

Title	マルチオミクス解析によるクマムシ乾眠機構の全体像の解明
Sub Title	Multioomics analysis of tardigrade anhydrobiosis to elucidate the overview of its molecular machinery
Author	荒川, 和晴(Arakawa, Kazuharu)
Publisher	
Publication year	2021
Jtitle	科学研究費補助金研究成果報告書 (2020.)
JaLC DOI	
Abstract	<p>クマムシ乾眠の分子機構の全体像を明らかにするため、マルチオミクス解析によってまず乾眠誘導型クマムシにおいて1422個の遺伝子が誘導されることを見出し、このうち928個の保存されたコンポーネントを乾眠のコアセットと定義した。また、時系列リン酸化プロテオミクスによってこの遺伝子発現誘導がAMPKシグナリングを介して制御されることを明らかにした。さらに、UV照射からの復帰と乾眠の交叉によって、酸化ストレスからの修復に関わる新規遺伝子AMNPを同定した。加えて、CAHSの作用機序に液-液層分離が関与することを見出し、クマムシ乾眠の多岐にわたる分子機構を明らかにした。</p> <p>In order to elucidate the overall molecular mechanism of tardigrade anhydrobiosis, we first identified through multi-omics analysis that 1,422 genes are significantly induced in <i>H. exemplaris</i> which requires de novo gene expression for successful anhydrobiosis, and 928 of these to be conserved components, which we defined as the core gene set of anhydrobiosis. Time-series phosphoproteomics revealed that the induction of this drastic differential gene expression is regulated via AMPK signaling. Furthermore, we identified a novel gene, AMNP, involved in the repair from oxidative stress by the cross-tolerance assay of UV irradiation and anhydrobiosis. In addition, we found that liquid-liquid phase separation is involved in the mechanism of action of CAHS, and altogether elucidated the complex molecular mechanisms of tardigrade anhydrobiosis.</p>
Notes	<p>研究種目：基盤研究 (B) (一般) 研究期間：2017～2020 課題番号：17H03620 研究分野：システム生物学</p>
Genre	Research Paper
URL	https://koara.lib.keio.ac.jp/xoonips/modules/xoonips/detail.php?koara_id=KAKEN_17H03620seika

慶應義塾大学学術情報リポジトリ(KOARA)に掲載されているコンテンツの著作権は、それぞれの著作者、学会または出版社/発行者に帰属し、その権利は著作権法によって保護されています。引用にあたっては、著作権法を遵守してご利用ください。

The copyrights of content available on the Keio Associated Repository of Academic resources (KOARA) belong to the respective authors, academic societies, or publishers/issuers, and these rights are protected by the Japanese Copyright Act. When quoting the content, please follow the Japanese copyright act.

令和 3 年 6 月 17 日現在

機関番号：32612

研究種目：基盤研究(B) (一般)

研究期間：2017～2020

課題番号：17H03620

研究課題名(和文) マルチオミクス解析によるクマムシ乾眠機構の全体像の解明

研究課題名(英文) Multiomics analysis of tardigrade anhydrobiosis to elucidate the overview of its molecular machinery

研究代表者

荒川 和晴 (ARAKAWA, Kazuharu)

慶應義塾大学・環境情報学部(藤沢)・准教授

研究者番号：40453550

交付決定額(研究期間全体)：(直接経費) 13,100,000円

研究成果の概要(和文)：クマムシ乾眠の分子機構の全体像を明らかにするため、マルチオミクス解析によってまず乾眠誘導型クマムシにおいて1422個の遺伝子が誘導されることを見出し、このうち928個の保存されたコンポーネントを乾眠のコアセットと定義した。また、時系列リン酸化プロテオミクスによってこの遺伝子発現誘導がAMPKシグナリングを介して制御されることを明らかにした。さらに、UV照射からの復帰と乾眠の交叉によって、酸化ストレスからの修復に関わる新規遺伝子AMNPを同定した。加えて、CAHSの作用機序に液-液層分離が関与することを見出し、クマムシ乾眠の多岐にわたる分子機構を明らかにした。

研究成果の学術的意義や社会的意義

完全な脱水は、細胞にとって究極のストレスである。浸透圧ストレス、細胞の水分を失ったことによるあらゆる分子の濃度上昇による酸化ストレスやpH・金属イオンによるストレス、乾燥によるタンパクの変成やDNAダメージなど、ストレスの集合体とも言える乾眠メカニズムを解明することは、細胞が自己を維持するための機構を網羅的に理解することに繋がり、真核細胞という生命システムの頑強性・脆弱性を理解する一助となると思われる。また、ヒト細胞の酸化ストレス耐性を向上できるAMNPの発見はバイオテクノロジー上の応用も期待できる。

研究成果の概要(英文)：In order to elucidate the overall molecular mechanism of tardigrade anhydrobiosis, we first identified through multi-omics analysis that 1,422 genes are significantly induced in *H. exemplaris* which requires de novo gene expression for successful anhydrobiosis, and 928 of these to be conserved components, which we defined as the core gene set of anhydrobiosis. Time-series phosphoproteomics revealed that the induction of this drastic differential gene expression is regulated via AMPK signaling. Furthermore, we identified a novel gene, AMNP, involved in the repair from oxidative stress by the cross-tolerance assay of UV irradiation and anhydrobiosis. In addition, we found that liquid-liquid phase separation is involved in the mechanism of action of CAHS, and altogether elucidated the complex molecular mechanisms of tardigrade anhydrobiosis.

