.N.V.WN.L....K.....H...E..A..A...E.. |
| zebrafish |G.L....Q....I.IK..N..LS..LRS.V.WN.L....K.....H...E....A...E.. |
| rotifer | YDPEDEPICESPFTTIEFENDELKPEELKRLIFNET |
| <i>Tegillarca granosa</i> | ...A...VA.E...F.M.L.D....R..E...Q.. |
| human | ...S...A.A..KFDM.L.D...K..E...E.. |
| mouse | ...S...A.A..KFDM.L.D...K..E...E.. |
| african clawed frog | ...S...VA.A..KF.M.L.D...T..E...E.. |
| zebrafish | ...T...VA.A..KFDM.L.D...T..E...E.. |

図 4-27. センチュウ *mpk-1* 遺伝子のアミノ酸配列（アセッション番号 P39745）と同一性を示したコンティグの塩基配列と演繹アミノ酸配列。(a) はコンティグの塩基配列を示す。配列の右側は塩基数を示す。青字は終止コドンの配列を示し、赤字は非翻訳領域またはミスアセンブルを含む配列を示す。(b) は演繹アミノ酸配列を示す。演繹アミノ酸配列の右側は残基数を示す。(c) は演繹アミノ酸配列と同一性を示したハイガイ *Tegillarca granosa* の ERK2 (AFP57674) および主要な生物の ERK2 とのアミノ酸配列の比較を示す。ドットは同一のアミノ酸であることを示し、ハイフンは配列の隙間（ギャップ）の位置を示す。

(a)

```
TATGATGCAGGGCTCGGGCAACTCAAGCTCGCTGCATCGCTATCCGCAAGACACGCCGCCGCCGCCGAGCTCCCAGCACATTGTGTCGTCCGGATCG 100
ACCGCCTCGACGAACGCGTCTTCGGCCTCGTTCGTCGACCAGCAATGACAAATCGCTTACGCCGGCGACCCTCCGTACAGGCGCAATATGGCCCATGCCA 200
AGCCACCCTACTCCTACATAAGCCTAATTACCATGGCCATACAGAACAATGCGTCCAAAATGTGCACTCTAGCCGAGATTATCAATTCATTATGGACTT 300
GTTTCCGTACTATAGACAAAACCAGCAGCGATGGCAAAATTCGATTAGACACTCGTTGAGTTTCAATGACTGCTTTGTGAAGGTGCCGCGCAGTCCCGAT 400
CGTCCCGGCAAAGGCAGCTATTGGACGCTGCATCCCGAGTCGGGCAATATGTTTCGAGAATGGCTGCTATTGCGCCGTCAAAGCGCTTCAATGCGCCA 500
AAAAGGACTCGATTTCGGGGCTCGCGCGGTCTCGACGGCGAGTCCGATC 548
```

(b)

```
MMQSGNSSSLHRYPDTPPPQSSQHIVSSGSTASTNASSASSSTSNDKSLTPATTPYRRNMAHAKPPYSYISLITMAIQNNASKMCTLAEIYQFIMDL 100
FPYYRQNQQRWQNSIRHSLSFNDCFVKVPRSPDRPGKGSYWTLHPESGNMFENGCYLRRQKRFKCAKKDSIRGSRGLDGESD 182
Fork_head (Fork head domain)
```

(c)

| | |
|------------------------------|--|
| rotifer | YRRNMAHAKPPYSYISLITMAIQNNASKMCTLAEIYQFIMDLFPYYRQNQQRWQNSIRHSLSFNDCFVKVPRSPDRPGKG |
| <i>Themiste lageniformis</i> | ...SYT.....QSP.....S.....F.....T..... |
| human | FK.SYP.....QAP...L..S...W.....A...K... |
| mouse | FK.SYP.....QAP...L..S...W.....A...K... |
| mallard | FK.SYP.....QSPN..L..S...W.....F.....A...K... |
| african clawed frog | F..SYP.....QAP...L..S...W.....A...K... |
| zebrafish | F..SYP.....QAP...L..S...W.....S...K... |
| rotifer | SYWTLHPESGNMFENGCYLRRQKRFKCAK |
| <i>Themiste lageniformis</i> |DA.....L. |
| human |D.....E. |
| mouse |D.....E. |
| mallard |D.....E. |
| african clawed frog |D.....E. |
| zebrafish |D.....D. |

