

2025 年 1 月 20 日

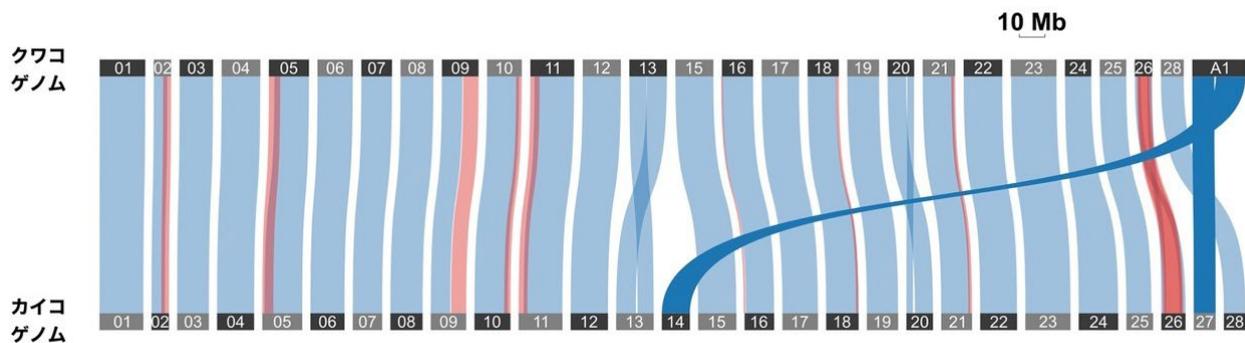
報道関係者各位

学習院大学

## 日本産クワコの染色体スケールのゲノム解読に成功

### ポイント

- 世界で初めてクワコ(*Bombyx mandarina*)の染色体スケールのゲノム解読に成功しました。
- 日本産のクワコの染色体数( $n=27$ )は、中国や韓国のクワコの染色体数( $n=28$ )よりも 1 本少ないことが知られていました。日本産クワコでは、第 14 染色体と第 27 染色体が融合していることが判明しました。
- 今後実験動物としてのクワコの利用を促進するため、ゲノムデータに生物学的な注釈をつけました（アノテーション情報整備）。



図

クワコゲノム（上）とカイコゲノム（下）の比較。ゲノム中の相同な遺伝子を紐づけている。青色の線は遺伝子の向きが両種のゲノムで同じであることを示し、赤色の線は遺伝子の向きが逆になっていることを示す。クワコの A1 染色体はカイコの第 14 染色体と 27 染色体と対応することがわかる。

### 研究の概要

学習院大学理学部生命科学科の李允求助教、同嶋田透教授、東京大学の木内隆史准教授、基礎生物学研究所の山口勝士主任技術員、同重信秀治教授、国立遺伝学研究所の豊田敦特任教授らの研究グループは、ロングリードシーケンシング技術を用い、日本産クワコの染色体スケールのゲノムアセンブリ<sup>\*1</sup>に成功しました。

このクワコ系統は、1982 年に埼玉県坂戸市で捕獲された個体から樹立した系統であり、世界的に見ても珍しい野生蛾類の長期累代による近交系です。また、遺伝子モデルの構築やゲノム編集ツールの適用を見据えたオープンクロマチンアッセイなど、クワコゲノムのアノテーション情報を整備しました。これらの情報は、カイコの家畜化の歴史を解き明かす上で重要な手掛かりとなることが期待されます。

本研究成果は、2025 年 1 月 7 日に国際学術誌「Scientific Data」に掲載されました。

# PRESS RELEASE

## 研究の背景

野外に生息する *Bombyx* 属の昆虫であるクワコは、カイコと最も近縁な種です。クワコとカイコの共通祖先を家畜化した生物がカイコであり、野外に留まり続けた個体群の子孫がクワコです。クワコには染色体数 27 の個体群と染色体数 28 の個体群が存在しており、染色体数 27 の個体群がいつ、どこで生じたのかについては未解明のままです。これまでは、主としてミトコンドリア COI 配列や rDNA 配列<sup>※2</sup>をもとにした系統解析が行われてきましたが、解析に用いることができる配列長が短いために得られる情報量は少なく、ゲノムスケールでの解析が望ましいとされてきました。クワコの全ゲノム配列は 2018 年に他グループの手によって初めて公開されましたが、当該アセンブリはコンティグレベル<sup>※3</sup>にとどまっており配列とその所属染色体の対応は取れていませんでした。