研究分野：システム生物学

キーワード：クマムシ 乾眠 ゲノム トランスクリプトーム プロテオーム マルチオミクス

1. 研究開始当初の背景

現存する生物のほとんどは、その生活史の中で一度も代謝を完全に止めることがない。冬眠などの低代謝の状態であっても代謝は停止しているわけではなく、原則代謝を停止することは「死」を意味する。一方、緩歩動物門を占めるクマムシのうち陸生種の多くは、乾燥によって生命活動を停止し、また吸水によって生命活動を速やかに再開できる。このような完全な脱水に伴う数多くの細胞へのダメージを避け、また修復する機構を理解することは、細胞システムの頑強性・脆弱性、そして限界を理解するための良い突破口であると考えられる。

我々は、これまでにクマムシの大量飼育系を確立し、マルチオミクス解析などによって、基盤となるゲノム情報を整備し(Arakawa *PNAS* 2016)、乾眠において細胞を防御すると考えられるいくつかのタンパクを同定してきた。これらの遺伝子の中には、ヒト細胞への導入によって、浸透圧耐性や放射線による DNA 損傷耐性を大幅に向上させる Dsup も含まれる (Hashimoto *et al. Nature Comm.* 2016)。一方で、乾眠の全体像を理解する上では、まだ現状は入口に立ったに過ぎない状況である。

- ① ヤマクマムシを乾燥にさらすと、我々が発見した遺伝子群は大幅に発現誘導を受ける。この時、膜における乾燥のセンシング、及び、その後のシグナル伝達を経た数百の遺伝子を伴う大規模な発現変動の調節機構は未知である。脱リン酸化反応の阻害剤によって乾眠誘導が失敗することは確認されているため、確実に何らかのシグナル伝達は存在している。
- ② 真核細胞は細胞膜、核膜、ミトコンドリア、ゴルジ体など膜の集合体であるとも言えるが、生体膜はリン脂質が疎水性相互作用によって構成されるものであるため、完全な脱水においてこれら生体膜構造がどのように守られるのかは不明である。おそらく CAHS・SAHS・MAHS が関与していると予想されるが、その詳細なメカニズムは未解明である。
- ③ クマムシは乾眠時の細胞保護機構が発達しているとはいえ、ダメージを完全には避けられない。実際、クマムシは通常時の方が乾眠時よりも高い放射線耐性を持つが、これは何らかの修復活性の存在を示唆している。

しかし、クマムシの飼育系の確立(Horikawa *et al. Astrobiology* 2008)、高精度なゲノムとそのアノテーション(Hashimoto *et al. Nature Comm.* 2016)、一匹から得られる超微量(50pg 程度)の DNA や RNA を用いての高精度なゲノム・トランスクリプトーム解析手法の確立(Arakawa *PNAS* 2016, Arakawa *Sci. Data* 2016)、メタボローム・プロテオーム技術の確立(Arakawa *J. Jpn. Soc. Extremophiles* 2013)など、急速にクマムシ研究の基盤は整いつつあり、大規模なマルチオミクス解析と詳細な生化学によってこれら乾眠の全体像を明らかにすることが可能になりつつあった。

2. 研究の目的

陸生のクマムシの多くは周囲の環境の乾燥に伴い、体内の水分をほぼ完全に脱水し、「乾眠」と呼ばれる無代謝の休眠状態となって極度の乾燥に耐えることができる。これまでにクマムシ乾眠に関わる複数のクマムシ固有遺伝子が発見されてきたが、これら遺伝子がどのように乾燥を感知して【誘導】されるか、具体的にどのように細胞を【保護】しているのか、そして、ダメージを受けた細胞をどのように【修復】するかについては未知である。そこで、本研究では、技術基盤が揃いつつある現状を活かし、クマムシが完全な脱水による生命活動の可逆的な停止を経ても細胞を正常に維持するパスウェイの全体像を、マルチオミクス解析によって明らかにすることを目的とした。