図 4-28. センチュウ *pha-4* 遺伝子のアミノ酸配列（アセッション番号 Q17381）と同一性を示したコンティグの塩基配列と演繹アミノ酸配列。(a) はコンティグの塩基配列を示す。配列の右側は塩基数を示す。(b) は演繹アミノ酸配列を示す。演繹アミノ酸配列の右側は残基数を示す。(c) は演繹アミノ酸配列と同一性を示したエダホシムシ属の一種 *Themiste lageniformis* の forkhead box A (ADC35038) および主要な生物の forkhead box A とのアミノ酸配列の比較を示す。ドットは同一のアミノ酸であることを示し、ハイフンは配列の隙間（ギャップ）の位置を示す。

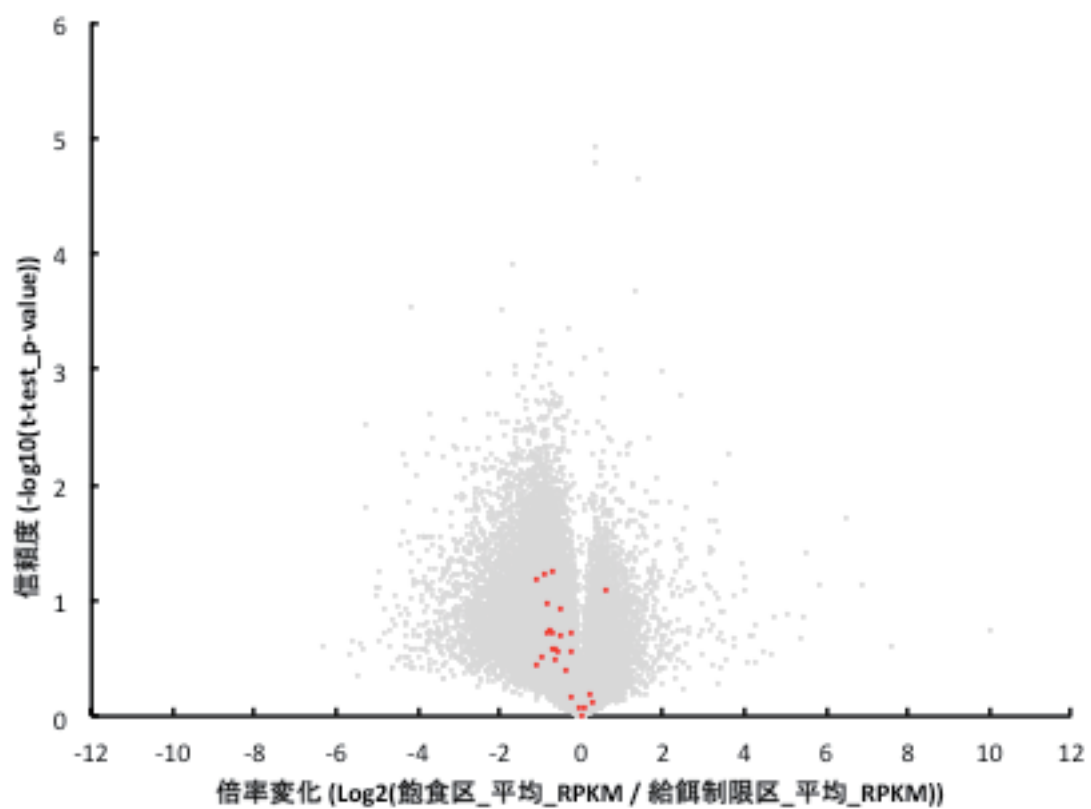


図4-29. センチュウ *C. elegans* の配列と同一性を示したコンティグのボルケーノプロット上での位置. プロットはコンティグを示す. 赤プロットはセンチュウの配列と同一性を示したコンティグを示す.