## 研究の内容

染色体スケールのクワコゲノムアセンブリを構築するため、1982 年から実験室内で維持されているクワコ系統をゲノム DNA の供与体にしました。ロングリードシーケンサーでドラフトゲノムアセンブリを作成したのち、Bionano Saphyr システムを利用してスキュアフォールディング<sup>※4</sup>を行いました。Saphyr システムによる optical genome mapping でも全てのコンティグを染色体に回収させることができなかつたため、さらに Hi-C seq<sup>※5</sup>によるスキュアフォールディングを行いました。その結果、配列数 27、つまり染色体数と等しい配列数のゲノムアセンブリを構築することに成功しました。このゲノムアセンブリを利用して、カイコとの比較ゲノム解析を行ったところ、クワコでは、カイコでいうところの第 14 染色体と第 27 染色体が融合していることが判明しました。

## 今後の展開

今回我々が解析したクワコ系統を含む、日本列島に生息するクワコは、現在調べられている限りにおいては、全て染色体数が 27 です。大陸に生息するクワコは染色体数 27 の個体群と染色体数 28 の個体群が混在しています。それらの個体群のゲノムをやはり染色体スケールで解読することによって、第 14 染色体と第 27 染色体がいつ、どこで起きたのか、全ての  $n=27$  の個体群で第 14 染色体と第 27 染色体の融合が起きているのか、ひいてはクワコの進化の歴史が明らかになるでしょう。

また、NBRP カイコでは、クワコの遺伝子資源の開発のために、クワコの染色体を 1 本だけ有する染色体置換システムを開発しています。研究チームが整備したクワコゲノムのアノテーション情報<sup>※6</sup>は、これらの染色体置換システムを利用する上でも有用であり、置換システムの利用の促進効果が期待されます。

## 発表者

李允求	学習院大学	助教
木内隆史	東京大学	准教授
山口勝士	基礎生物学研究所	主任技術員
重信秀治	基礎生物学研究所	教授
豊田敦	国立遺伝学研究所	特任教授
嶋田透	学習院大学	教授

# PRESS RELEASE

## 論文情報

論文名：A chromosome-level genome assembly of wild silkworm, *Bombyx mandarina*

雑誌：Scientific Data

著者名：Jung Lee, Takashi Kiuchi, Katsushi Yamaguchi, Shuji Shigenobu, Atsushi Toyoda & Toru Shimada

DOI：10.1038/s41597-025-04395-0

## 研究助成

本研究は JSPS 科学研究費助成事業(J18H03949,20K15535,24K17900)、2016 年度 NBRP ゲノム情報等整備プログラムの支援を受けて実施されました。

## 用語解説

### ※1 染色体スケール (のゲノムアセンブリ)

アセンブリに含まれる配列数と、染色体数が等しいか、あるいはほとんど同じ場合、そのアセンブリを「染色体スケールのゲノムアセンブリ」と表現する。

### ※2 ミトコンドリア COI 配列や rDNA 配列

ミトコンドリアの COI 配列は、高等真核生物全体で塩基配列が一定に保たれているため、種や系統関係を判別・解析するために利用される。rDNA 配列とは、rRNA (リボソーム RNA) をコードする配列であり、ウイルスを除く全生物に存在する。進化速度が比較的遅く、種のレベルにおいて高い相同性を示すことが知られており、系統関係の解析のために利用されることが多い。

### ※3 コンティグレレベル (のゲノムアセンブリ)

次世代シーケンサーから出力された配列を繋ぎ合わせた一次的なアセンブリを指す。配列数は、染色体数よりもはるかに多い場合が多く、その配列がどの染色体に由来するのか、帰属情報が明らかでない場合も多い。

### ※4 スキャフォールドニング

ショートリードデータ、あるいはロングリードデータから一次的に作成された (ゲノム) アセンブリのことをドラフトアセンブリと呼ぶ。ドラフトアセンブリが染色体スケールであることは稀であり、通常はドラフトアセンブリに含まれる配列 (コンティグと呼ぶ) をさらにつなぎ合わせる作業を要する。この作業のことをスキャフォールドニングと呼ぶ。スキャフォールドニングの結果、contig 同士が繋がって生じた、より長い配列のことをスキャフォールドと呼ぶ。

### ※5 Hi-C seq

Hi-C は、High-throughput chromosome conformation capture の略。ゲノムの 3 次元構造の解析法の 1 つである。3 次元空間上で近接するゲノム領域を特定することができ、その性質を利用して、スキャフォールドニングに用いられることも多い。

# PRESS RELEASE

---

## ※6 (ゲノム) アノテーション

遺伝子構造や遺伝子機能の情報、近縁生物ゲノムとの比較情報、関連文献等の様々な生物学的関連情報をゲノム配列に付与することを指す。

### 研究に関する問い合わせ

学習院大学理学部生命科学科 助教

李允求(り ゆんぐ)

E-mail : yungu.ri@gakushuin.ac.jp

### 報道に関する問い合わせ

学習院大学学長室広報センター

Tel : 03-5992-1008

E-mail : koho-off@gakushuin.ac.jp