3. 研究の方法

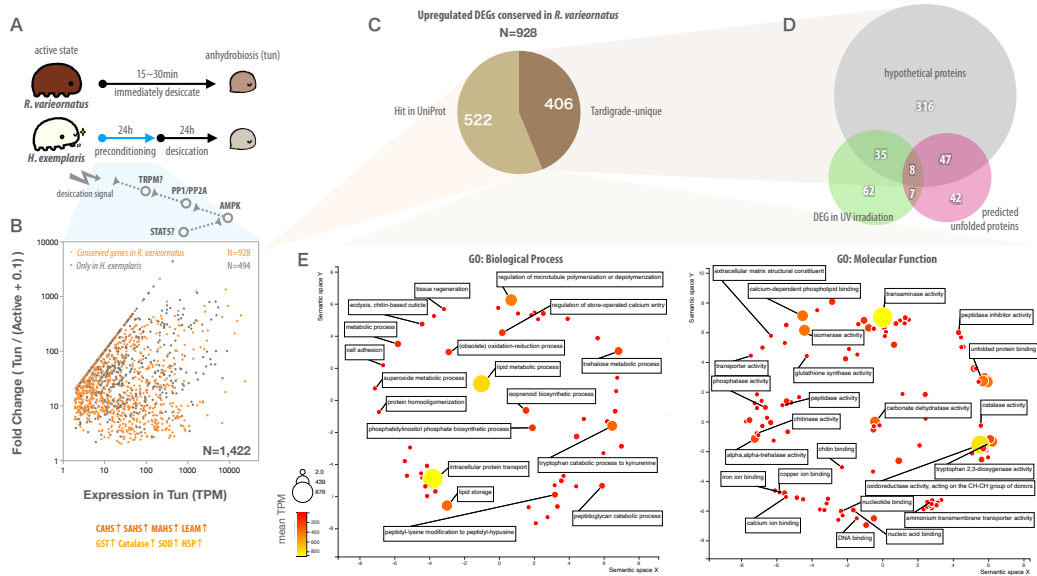
1. 乾眠に移行期間が必要な *Hypsibius exemplaris* の高精度ゲノムを決定し、そのアノテーシ

オンを整備し、乾眠前後のトランスクリプトーム解析によって、本種が乾眠する上で必須であることが確認されている発現変動に含まれる遺伝子を網羅的に同定した。加えて、急速に乾眠が可能な比較的近縁な *Ramazzottius varieornatus* との比較ゲノム解析によって、保存されたコンポーネントを抽出した。

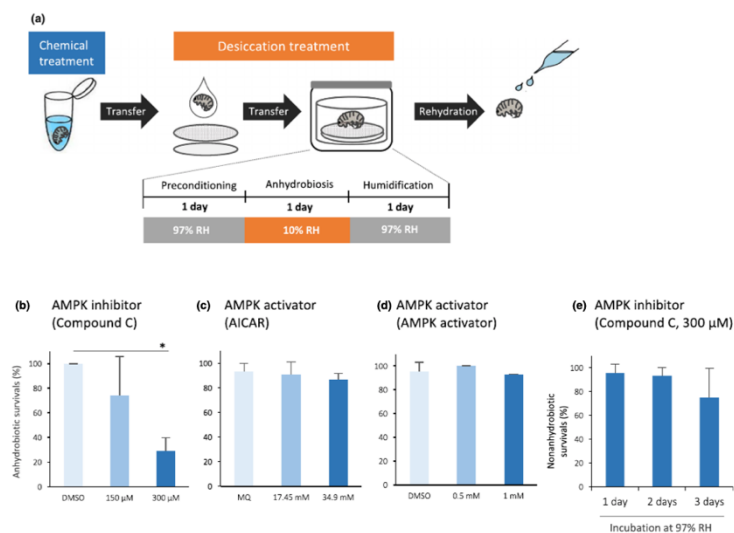
2. *H. exemplaris* における乾眠誘導のシグナリングを明らかにするため、時系列リン酸化プロテオミクスによって関連タンパクをスクリーニングした。加えて、既にシグナリングに寄与することが確認されている PP1/PP2A を阻害した条件でのリン酸化プロテオミクスを行い、この上流と下流のパスウェイを同定した。得られた候補についてはさらに阻害剤を用いることで、実際にその候補が乾眠に作用していることを検証した。
3. クマムシは乾眠時のみでなく、むしろ活動時の方が放射線耐性が強いことを利用し、紫外線照射後の修復状態を時系列トランスクリプトーム解析によってスクリーニングし、乾眠と紫外線照射で交叉する遺伝子を絞り込んだ。このうち、特に変動が大きくゲノム中で重複が見られ保存性の高い遺伝子を機能解析するため、立体構造を決定し、この構造に基づいて *in vitro* で機能解析を行なった。
4. CAHS タンパクの細胞保護機能を明らかにするため、乾燥状態を模倣した条件での構造変化を NMR により解析した。また、濃度依存での相互作用状態の変化を *in vitro* で観察するため、原子間力顕微鏡 (AFM) により形状を観察し、同様の構造が細胞内で生じるかをヒト細胞における過剰発現系を構築し確認した。

