

参考資料

日中共同研究によりほぼ完全にカイコゲノム塩基配列の解読に成功

開発の社会的背景

(独)農業生物資源研究所(生物研)は、遺伝資源となるカイコ品種を豊富に保有するのみならず、それらの詳しい遺伝情報を蓄積しており、それらを活用して昆虫産業創出や蚕糸業に貢献することを目指している。これまでに、全ゲノムショットガン(WGS)方式でカイコゲノムの80%を解読してきた。一方、中国西南大学においても北京ゲノム研究所と共同でカイコゲノムの解読を行ってきた。このように日中両国で独自にカイコゲノム解読を行っていたが、それぞれ単独では実用的に利用するには不十分な情報であり、両者の情報を統合して完全なカイコゲノム情報を得ることが切望されていた。

研究の経緯

このため、日中の両研究機関は、2006年3月24日にカイコゲノム情報統合の合意をし、共同研究として高精度カイコゲノムの解読を進めてきた。今回、ほぼ完全にカイコゲノム塩基配列を解読することに成功した。

研究の内容・意義

高精度カイコゲノム塩基配列解読の成果の概要は以下の通りである。

1. 日中のWGSデータを統合することで得られたカイコゲノムの8.5倍量の塩基配列断片情報と新たに得られたより長い断片の両端塩基配列情報を合わせて、東京大学大学院新領域創成科学研究科が開発したプログラム(RAMEN アセンブラー)を用いてつなぎあわせた(図1)。
2. その結果、計8万9千個のシーケンスコンティグと4万4千個のスキヤホルドが得られ、これらの合計は432 Mbとなり、カイコゲノムの91%に相当した。シーケンスコンティグの平均長は15,500 bpで、スキヤホルドの平均長は3.7 Mbとなり、高い精度での解読結果が得られた。
3. これらのスキヤホルドについて分子マーカーを用いて、染色体に貼付けたところ、全染色体の87%を塩基配列情報でカバーすることができた。
4. 得られた高精度のカイコゲノム情報を地図情報と統合し、生物研のHPでKAIKObase (<http://sgp.dna.affrc.go.jp/KAIKObase/>)として公開し、国内外の全ての研究者が利用できる体制を整備した(図2)。

今後の予定・期待

日中共同研究で得られた成果は、カイコゲノム情報のデータベース等の利用により、遺伝子組換えカイコによる有用物質生産や、他の昆虫への応用による新たな農薬の開発など産業利用に大きく貢献できると考えられる。今後、日中両国は国際コンソーシアムを組織し、世界の関連する研究者の協力の下にカイコゲノム情報からの遺伝子の推定作業を行う予定である。さらに、生物研は、中国をはじめとする世界の研究者との間で、絹・タンパク質合成系の利用、農薬開発に重要な食性機構の解明、脱皮・変態機構の解明と利用等について、より一層の情報交換および共同研究を行い、カイコをはじめとする昆虫の遺伝子機能解析に関して主導的役割を担うことが期待される。

用語の解説

<全ゲノムショットガン(WGS)方式>

全ゲノム解読に常用されている方法で、短期間に低コストで行えるという利点がある。カイコの場合、ゲノム DNA をバラバラにして、各 DNA 断片の両端の塩基配列を読み取り、読み取った塩基配列断片をコンピュータ上でつなぎ合わせた。

