

大問3 [プレゼン・資料に対する論述問題] 解説

クマムシの生態

問題1

クマムシ種の乾燥耐性の程度はその種の生息環境と密接な関係がある。次のクマムシ種（A-D）の生息環境として可能性があるものを写真1-6からそれぞれすべて選べ。

A種：高い乾燥耐性を示す

B種：中程度の乾燥耐性を示す

C種：低い乾燥耐性を示す

D種：乾燥耐性が無い

写真1



写真4

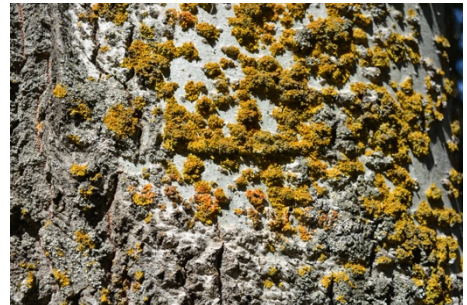


写真2



写真5



写真3



写真6



写真1: 砂漠の砂中 / 年間降雨量 100 mm / 生物なし

写真2: 海底 / 水深5メートル / フジツボ、藻類、微小動物

写真3: 陸地のアスファルト表面 / 年間降雨量 600 mm / コケ類、藻類、微小動物

写真4: 陸地の岩石表面 / 年間降雨量 1000 mm / コケ類、藻類、微小動物

写真5: 沼地の水底 / 水深30 cm / 落ち葉の堆積物、藻類、微小動物

写真6: 森林の土中 / 深度10 cm / 落ち葉の堆積物、藻類、微小動物

解説

A種：高い乾燥耐性を示す

乾燥した生息環境である写真1、写真3、写真4が候補となるが、餌を食べないとクマムシは生息できないので、生物のいない写真1は除外される。よって答えは写真3、写真4となる。

B種：中程度の乾燥耐性を示す

写真1や写真3よりは乾燥の程度が低い環境である写真6が適切である。

C種：低い乾燥耐性を示す

乾燥耐性が全くないわけではないため、稀に乾燥する沼地環境（写真5）が最も適切な生息環境として予想される。

D種：乾燥耐性が無い

乾燥状態になることがない環境での生息が予想されるため、写真2が適切である。

クマムシの中には、乾燥の他に、凍結や熱ショック、さらに高線量の放射線照射に耐性を示すものもある。以下に、それぞれのクマムシ種における各ストレスへの耐性の度合いを示す。

	生息地の 気候区分	生息環境	乾燥耐性	熱ショック耐性	凍結耐性	放射線耐性
E 種	寒帯	沼地の水底	無し	無し	低い	無し
F 種	寒帯	陸地の岩場	高い	高い	高い	高い
G 種	寒帯	陸地の土壌	低い	低い	高い	低い
H 種	温帯	沼地の水底	無し	無し	無し	無し
I 種	温帯	陸地の岩場	高い	高い	高い	高い
J 種	温帯	陸地の土壌	低い	低い	低い	低い
K 種	熱帯	沼地の水底	無し	低い	無し	無し
L 種	熱帯	陸地の岩場	高い	高い	高い	高い
M 種	熱帯	陸地の土壌	低い	無し	低い	低い

問題2

それぞれのクマムシ種における各ストレスに対する耐性の度合いから、クマムシにおける耐性について読み取れることを環境適応や進化の観点から論述せよ。

解説

生息地の気候区分に限らず、厳しい乾燥（岩場）に生息するクマムシ種ほど乾燥耐性、熱ショック耐性、凍結耐性、放射線耐性が向上している。このことから、クマムシでは乾燥耐性の獲得がそのほかのストレス耐性の向上に貢献することがうかがえる。また凍結耐性については、乾燥に加えて寒冷な気候への適応で向上することがわかる。ポイントとしては、気候関係なく乾燥が鍵・乾燥が他の耐性を上げる点と、凍結は気候に関係している点である。

