

<お願い>
(独)農業生物資源研究所の省略形としては
「生物研」を使用願います。

プレスリリース

平成25年9月17日
独立行政法人農業生物資源研究所

カイコで働く約1万個の遺伝子配列解読に成功

—産業利用につながる有用遺伝子の特定が加速化—

ポイント

- ・カイコで実際に働く約11,000個の遺伝子の塩基配列を解読しました。
- ・本成果は、チョウ目害虫に選択的に作用する新規制御剤の開発や遺伝子組換えカイコによる有用物質生産など、産業利用への貢献が期待されます。

概要

1. 独立行政法人農業生物資源研究所（生物研）は、中国・西南大学、独立行政法人産業技術総合研究所、および国立大学法人東京大学と共同で、カイコの様々な組織に由来する完全長 cDNA ライブラリ¹⁾ を作製し、11,104 種類の完全長 cDNA²⁾ の塩基配列を解読しました。今回のカイコでの完全長 cDNA の大規模解読は、昆虫ではキイロショウジョウバエに次ぐ例となります。
2. 完全長 cDNA は、遺伝子のタンパク質をコードする領域の全てを含んでいることから、遺伝子の構造や機能を解明する際に非常に有用なリソースとなります。今回得られた完全長 cDNA の塩基配列情報の活用により、カイコの遺伝子の機能解明が加速化されることが期待されます。
3. さらに、カイコは多くの農業害虫と同じチョウ目に属することから、チョウ目害虫のモデル昆虫としての利用が進み、チョウ目害虫に選択的に作用する新しい害虫制御剤開発に繋がる有用な遺伝子の特定が加速化されることが期待されます。また、カイコでの有用物質生産の効率化に資する遺伝子の発見にも繋がり、遺伝子組換えカイコを用いた医薬品・検査薬の開発が加速化されることが期待されます。
4. この成果は、米国遺伝学会誌 G3 (Genes, Genomes, Genetics) 9月号に掲載されました。なお、本成果は、7月2日(米国時間)に本学会誌電子版で公開されました。
5. また、本成果はカイコゲノム情報データベース (KAIKObase; <http://sgp.dna.affrc.go.jp/KAIKObase/>)上に公開しました(図1)。

予算：運営費交付金、農林水産省委託プロジェクト「動物ゲノムを活用した新市場創出のための技術開発（昆虫ゲノム情報を活用した新需要創造のための研究）」（平成19～23年度）

問い合わせ先など

研究代表者： (独)農業生物資源研究所 理事長 廣近洋彦
研究推進責任者：(独)農業生物資源研究所 農業生物先端ゲノム研究センター
センター長 矢野昌裕

研究担当者： (独)農業生物資源研究所 農業生物先端ゲノム研究センター
昆虫ゲノム研究ユニット
主任研究員 末次克行
電話：029-838-6129 E-mail:suetsugu@affrc.go.jp
(独)農業生物資源研究所 農業生物先端ゲノム研究センター
昆虫ゲノム研究ユニット長 山本公子
元 農業生物資源研究所 農業生物先端ゲノム研究センター
昆虫ゲノム研究ユニット
特任上級研究員 三田和英
(現 西南大学 家蚕基因組生物学国家重点実験室 教授)
(独)産業技術総合研究所 生物共生進化機構研究グループ
主任研究員 二橋 亮
国立大学法人東京大学大学院 農学生命科学研究科
教授 嶋田 透
その他
広報担当者： (独)農業生物資源研究所 広報室長 井濃内 順
電話：029-838-8469

本資料は文部科学記者会、科学記者会、筑波研究学園都市記者会、農政クラブ、農林記者会、農業技術クラブに配付しています。

開発の社会的背景と研究の経緯

絹糸を作る農業昆虫として人と深く関わってきたカイコはチョウ目昆虫に属します。このチョウ目昆虫には、モンシロチョウやアメリカシロヒトリの幼虫など、農作物や森林に多大な被害をもたらす害虫が数多く含まれることから、カイコは産業上有用な昆虫としてだけではなく、農業害虫を研究するためのモデル昆虫としての活用も期待されています。