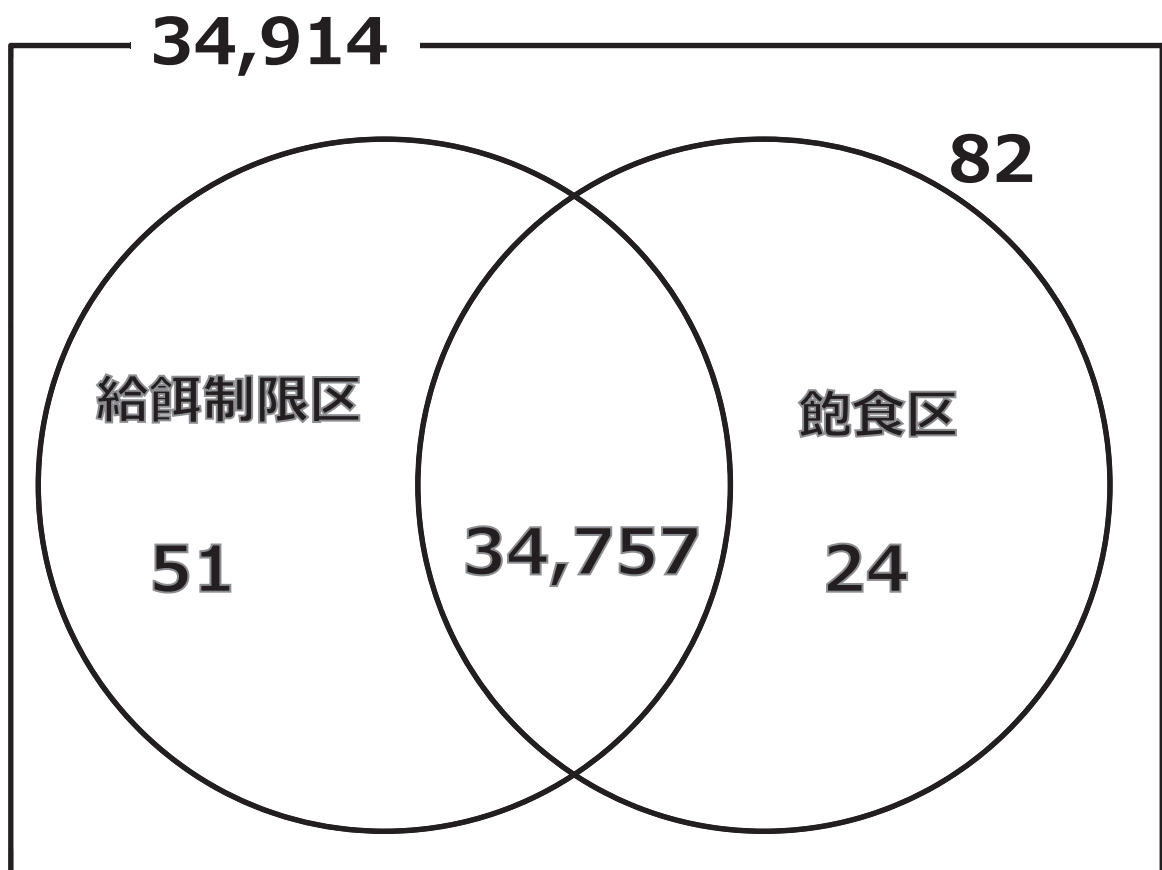


図 4-30. マッピングの結果. 34,914 コンティグの内, 両区にマッピングされた 34,757 コンティグについて発現解析を行った.