<シーケンスコンティグ>

WGS の塩基配列断片の重複した部分をつなぎ合わせた塩基配列。

<スキャホルド>

シーケンスコンティグをさらに長い DNA 断片の両端塩基配列情報を使ってつなぎあわせた塩基配列。

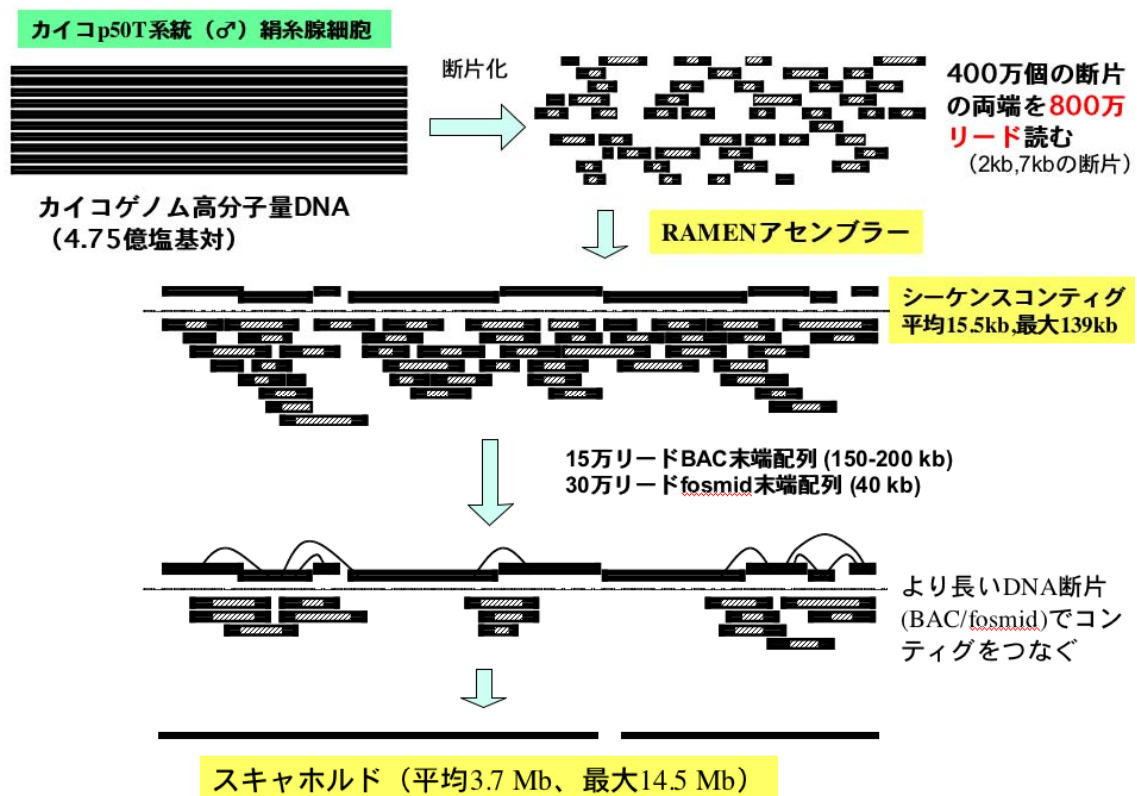
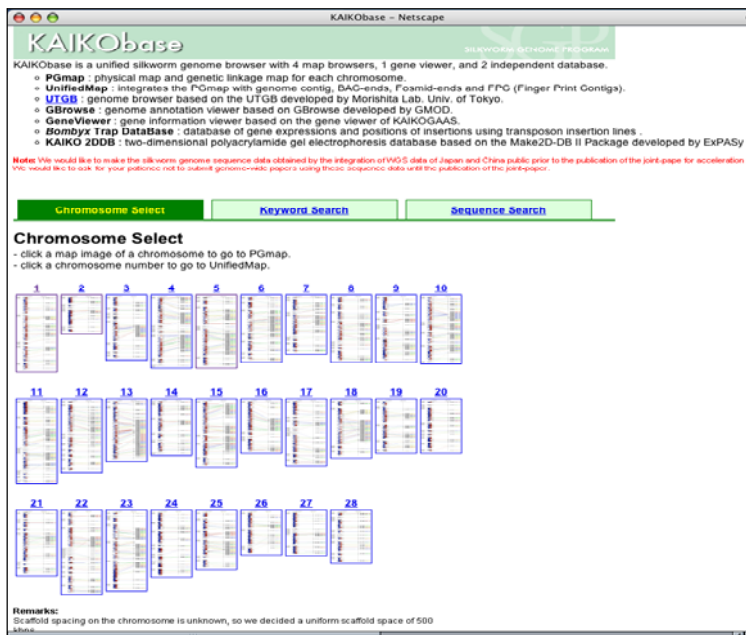
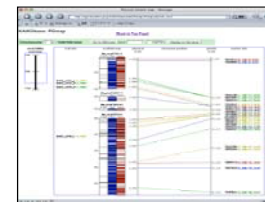


図1 ホールゲノムショットガン(WGS)法の概略

トップ 画面



[http:// sgp .dna .affrc .go. jp /KAIKObase /](http://sgp.dna.affrc.go.jp/KAIKObase/)



2. Keyword 検索



3. BLAST 検索



図2 カイコゲノムデータベース
KAIKObase <<http://sgp.dna.affrc.go.jp/KAIKObase/>>