これまでに、農業生物資源研究所と中国の西南大学が中心となり、カイコゲノムを完全解読しました。しかし、ゲノム解読が完了しても、ゲノムのどの場所にどのような遺伝子の情報が書き込まれているのかは未知の状態、ゲノム情報を農業や産業に活用するためには、遺伝子構造を正確に決めることが必要となります。完全長 cDNA は、遺伝子から転写されたメッセンジャーRNA の完全なコピーのことで、タンパク質を作るための完全な情報を備えています。つまり、完全長 cDNA の塩基配列情報を解読することは、遺伝子がゲノム上のどこにあるのか、どのように読まれるのか、あるいは、どのような機能をもっているのか解明するための重要な手掛かりとなります。そこで、私たちの研究グループでは、カイコの様々な組織に由来する完全長 cDNA の塩基配列解読を進めることにしました。

研究の内容・意義

まず、カイコの 14 の組織に由来する 21 の完全長 cDNA ライブラリを作製し、これらから約 25 万個の完全長 cDNA を収集し、その中から重複しているものを除き、最終的に 11,104 個を選抜し、これらの塩基配列を解読しました。今回解読された完全長 cDNA と、これまでに私たちの研究グループにおいて蓄積してきた 40 万以上のカイコの cDNA、コンピュータで予測した遺伝子などの情報をつきあわせて解析したところ、カイコの総遺伝子数はこれまでの推定値である約 14,000 よりも多く、17,000 以上あることが明らかとなり、完全長 cDNA は約 3,000 の新規遺伝子同定に貢献しました。また、11 種の昆虫の遺伝子とカイコの遺伝子を比較したところ、カイコにのみ存在する遺伝子が数多く見つかかり、その多くは重複して存在していることが分かりました。これらの中には微生物からの防御に関わる遺伝子が多数含まれていました。さらに、ある組織でのみ特異的に働く遺伝子の多くがゲノム上でまとまって存在していました。カイコゲノムの持つこのような構造的特徴は、カイコが進化の過程で遺伝子の働き方を効率化させてきた結果ではないかと考えられました。

今回解読された完全長 cDNA の情報は、カイコゲノム情報と統合し、生物研のホームページで KAIKObase (<http://sgp.dna.affrc.go.jp/KAIKObase/>) として公開し、国内外の全研究者が利用できる体制を整備しました。さらに、完全長 cDNA はカイコの様々な研究に極めて有効であることから、ゲノムリソースとして希望する研究者に配布できるようにしました。

今後の予定・期待

カイコのもつ多くの遺伝子の機能解明が大きく進み、カイコのもつ有用遺伝子の探索に大きく貢献することが期待されます。特に、多くの農業害虫はチョウ目に属することから、本成果は、チョウ目害虫の農薬抵抗性原因遺伝子の特定、チョウ目害虫に選択的に効く新しい農薬の開発につながる制御剤標的遺伝子の特定などにおいて貢献するものと期待されます。さらに、カイコにおける有用物質の生産量向上や（タンパク質糖鎖修飾のヒト型化による）品質向上に関わる遺伝子を発見して利用することにより、遺伝子組換えカイコを用いた医薬品・検査薬の開発が加速化されることが期

待されます。

発表論文

Suetsugu Y, Futahashi R, Kanamori H, Kadono-Okuda K, Sasanuma S, Narukawa J, Ajimura M, Jouraku A, Namiki N, Shimomura M, Sezutsu H, Osanai-Futahashi M, Suzuki M.G, Daimon T, Shinoda T, Taniai K, Asaoka K, Niwa R, Kawaoka S, Katsuma S, Tamura T, Noda H, Kasahara M, Sugano S, Suzuki Y, Fujiwara H, Kataoka H, Arunkumar K.P, Tomar A, Nagaraju J, Goldsmith M.R, Feng Q, Xia Q, Yamamoto K, Shimada T, Mita K (2013) **Large scale full-length cDNA sequencing reveals a unique genomic landscape in a lepidopteran model insect, *Bombyx mori***. *G3: Genes, Genomes, Genetics*
DOI:10.1534/g3.113.006239

用語の解説

1) cDNA ライブラリ

cDNA とは、相補的 DNA (complementary DNA) の略で、遺伝子の塩基配列をもとに合成されたメッセンジャーRNA (mRNA) を鋳型にして、人工的に作り出された一本鎖 DNA のことを指します。cDNA は、mRNA と相補的な塩基配列を持っています。cDNA ライブラリとは、多数の cDNA を集めて保管したものです。

2) 完全長 cDNA

メッセンジャーRNA (mRNA) の全長をカバーするように合成した cDNA のことで、全長のタンパク質を合成するための情報を有しています。