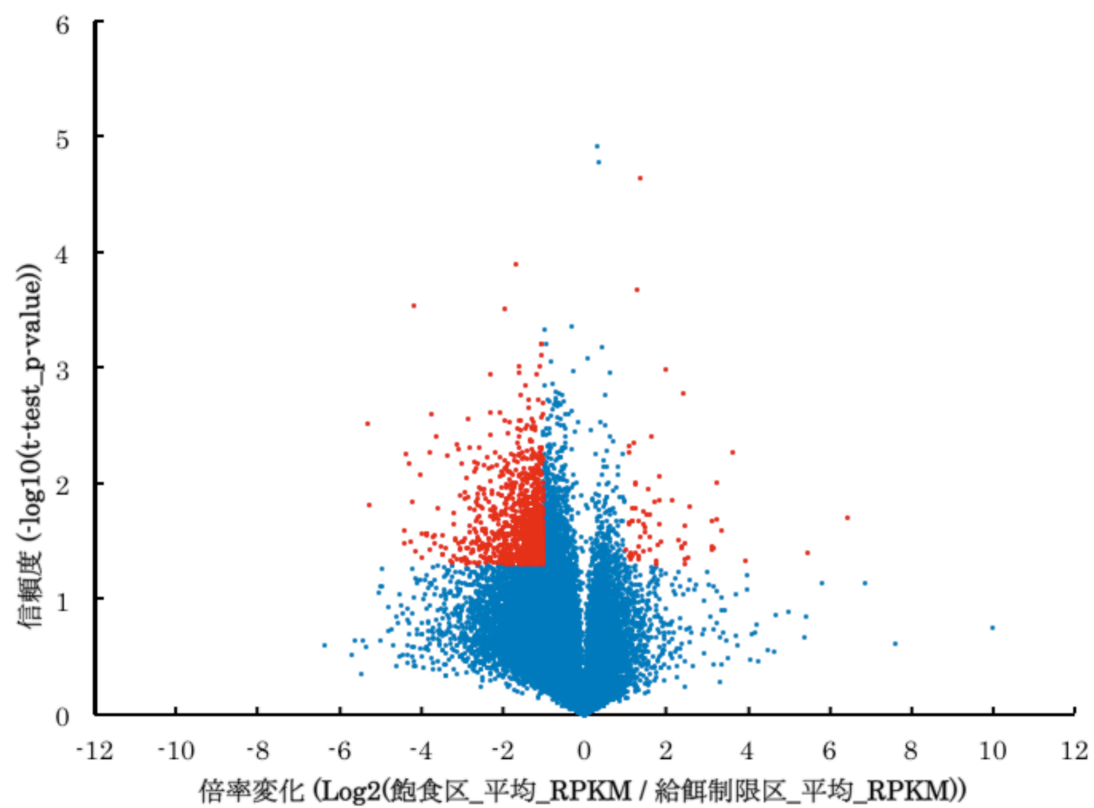


図 4-31. ボルケーノプロットによるコンティグの倍率変化と信頼度の関係。プロットはコンティグを示す。赤プロットは有意な発現量の変化を示したコンティグを示す。

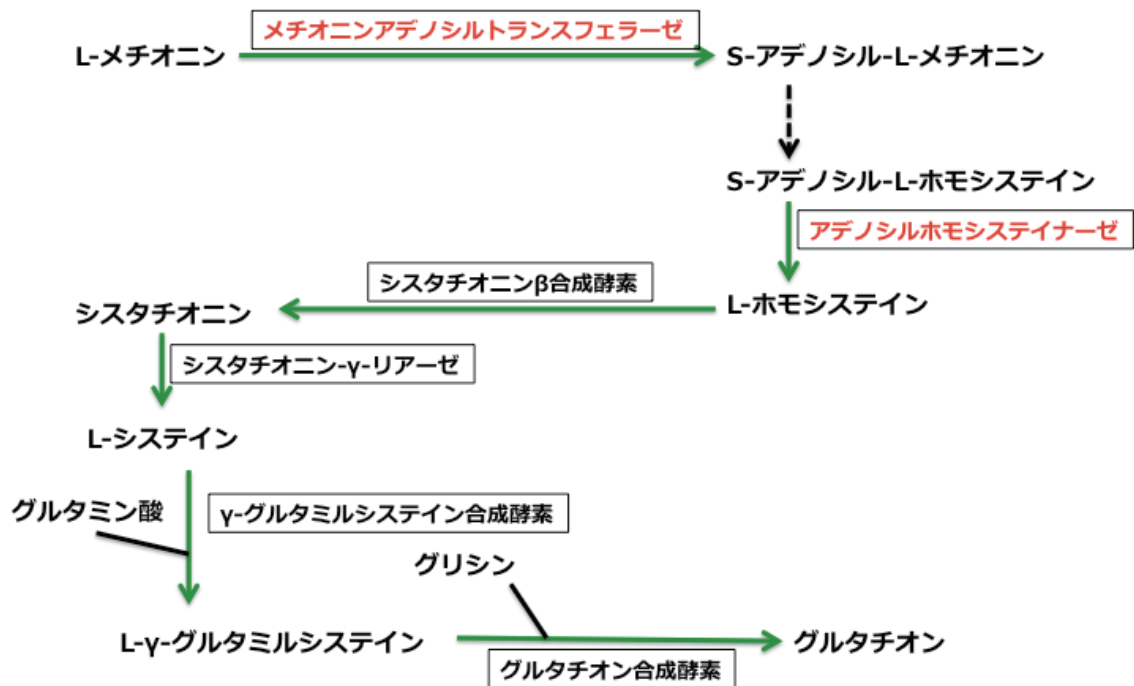


図 4-32. グルタチオンの合成経路. Kyoto encyclopedia of genes and genomes (KEGG) に登録されているセンチュウ *Caenorhabditis elegans* の経路を改変した. 赤字の酵素は飽食区で発現量が増加したものを示す.