4. 研究成果

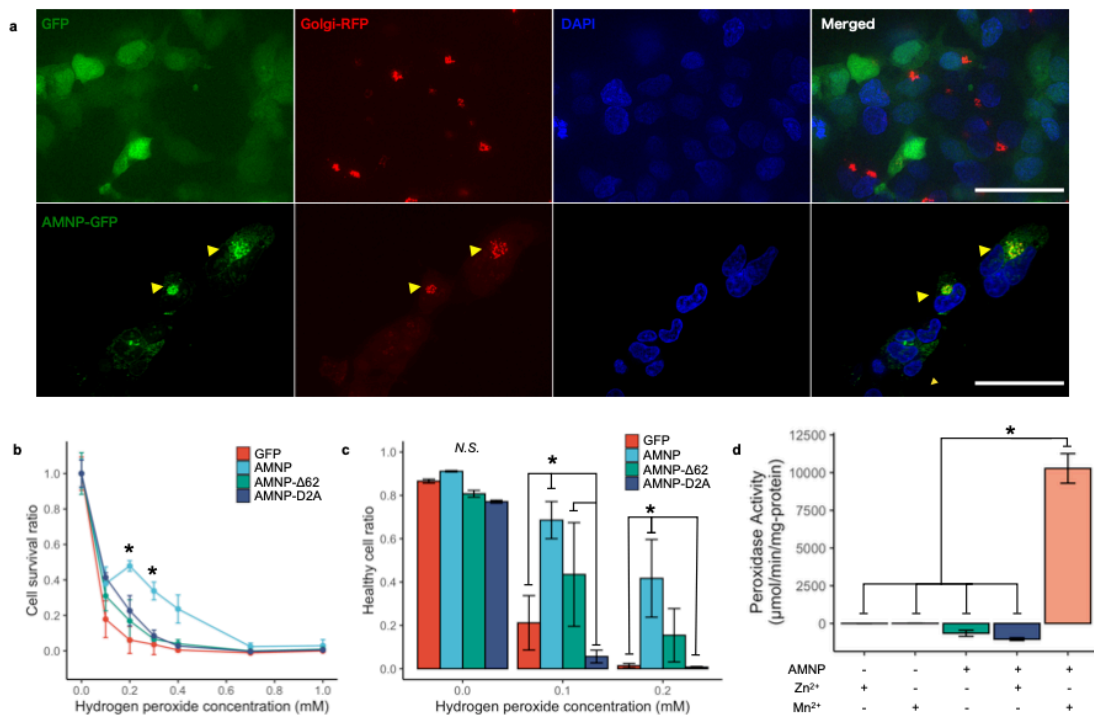
1. 発現変動解析によって、*H. exemplaris* 乾眠時に有意に発現が上昇する遺伝子を 1,422 個見出した (Yoshida et al. *PLoS Biol.* 2017)。この中には多くの既知乾眠関連タンパク CAHS や SAHS パラログが含まれており、それらのほとんどが数百倍まで発現が亢進されていた。この 1,422 個の遺伝子のうち、*R. varieornatus* に保存されている遺伝子は 928 個あり、このうち、522 個が UniProt に登録されている他の生物の配列に類似性を示し、実に 406 もの遺伝子がクマムシ固有のものである。この中には CAHS や SAHS が含まれるが、その他にも 104 個コンピュータ解析ではほぼ全長に渡って構造を取らないと予測されるタンパクが存在する。また、112 個の遺伝子は *R. varieornatus* における UV 照射による交叉耐性実験で発現変動していて、8 個の遺伝子が 2 種のクマムシに保存され、乾眠と UV 照射両方で DEG となり、さらにコンピュータ解析で構造を取らないと予測されるものであり、乾眠時にほとんどが数十倍から数百倍発現が誘導されている。つまり、乾眠に関わるコア遺伝子セットとしては 928 個のこれらの遺伝子が関与し、この中にはまだ未同定かつ重要な役割を担うクマムシ固有の遺伝子が多く残っている。522 個の乾眠時に誘導され、2 種のクマムシだけでなく他の生物にも保存されている遺伝子も多岐に渡る機能を担っている。これまでに報告されているように、glutathione S-transferase (GST) や catalase、superoxide dismutase (SOD) などの抗酸化関連遺伝子や、HSP や mitochondrial chaperone BCS1 などのタンパクのリフォールディングに関わる分子シャペロンなどは著しい発現増強がみられるが、他にも lipid metabolic process や intracellular protein transport, regulation of microtubule polymerization or depolymerization などの GO term の enrichment がみられる。抗酸化に関わる glutathione biosynthesis パスウェイや tryptophan metabolism パスウェイでは複数の遺伝子の変動が見られ、乾眠は新規の各種防御機構と既存の制御・修復機能を組み合わせた細胞システムレベルの応答であることがわかる。本解析により、極めて複雑なシステムである乾眠の全体像を俯瞰することが可能となった。



2. *H. exemplaris* の preconditioning 時の時系列リン酸化プロテオミクスによって、PP1/PP2A のターゲットとして AMPK が存在すること、また、AMPK 阻害剤によって乾眠機能が失われることをによって AMPK の関与を強く示した (Kondo *et al. Genes to Cells* 2019)。AMPK は代謝のマスターレギュレーターとして知られ、クマムシの乾眠においては本シグナリングを応用することで乾眠における大規模な遺伝子発現変化を制御するようになった可能性がある。さらに、PP1/PP2A-AMPK パスウェイの上流の候補として Transient Receptor Potential Cation Channel Subfamily M (TRPM) が、下流の候補として Signal transducer and activator of transcription 5A (STAT5A) がリン酸化プロテオミクスの結果挙がっている。さらに我々は AMPK の関与を応用し、preconditioning を経ずに AMPK を薬剤で活性化させることによって *H. exemplaris* を乾眠させることを試み、AMPK activator として知られる D942 を与えることによって、preconditioning 同等の乾眠成功率を実現することに成功した (Kondo *et al. FEBS Open Bio* 2020)。しかし、クマムシにおいては D942 の標的遺伝子が保存されておらず、AMPK は活性化されないため、具体的にどのようなメカニズムで D942 が preconditioning 状態を模倣する結果を導いたのかについてはわかっていない。一方で、本薬剤によって実際に乾燥させずとも *H. exemplaris* の乾眠準備状態を再現できる可能性が示され、今後の乾眠導入時における制御機構の解析において重要なツールとなると思われる。