クマムシゲノムの議論

2015年、ナショナルジオグラフィックのニュースはとある科学論文Aに基づき、「クマムシには全体の17.5%にも相当する大量の外来DNAが含まれている」「さまざまな生物のDNAをミックス」とクマムシが衝撃のDNA構成を持っていることを報じた。つまりクマムシは様々な生物から大量の水平伝播によって遺伝情報を獲得し、驚異の耐性機構を獲得したのではないかという仮説である。

このニュースが参考にした科学論文Aの内容が以下であったと仮定する。

- ・ クマムシN種の体細胞数は1,000程度で、ゲノムサイズは200 Mbpと推定されている。
- ・ クマムシは苔ごと野外から採集された。
- ・ 採集した日に苔へ光を当てて負の走光性を利用してクマムシをビーカーに回収した。
- ・ ビーカー底に溜まったクマムシからそのままゲノムDNAを抽出した。
- ・ 約11 μg のゲノムDNAをシーケンスに用いた。
- ・ 水平伝播と考えられた外来DNAの9割は細菌の全長ゲノム配列や植物、カビ、ウイルスなどのゲノム断片配列に由来していた。
- ・ 一般的な動物の水平伝播は2%程度であり、また他種クマムシゲノムのシーケンス情報はない。

bp：塩基対

単位：Mbp = 1×10^6 塩基対、 $\mu\text{g} = 1 \times 10^{-6}\text{g}$

問題3 (1)

科学論文Aの内容を踏まえ、「全てのクマムシが大量の水平伝播によって耐性能力を獲得した」という主張が成り立つかどうか、

- ・ シーケンスに用いられたクマムシの個体数
- ・ 実験手法
- ・ 水平伝播の特徴

を踏まえながら論理的に記述せよ。

なおアボガドロ定数は 6.0×10^{23} とし、1塩基対の平均分子量は660とする。

解説

(クマムシの個体数)

6.0×10^{23} bp (塩基対)が660 gであるので、シーケンスに用いた11 μg のゲノムDNA量は

$$6.0 \times 10^{23} \text{ bp} \times (11\mu\text{g}/660\text{g}) =$$

$$6.0 \times 10^{23} \text{ bp} \times (11\mu\text{g}/660000000\mu\text{g}) =$$

$$6.0 \times 10^{16} \text{ bp} \times (1\mu\text{g}/6\mu\text{g}) = 1.0 \times 10^{16} \text{ bp}$$

より 1.0×10^{16} bpとなる。

クマムシのゲノムサイズは200 Mbpなので、

$$1.0 \times 10^{16} \text{ bp} \div 200 \text{ Mbp/細胞} (2.0 \times 10^8 \text{ bp/細胞}) = 50,000,000 \text{ 細胞}$$

となり、シーケンスには50,000,000 細胞用いたことになる。

さらにクマムシの細胞数が1,000個であることから、

$$50,000,000 \div 1,000 = 50,000$$

50,000個体のクマムシを用いたことになる。

(実験手法)

野外からサンプリングして来たクマムシ複数個体からゲノムDNAをそのまま抽出していることから、環境中の余計なDNAが付着している可能性がある。

(水平伝播)

バクテリア全長配列がまるごと水平伝播することはない。

以上より、水平伝播と結論づけるのは困難である。

問題3 (2)

別の研究グループが別の手法でクマムシN種のゲノムをシーケンスしたところ、科学論文Aで水平伝播と報告されている以下の配列が検出されなかった。以下の配列情報をもとに、この研究グループがどのような論拠で水平伝播を否定したのか、改良した実験手法を具体的に類推しながら記述せよ。

解説

配列1のBLAST検索

U.S. National Library of Medicine
National Center for Biotechnology Information

BLAST® » blastn suite » results for RID-M6S1KW4W01R

Job Title: Nucleotide Sequence
RID: M6S1KW4W01R
Program: BLASTN
Database: nt
Query ID: lclQuery_189127
Description: None
Molecule type: dna
Query Length: 936