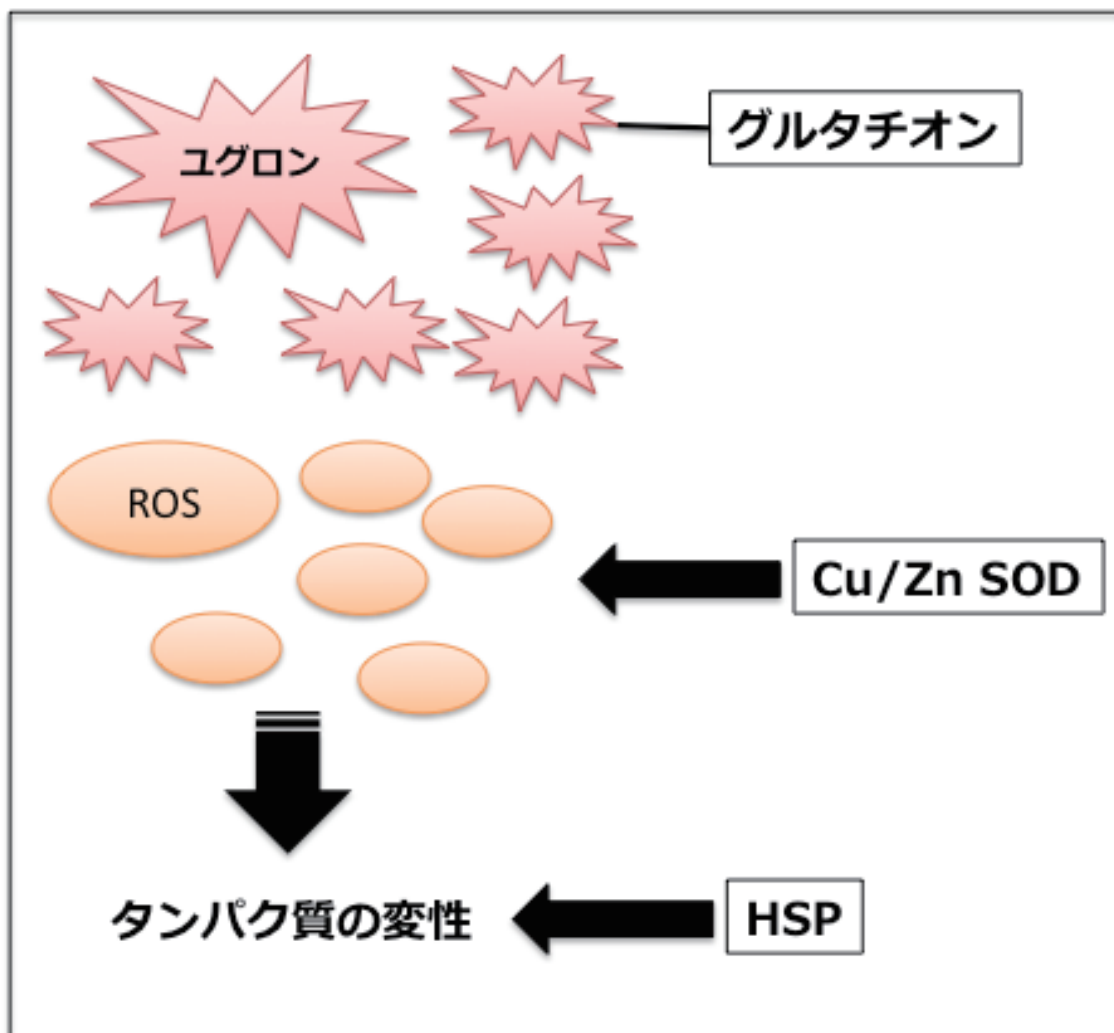


図 4-33. ユグロンに対する応答機構.

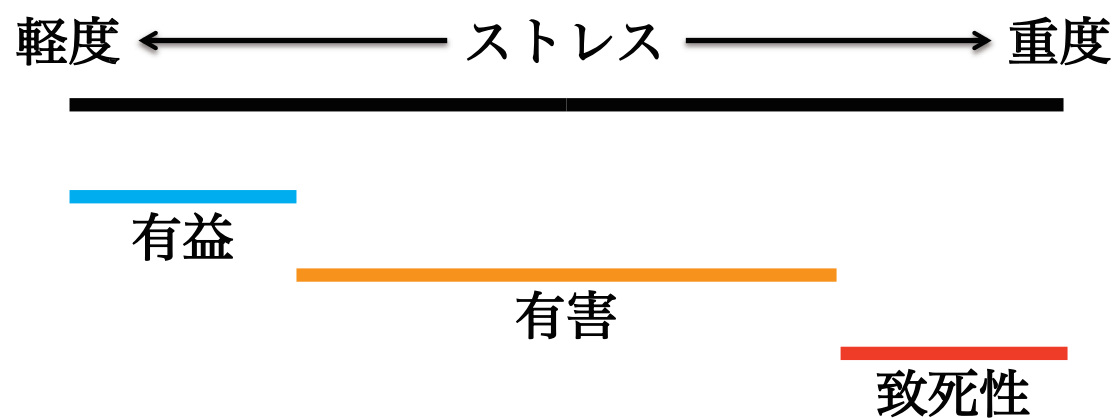


図 5-1. ストレスの度合と生物への影響. ストレスの度合いにより生物が受ける影響は異なる. 軽度なストレスはホルミシスを誘導し, 生物にとって有益な効果をもたらす. 重度なストレスは生物に対して致死性を持つ.