3. *R. varieornatus* に UV を照射し、その後の細胞内動体を時系列トランスクリプトーム解析によって観察し、修復時に大きく upregulate される遺伝子で、かつ乾眠時にも誘導される、すなわち交叉するものをスクリーニングした結果、CAHS や SAHS のようにゲノム内で重複し、実に 35 コピーものパラログを持つ新規遺伝子を同定した (Yoshida *et al.* *bioRxiv* 2020)。そして、立体構造解析や *in vitro* アッセイにより Mn 依存の新規ペルオキシダーゼであることが確認されたこのタンパクは Anhydrobiosis-related Mn-dependent Peroxidase (AMNP) と名付けられ、ヒト細胞に導入することで酸化ストレス耐性を向上させることが確認された。興味深いことに、AMNP はゴルジ体に局在する。ゴルジ体は Mn 濃度が高く保たれることが知られており、さらに細胞ストレス応答において中心的役割を担うことも徐々に明らかになりつつあり、やはり細胞のコンパートメントごとに多様な機能があり、さらに酸化ストレス応答が乾眠の要であることが見えつつある。



4. CAHS タンパクの構造を濃度を変化させ NMR で解析したところ、濃度依存でランダムコイル性が低下していく傾向が観察された。そこで、AFM を用いて *in vitro* での形状変化を観察したところ、高濃度化で CAHS は線状ポリマー化し、マイクロフィブリルを形成することを明らかにした。同様の現象を生体内で観測するため、ヒト培養細胞における過剰発現系を構築し、高濃度化において特徴的なコンデンセートを形成することを見出した。これらの結果から、CAHS タンパクは液-液層分離 (LLPS) 様の、乾燥に伴う脱水による濃度変化依存的可逆的凝集を示し、このことが細胞内分子や各種コンパートメントの保護に寄与する可能性が示された。

5. 主な発表論文等

〔雑誌論文〕 計20件（うち査読付論文 13件／うち国際共著 7件／うちオープンアクセス 8件）

1. 著者名 Sugiura Kenta, Minato Hiroki, Suzuki Atsushi C., Arakawa Kazuharu, Kunieda Takekazu, Matsumoto Midori	4. 巻 36
2. 論文標題 Comparison of Sexual Reproductive Behaviors in Two Species of Macrobiotidae (Tardigrada: Eutardigrada)	5. 発行年 2019年
3. 雑誌名 Zoological Science	6. 最初と最後の頁 120 ~ 120
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.2108/zs180103	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 -
1. 著者名 Yoshida Yuki, Nowell Reuben W., Arakawa Kazuharu, Blaxter Mark	4. 巻 532
2. 論文標題 Horizontal Gene Transfer in Metazoa: Examples and Methods	5. 発行年 2019年
3. 雑誌名 Methods in Molecular Biology	6. 最初と最後の頁 203 ~ 226
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1007/978-3-030-21862-1_7	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 該当する
1. 著者名 Kondo Koyuki, Mori Masaru, Tomita Masaru, Arakawa Kazuharu	4. 巻 24
2. 論文標題 AMPK activity is required for the induction of anhydrobiosis in a tardigrade <i>Hypsibius exemplaris</i> , and its potential up regulator is PP2A	5. 発行年 2019年
3. 雑誌名 Genes to Cells	6. 最初と最後の頁 768 ~ 780
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1111/gtc.12726	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 -
1. 著者名 Yoshida Yuki, Sugiura Kenta, Tomita Masaru, Matsumoto Midori, Arakawa Kazuharu	4. 巻 19
2. 論文標題 Comparison of the transcriptomes of two tardigrades with different hatching coordination	5. 発行年 2019年
3. 雑誌名 BMC Developmental Biology	6. 最初と最後の頁 24
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1186/s12861-019-0205-9	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている（また、その予定である）	国際共著 -

1. 著者名 Mapalo Marc A., Arakawa Kazuharu, Baker Caitlin M., Persson Dennis K., Mirano-Bascos Denise, Giribet Gonzalo	4. 巻 10
2. 論文標題 The Unique Antimicrobial Recognition and Signaling Pathways in Tardigrades with a Comparison Across Ecdysozoa	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 G3 (Genes Genomes Genetics)	6. 最初と最後の頁 1137 ~ 1148
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1534/g3.119.400734	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 該当する

1. 著者名 Arakawa Kazuharu	4. 巻 12
2. 論文標題 Simultaneous Metabarcoding of Eukaryotes and Prokaryotes to Elucidate the Community Structures within Tardigrade Microhabitats	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 Diversity	6. 最初と最後の頁 110 ~ 110
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.3390/d12030110	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 -