Filter Results
Organism: only top 20 will appear
Percent Identity: [] to []
E value: [] to []
Query Coverage: [] to []

Sequences producing significant alignments

Description	Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E value	Per. Ident	Acc. Len	Accession
Thermosinus carboxydivorans strain Nor1 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	Thermosinus carboxydivorans...	1722	1722	100%	0.0	100.00%	936	AY519200.1
Thermosinus carboxydivorans DSM 14886 16S ribosomal RNA, partial sequence	Thermosinus carboxydivorans	1679	1679	99%	0.0	99.25%	1548	NR_117169.1
Thermosinus carboxydivorans strain DSM 14886 16S ribosomal RNA, partial sequence	Thermosinus carboxydivorans	1679	1679	99%	0.0	99.25%	1547	NR_117166.1
Uncultured Thermosinus sp. clone EMTBocatB-8 16S ribosomal RNA gene, partial sequence	uncultured Thermosinus sp.	1668	1668	99%	0.0	99.03%	1538	KM819477.1

NCBI Taxonomy browser (Thermosinus carboxydivorans Nor1)

Search for: []
Display: 3 levels using filter: none

Thermosinus carboxydivorans Nor1
Taxonomy ID: 401526 (for references in articles please use NCBI:taxid:401526)
current name: Thermosinus carboxydivorans Nor1
NCBI BLAST name: firmicutes
Rank: strain
Genetic code: Translation table 11 (Bacterial, Archaeal and Plant Plastid)

Entrez records

Database name	Direct links	Links from type
Nucleotide	104	101
Protein	5,461	-
Structure	3	-
Genome	1	-
PubMed Central	5	-
SRA Experiments	10	-
Identical Protein Groups	3,277	-
Bio Project	2	-
Bio Sample	2	-
Assembly	1	1

Thermosinus carboxydivorans Nor1というバクテリアにトップヒットする。

配列2のBLAST検索

NIH U.S. National Library of Medicine
National Center for Biotechnology Information

BLAST® » blastn suite » results for RID-M6S4E8CR01R

Home Recent Results Saved Strategies Help

< Edit Search

Save Search

Search Summary ▾

How to read this report? BLAST Help Videos Back to Traditional Results Page

Job Title
Nucleotide Sequence

RID
M6S4E8CR01R Search expires on 09-17 23:19 pm Download All ▾

Program
BLASTN Citation ▾

Database
nt See details ▾

Query ID
lclQuery_203751

Description
None

Molecule type
dna

Query Length
1514

Other reports
Distance tree of results MSA viewer ⓘ

Filter Results

Organism only top 20 will appear ☐ exclude

Type common name, binomial, taxid or group name

+ Add organism

Percent Identity E value Query Coverage

to

to

to

Filter Reset

Descriptions

Graphic Summary

Alignments

Taxonomy

Sequences producing significant alignments

Download ▾ New Select columns ▾ Show 100 ▾ ⓘ

☒ select all 100 sequences selected

GenBank Graphics Distance tree of results New MSA Viewer

Description	Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E value	Per. Ident	Acc. Len	Accession
☒ Chitinophaga pinensis DSM 2588.16S ribosomal RNA, partial sequence	Chitinophaga pinensis DSM 2588	2796	2796	100%	0.0	100.00%	1514	NR_074566.1
☒ Chitinophaga pinensis DSM 2588, complete genome	Chitinophaga pinensis DSM 2588	2796	16681	100%	0.0	100.00%	9127347	CP001699.1
☒ Chitinophaga sp. strain B61.16S ribosomal RNA gene, partial sequence	Chitinophaga sp.	2702	2702	100%	0.0	98.88%	1526	MZ613314.1