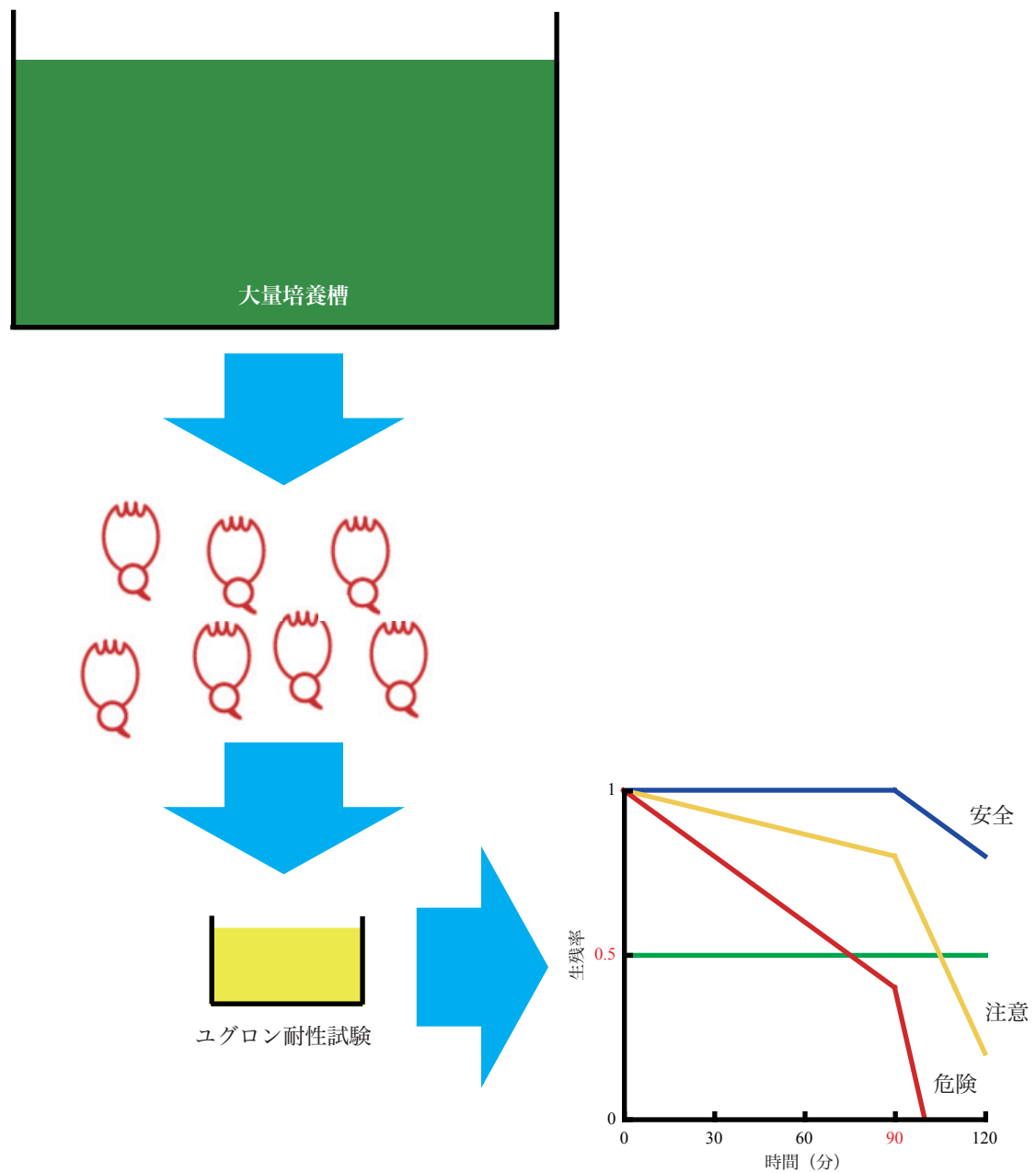


図 5-2. 大量培養の現場でのユグロン耐性を指標とした予知法の方法案. 大量培養槽から 1 個の単性生殖卵を携卵した個体を 20 個体集め, ユグロン耐性試験を行う. 90 分後および 120 分後の生存率から個体群の生理状態を判断する.