1. 著者名 Stec Daniel, Krzywalski Lukasz, Arakawa Kazuharu, Michalczyk Lukasz	4. 巻 6
2. 論文標題 A new redescription of Richtersius coronifer, supported by transcriptome, provides resources for describing concealed species diversity within the monotypic genus Richtersius (Eutardigrada)	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 Zoological Letters	6. 最初と最後の頁 2
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1186/s40851-020-0154-y	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 該当する

1. 著者名 Yoshida Yuki, Konno Sayuri, Nishino Ryouyuke, Murai Yumi, Tomita Masaru, Arakawa Kazuharu	4. 巻 137
2. 論文標題 Ultralow Input Genome Sequencing Library Preparation from a Single Tardigrade Specimen	5. 発行年 2018年
3. 雑誌名 Journal of Visualized Experiments	6. 最初と最後の頁 e57615
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.3791/57615	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 -

1. 著者名 Arakawa Kazuharu	4. 巻 3
2. 論文標題 The complete mitochondrial genome of Echiniscus testudo (Heterotardigrada: Echiniscidae)	5. 発行年 2018年
3. 雑誌名 Mitochondrial DNA Part B	6. 最初と最後の頁 810 ~ 811
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1080/23802359.2018.1495118	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 -

1. 著者名 Kenta Sugiura, Hiroki Minato, Atsushi C. Suzuki, Kazuharu Arakawa, Takekazu Kunieda, Midori Matsumoto	4. 巻 36
2. 論文標題 Comparison of sexual reproductive behavior in two species of Macrobiotidae (Tardigrada: Eutardigrada)	5. 発行年 2019年
3. 雑誌名 Zoological Science	6. 最初と最後の頁 120-127
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.2108/zs180103	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 -

1. 著者名 Fleming James F., Kristensen Reinhardt Moebjerg, Soerensen Martin Vinther, Park Tae-Yoon S., Arakawa Kazuharu, Blaxter Mark, Rebecchi Lorena, Guidetti Roberto, Williams Tom A., Roberts Nicholas W., Vinther Jakob, Pisani Davide	4. 巻 285
2. 論文標題 Molecular palaeontology illuminates the evolution of ecdysozoan vision	5. 発行年 2018年
3. 雑誌名 Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences	6. 最初と最後の頁 20182180
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1098/rspb.2018.2180	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 -

1. 著者名 Stec Daniel, Arakawa Kazuharu, Michalczyk ?ukasz	4. 巻 13
2. 論文標題 An integrative description of Macrobiotus shonaicus sp. nov. (Tardigrada: Macrobiotidae) from Japan with notes on its phylogenetic position within the hufelandi group	5. 発行年 2018年
3. 雑誌名 PLOS ONE	6. 最初と最後の頁 e0192210
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1371/journal.pone.0192210	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 該当する

1. 著者名 Yoshida Yuki, Koutsovoulos Georgios, Laetsch Dominik R., Stevens Lewis, Kumar Sujai, Horikawa Daiki D., Ishino Kyoko, Komine Shiori, Kunieda Takekazu, Tomita Masaru, Blaxter Mark, Arakawa Kazuharu	4. 巻 15
2. 論文標題 Comparative genomics of the tardigrades <i>Hypsibius dujardini</i> and <i>Ramazzottius varieornatus</i>	5. 発行年 2017年
3. 雑誌名 PLOS Biology	6. 最初と最後の頁 e2002266
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1371/journal.pbio.2002266	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 該当する

1. 著者名 Kazuharu Arakawa, Mark Blaxter	4. 巻 39
2. 論文標題 Life without water	5. 発行年 2017年
3. 雑誌名 Biochemist	6. 最初と最後の頁 14-17
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) なし	査読の有無 無
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 該当する

1. 著者名 Mark Blaxter, Kazuharu Arakawa	4. 巻 65
2. 論文標題 Tardigrades in space	5. 発行年 2018年
3. 雑誌名 The Biologist	6. 最初と最後の頁 14-17
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) なし	査読の有無 無
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 該当する

1. 著者名 Yoshida Yuki, Horikawa Daiki D., Sakashita Tetsuya, Yokota Yuichiro, Kobayashi Yasuhiko, Tomita Masaru, Arakawa Kazuharu	4. 巻 36
2. 論文標題 RNA sequencing data for gamma radiation response in the extremotolerant tardigrade <i>Ramazzottius varieornatus</i>	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 Data in Brief	6. 最初と最後の頁 107111 ~ 107111
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1016/j.dib.2021.107111	査読の有無 無
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 -

1. 著者名 Arakawa Kazuharu, Numata Keiji	4. 巻 81
2. 論文標題 Reconsidering the “glass transition” hypothesis of intrinsically unstructured CAHS proteins in desiccation tolerance of tardigrades	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 Molecular Cell	6. 最初と最後の頁 409 ~ 410
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1016/j.molcel.2020.12.007	査読の有無 無
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 -

1. 著者名 Fleming James F., Arakawa Kazuharu	4. 巻 50
2. 論文標題 Systematics of tardigrada: A reanalysis of tardigrade taxonomy with specific reference to Guil et al. (2019)	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 Zoologica Scripta	6. 最初と最後の頁 376 ~ 382
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1111/zsc.12476	査読の有無 無
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 -