NCBI Taxonomy Browser

Search for [] as complete name [] lock Go Clear

Display 3 levels using filter: none

Chitinophaga pinensis DSM 2588

Taxonomy ID: 485918 (for references in articles please use NCBIT:taxid485918)

current name

Chitinophaga pinensis DSM 2588

equivalent: Chitinophaga pinensis str. DSM 2588

NCBI BLAST name: CFB group bacteria

Rank: strain

Genetic code: Translation table 11 (Bacterial, Archaeal and Plant Plastid)

Other names:

heterotypic synonym

Chitinophaga pinensis ACM 2034

Entrez records

Database name	Direct links	Links from type
Nucleotide	10	7
Protein	7,438	-
Structure	8	-
Genome	1	-
PubMed Central	3	-
Gene	7,400	-
SRA Experiments	2	-
Identical Protein Groups	7,191	-
Bio Project	1	-
Bio Sample	2	1
Bio Systems	187	-
Assembly	1	-
Taxonomy	1	-

Lineage (full)

cellular organisms; Bacteria; FCB group; Bacteroidetes; Chlorobi group; Bacteroidetes; Chitinophagia; Chitinophagales; Chitinophagaceae; Chitinophaga; Chitinophaga pinensis

Chitinophaga pinensis DSM 2588というバクテリアにトップヒットする。

今回の実験手法で検出されなかった水平伝播由来とされていた配列はどちらもバクテリア由来のものであった。このことから、科学論文Aではバクテリアが混ざってしまっていただけで、水平伝播ではなかった可能性が考えられる。バクテリアを除去するためには、クマムシの洗浄、顕微鏡観察、抗生物質での除去などの方法が想定される。

配列 1 (補足資料1) :

TGGAACACACCTTCGACGGTTGGCTCCTTGCGGTTACCCACCGGCTTCGGGTGCTCTCGACTCTCGTGG
TGTGACGGGCGGTGTGTACAAGGCCCGGGAACGTATTCACCGCAGCATGCTGATCTGCGATTACTAGCGA
TTCCGACTTCACGCAGGCGAGTTGCAGCCTGCGATCCGAACTGAGAGCTTGTTTTTGGGGTTTCGCTCTGC
CTCGCGGCTTCGCATGCCCTCTATTTAAGCCCATTGTAGTACGTGTGTAGCCCAGGACATAAGGGGCATG
ATGACTTGACGTCATCCCCACCTTCTCCGCATTGTCTGCGGCAGTCTCCCTTGAGTCCCCACCATAACG
TGCTGGCAACAAGGGATAAGGGTTGCGCTCGTTGCGGGACTTAACCCAACATCTCACGACACGAGCTGAC
GACAGCCATGCACCACCTGTCTTCGGGTCTTGCCCTAAGGCAAGACGCGACTATCTCTAGCCGCTTCCCT
CGATGTCAAGCCCTGGTAAGGTTCTTCGCGTTGSGTCGAATTAAACRCATACTCCACCGCTTGTGCGGG
CCCCCGTCAATTCTTTGAGTTTCAGCCTTGCGGGCGTACTCCCCAGGCGGGGTACTTATTGCGTTAACT
CCGGCACAGAAGGATTGGTTACCTCCACACCTAGTACCCATCGTTTACGGCCAGGACTACCGGGGTATC
TAATCCCGTTCGCTCCCTTGCTTTCGCGCCTCAGCGTCAGACACAGTCCAAAAAGCCGCTTCGCCACT
GGTGTTCCTCCCGATATCTACGCATTTACCGCTACACCGGGAATTCCACTTTCCTCTCCTGCACTCAAG
AACGTCAGTTTCCATCCCATACAGGGTTGAGCCAGGCCTTTAAAGATGGACTTGACGTCCCGCCTACG
CGCGCTTCGCGCCCAATAATTCCGGG

配列 2 (補足資料2) :