1. 著者名 Kondo Koyuki, Mori Masaru, Tomita Masaru, Arakawa Kazuharu	4. 巻 10
2. 論文標題 Pre treatment with D942, a furancarboxylic acid derivative, increases desiccation tolerance in an anhydrobiotic tardigrade <i>Hypsibius?exemplaris</i>	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 FEBS Open Bio	6. 最初と最後の頁 1774 ~ 1781
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1002/2211-5463.12926	査読の有無 無
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 -

1. 著者名 SUGIURA KENTA, ARAKAWA KAZUHARU, MATSUMOTO MIDORI	4. 巻 4767
2. 論文標題 Distribution of <i>Macrobiotus shonaicus</i> Stec, Arakawa & Michalczyk, 2018 (Tardigrada: Eutardigrada: Macrobiotidae) in Japan	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 Zootaxa	6. 最初と最後の頁 56 ~ 70
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.11646/zootaxa.4767.1.2	査読の有無 無
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 -

〔学会発表〕 計33件（うち招待講演 9件 / うち国際学会 7件）

1. 発表者名 Kazuharu Arakawa
2. 発表標題 Phylum-wide genome sequencing of Tardigrada with ultra-low input
3. 学会等名 27th Intelligent Systems for Molecular Biology (国際学会)
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 Yuki Yoshida, Kazuharu Arakawa
2. 発表標題 Transcriptomic analysis of the developmental stages of tardigrades reveals piRNA and hormone regulation
3. 学会等名 27th Intelligent Systems for Molecular Biology (国際学会)
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 Yumi Murai, Masayuki Fujiwara, Masaru Tomita, Kazuharu Arakawa
2. 発表標題 Convergent evolution of anhydrobiosis-related proteins in Tardigrades suggested by multi-omics analysis of <i>Echiniscus testudo</i>
3. 学会等名 27th Intelligent Systems for Molecular Biology (国際学会)
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 Kazuharu Arakawa
2. 発表標題 Learning from extraordinary abilities of nature: tardigrades and spider silk
3. 学会等名 The 7th Sapporo Summer Symposium for One Health (招待講演) (国際学会)
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 Kazuharu Arakawa
2. 発表標題 Learning from extraordinary abilities of nature: tardigrades and spider silk
3. 学会等名 2nd Japanese-American-German Frontiers Science Symposium (国際学会)
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 Yuki Yoshida, Kazuharu Arakawa Yuki Yoshida, Georgios Koutsovoulos , Dominik R. Laetsch, Lewis Stevens, Sujai Kumar, Daiki D. Horikawa, Kyoko Ishino, Shiori Komine, Takekazu Kunieda, Masaru Tomita, Mark Blaxter ,Kazuharu Arakawa
2. 発表標題 Comparative genomics of two tardigrades with different cryptociotic capacities
3. 学会等名 The 20th International Conference on Systems Biology (国際学会)
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 荒川和晴
2. 発表標題 反モデル生物学：生物は例外こそが面白い
3. 学会等名 第59回 生命科学夏の学校 (招待講演)
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 吉田祐貴, Koutsovoulos G., Laetsch D. R., Stevens L., Kumar S., 堀川大樹, 石野響子, 小峰菜, 國 枝武和, 富田勝, Blaxter M., 荒川和晴
2. 発表標題 ヨコヅナクマムシとドゥジャルダニヤクマムシの比較ゲノム解析
3. 学会等名 2019年度 慶大先端生命研-薬学研究科 合同リトリート「総合システム適塾」
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 村井結美、藤原正幸、富田勝、荒川和晴
2. 発表標題 極限環境生物「クマムシ」の乾眠機構解明に向けたマルチオミクス解析
3. 学会等名 2019年度 慶大先端生命研-薬学研究科 合同リトリート「総合システム適塾」
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 荒川和晴
2. 発表標題 広がりつつあるクマムシゲノムリソースからの展望
3. 学会等名 第4回クマムシ学研究会
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 吉田祐貴, 堀川大樹, 富田勝, 荒川和晴
2. 発表標題 短波長紫外線に曝露したヨコヅナクマムシのトランスクリプトーム解析
3. 学会等名 第4回クマムシ学研究会
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 村井結美、藤原正幸、富田勝、荒川和晴
2. 発表標題 乾眠機構解明に向けたトゲクマムシEchiniscus testudoのマルチオミクス解析
3. 学会等名 第4回クマムシ学研究会
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 吉田祐貴, 杉浦健太, 富田勝, 松本緑, 荒川和晴
2. 発表標題 発生3日目クマムシHypsibius exemplarisの孵化に重要である
3. 学会等名 日本動物学会 第90回大阪大会
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 村井結美, 藤原正幸, 富田勝, 荒川和晴
2. 発表標題 トゲクマムシのマルチオミクス解析による乾眠関連因子の探索
3. 学会等名 日本動物学会 第90回大阪大会
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 吉田祐貴, 堀川大樹, 富田勝, 荒川和晴
2. 発表標題 短波長紫外線に曝露したヨコヅナクマムシのトランスクリプトーム解析
3. 学会等名 生命情報科学若手の会 第11回年会
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 荒川和晴
2. 発表標題 極限環境動物クマムシの乾眠機構の解明
3. 学会等名 第2回ExCELLSシンポジウム
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 吉田祐貴, 堀川大樹, 富田勝, 荒川和晴
2. 発表標題 短波長紫外線に曝露したヨコヅナクマムシのトランスクリプトーム解析
3. 学会等名 第42回日本分子生物学会年会
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 吉田祐貴, 堀川大樹, 富田勝, 荒川和晴
2. 発表標題 乾眠機構解明に向けたトゲクマムシEchiniscus testudoのマルチオミクス解析
3. 学会等名 第42回日本分子生物学会年会
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 宮澤和久, 伊藤暁, 渡辺大輝, 内橋貴之, 谷中冴子, 矢木真穂, 加藤晃一, 荒川和晴, 奥村久士
2. 発表標題 Structural stability of RvSAHS1 in solution and under the dehydrated condition using molecular dynamics simulations and high-speed atomic force microscopy
3. 学会等名 第2回ExCELLSシンポジウム
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 宮澤和久, 伊藤暁, 渡辺大輝, 内橋貴之, 谷中冴子, 矢木真穂, 加藤晃一, 荒川和晴, 奥村久士
2. 発表標題 分子動力学シミュレーションおよび高速原子間力顕微鏡によるRvSAHS1タンパク質の水溶液中および乾燥環境での動的性質の解明
3. 学会等名 スーパーコンピューターワークショップ2019
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 矢木真穂、渡辺大輝、Christian Ganser、Vincent Schnapka、太田千世、佐々木雄大、矢木宏和、佐藤匡史、内橋貴之、青木一洋、奥村久士、荒川和晴、加藤晃一
2. 発表標題 Exploration of the cryptobiotic mechanism of tardigrades for understanding adaptation strategies of living systems to extreme environments
3. 学会等名 第2回ExCELLSシンポジウム
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 荒川和晴
2. 発表標題 クマムシ乾眠機構の適応と進化
3. 学会等名 第41回日本分子生物学会年会
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 Arakawa K, Michalczyk L, Fujimoto S, Murai Y, Tomita M
2. 発表標題 Phylum-wide genome sequencing of Tardigrada
3. 学会等名 14th International Symposium on Tardigrada (招待講演) (国際学会)
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 荒川和晴
2. 発表標題 非脊椎動物における遺伝子水平伝搬の偽陽性を正しく理解する - クマムシでの事例
3. 学会等名 2017年度生命科学系合同年次大会 (招待講演)
4. 発表年 2017年

1. 発表者名 荒川和晴
2. 発表標題 非モデル生物のマルチオミクス解析 -クモ糸とクマムシの解析
3. 学会等名 龍谷大学ワークショップ「NGSデータの多彩な活用」(招待講演)
4. 発表年 2017年

1. 発表者名 荒川和晴
2. 発表標題 超微量DNA/RNAからのシーケンスライブラリ作成が実現するクマムシ一匹からのゲノム・トランスクリプトーム解析
3. 学会等名 タカラバイオ 次世代シーケンスで開く新たな世界 NGSプレミアムセミナー(招待講演)
4. 発表年 2017年

1. 発表者名 荒川和晴
2. 発表標題 クマムシはどのようにして生と死のはざまを生きるか
3. 学会等名 第24回自然科学研究機構シンポジウム 極限環境における生命 -生命創成の探究に向けて~(招待講演)
4. 発表年 2017年

1. 発表者名 荒川和晴
2. 発表標題 非脊椎動物における遺伝子水平伝搬の偽陽性を正しく理解する -クマムシでの事例
3. 学会等名 遺伝研 研究会「生物種間における遺伝情報の水平移動」(招待講演)
4. 発表年 2017年

1. 発表者名 荒川和晴
2. 発表標題 非モデル生物研究者の恋しさとせつなさと(NGSの)心強さと
3. 学会等名 第五回NGS現場の会研究会(招待講演)
4. 発表年 2017年

1. 発表者名 荒川和晴
2. 発表標題 山形県鶴岡市で発見した新種のクマムシ、ショウナイチョウメイムシ
3. 学会等名 第22回 オープンバイオ研究会
4. 発表年 2017年~2018年

1. 発表者名 荒川和晴
2. 発表標題 クマムシ乾眠機構の適応と進化
3. 学会等名 第一回慶應ライフサイエンスシンポジウム
4. 発表年 2017年

1. 発表者名 荒川和晴
2. 発表標題 クマムシは本当に「天然変性タンパクのガラス化によって乾眠する」のか?
3. 学会等名 第二回クマムシ学研究会
4. 発表年 2017年

1. 発表者名 荒川和晴
2. 発表標題 見えてきたクマムシ乾眠の分子機構
3. 学会等名 第70回 人工知能学会 分子生物情報研究会 (SIG-MBI)
4. 発表年 2020年

〔図書〕 計0件

〔産業財産権〕

〔その他〕

-

6. 研究組織

氏名 (ローマ字氏名) (研究者番号)	所属研究機関・部局・職 (機関番号)	備考

7. 科研費を使用して開催した国際研究集会

〔国際研究集会〕 計0件

8. 本研究に関連して実施した国際共同研究の実施状況

共同研究相手国	相手方研究機関