AGAGTTTGATCCTGGCTCAGGATGAACGCTAGCGGCAGGCCTAATACATGCAAGTCGAGGGGCAGCGCAG
GTAGCAATACTGGGCGGCGACCGGCAACGGGTGCGGAACACGTACGTAACCTTCCCTCTAAATGGAGCAT
AGCCCGAAGAAATTCGGATTAATACTCCATAAGATTGTGGAGTGGCATCACTCAGCAATTAAAGAAATTC
GTTTAGAGATGGGCGTGCGGCTGATTAGGTAGTTGGTGAGGTAACGGCTCACCAAGCCGACGATCAGTAA
CTGGCGTGAGAGCGCGACCAGTCACACGGGCACTGAGACACGGGCCCCGACTCCTACGGGAGGACGAGTA
AGGAATATTGGTCAATGGACGCAAGTCTGAACCAGCCATGCCGCGTGAAGGATGAAGGTCCCTCTGGATTG
TAAACTTCTTTTATGTGGGAAGAAACCACTCCTTTCTAGGGGTGTTGACGGTACCATAGGAATAAGCACC
GGCTAACTCCGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGGAGGGTGCAAGCGTTATCCGGATTCACTGGGTTTAAA
GGGTGCGTAGGCGGGTCAGTAAGTCCGTGGTGAAATCTCCAAGCTTAACTTGGAAGCTGCCGTGGATACT
ATTGACCTTGAATGTTGTGGAGGTTAGCGGAATATGTCATGTAGCGGTGAAATGCTTAGATATGACATAG
AACACCAATTGCGAAGGCAGCTGGCTACACAAATATTGACGCTGAGGCACGAAAGCGTGGGGATCAAACA
GGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCCCTAAACGATGATTACTCGACATTTGCGATATACAGTAAGTGTC
TGAGCGAAAGCATTAAGTAATCCACCTGGGAAGTACGACCGCAAGGTTGAAACTCAAAGGAATTGACGGG
GGTCCGCACAAGCGGTGGAGCATGTGGTTTAAATTCGATGATACGCGAGGAACCTTACCTGGGCTAGAATG
CTGGTGGCCCCGATCCTGAAAAGGGATCTTTGTAGCAATACACCGCCAGTAAGGTGCTGCATGGCTGTCTC
AGCTCGTGCCGTGAGGTGTTGGGTTAAGTCCCGCAACGAGCGCAACCCCTATCTTTAGTTGCCAACAGGT
TAAGCTGGGAACCTCTAAAGAACTGCCGTCTGTAAGACGCGAGGAAGGAGGGGATGATGTCAAGTCATCAT
GGCCTTTATGCCAGGGCTACACACGTGCTACAAATGGTAGGAACAAAGGGCTGCTACCTGGTAACAGGAT
GCTAATCTCAAAAATCCTATCTCAGTTCGAATTGAGGGCTGCAACTCGCCCTCATGAAGCTGGAATCGCT
AGTAATCGTATATCAGCAATGATACGGTGAATACGTTCCCGGACCTTGTACACACCGCCCGTCAAGCCAT
GAAAGCCGGGGGACCTGAAGTCGGTAACCGTAAGGAACCGCTAGGGTAAAATCGGTAATTGGGGCTAA
GTCGTAACAAGGTAGCCGTATCGGAAGGTGCGGCTGGAATACCT

耐性能力の分子機構

問題4 (1)

乾眠前後でクマムシ R 種と H 種の発現変動した遺伝子数は大幅に異なり、クマムシ H 種が圧倒的に多かった。なぜこのような違いが起きたと考えられるか、クマムシ R・H 種それぞれの体内で起きている現象を可能な限り類推して記述せよ。

解説

乾眠前後で遺伝子発現が変動していることから、これらには少なくとも乾眠に関わる遺伝子が含まれている可能性が考えられる。二種間でこの変動数が異なる理由としては、通常状態からいつでも乾眠状態に移行できるように体内の準備を整えているためと考えられる。

問題4 (2)

コメットアッセイでタンパク質をよく溶かした時に DNA の断片化が観察された理由を類推して具体的に述べよ。

解説

DNA 結合タンパク質が保護していたため、すでに分解されている DNA すら観察されなかった。