

## 科学研究費助成事業 研究成果報告書

平成 28 年 6 月 20 日現在

機関番号：12601

研究種目：新学術領域研究（研究領域提案型）

研究期間：2010～2014

課題番号：22128004

研究課題名（和文）カイコとその近縁種における寄主植物選択機構の進化

研究課題名（英文）Evolution of host plant selection in the mulberry silkworm and other bombycoids

研究代表者

嶋田 透（Shimada, Toru）

東京大学・農学生命科学研究科・教授

研究者番号：20202111

交付決定額（研究期間全体）：（直接経費） 90,000,000 円

研究成果の概要（和文）：カイコガ上科では、イチジク属食などの原始食性からクワ食が進化してきた。クワは高濃度の糖類似アルカロイドを含有しており、カイコや近縁種は何らかの方法で毒性を克服してきた。カイコのクワ選好性の機構解明のため、広食性変異体 *spli* を解析したところ、それらの原因が、POUホメオドメインを持つ転写因子の遺伝子にあることを解明した。これら変異体では嗅覚受容体などの遺伝子発現が大きく変化しており、それが食性変異の原因と予想された。一方、アルカロイドが標的とするスクラーゼのうち主要なものは、カイコでのみ抵抗性が見られた。ゲノム・トランスクリプトームの解析の結果から、標的酵素が量的・質的に進化したと推定された。

研究成果の概要（英文）：The larval food habits of bombycoid silkmoths have been presumably evolved from Ficus feeding to Morus (mulberry) one. The latex of mulberry contains sugar-mimic alkaloidal toxins, and the mulberry feeders (*Bombyx* etc.) must overcome the toxicity. The polyphagous mutants, Bt and *spli* were analyzed to understand the genetic basis of mulberry feeding in *Bombyx*. We found that a transcription factor gene (*Bmacj6*) was defective in the mutants. The expression of the genes encoding olfactory receptors and so on was over- or mis-expressed in sensory organs of the mutants. On the other hand, we found that the major sucrases were enzymatically more tolerant to the mulberry alkaloids in *Bombyx* than in non-mulberry bombycoids. The results of RNA-seq, genome sequencing, and genome editing suggested that the sucrases and other enzymes influenced by the sugar-mimic alkaloids have evolved quantitatively and qualitatively so that the mulberry-feeding species have overcome the toxicity.

研究分野：昆虫遺伝学

キーワード：複合適応形質 共進化 比較ゲノム トランスクリプトーム 発現制御

## 1. 研究開始当初の背景

生物の進化は、しばしば飛躍的である。爬虫類から鳥類への進化に伴う翼の獲得や、キリンの首が長くなる適応など、枚挙にいとまがない。飛躍的進化には複数の遺伝子が同時に進化する必要がある。新学術領域研究「複合適応形質進化の遺伝子基盤解明」は、種々の生物群の適応進化において、複数の遺伝子が同時に進化したと考えられる形質(複合適応形質)に注目し、その形質進化の機構を遺伝子・ゲノムレベルで解明することを目指してきた。本計画研究「カイコとその近縁種における寄主植物選択機構の進化」では、カイコおよび近縁種(カイコガ科、カイコガ上科)の種間のゲノム比較や変異系統の解析を通して、カイコガ科における食性進化、とくに寄主としてのクワへの適応の機構を明らかにしようとした。

## 2. 研究の目的

カイコはクワ属植物のみを餌とするが、近縁のイチジクカサンなどはガジュマルなどイチジク属の葉を食餌としている。クワは乳液中に糖類似アルカロイドを含み、多くの昆虫に毒性を示す。カイコとその近縁種の体系的な比較トランスクリプトーム解析を行い、クワの毒素へ耐性の進化機構を解明する。また、カイコには多くの食性変異体が存在し、クワ以外の植物でも摂食する。これら変異体の原因遺伝子を解析して、食性を支える遺伝子システムを解明するとともに、クワ食への進化の機構を探る。

## 3. 研究の方法

- (1) カイコのいくつかの食性変異体を用いて、食性形質を支配する遺伝子のポジショナルクローニングを行った。すなわち、食性異常(広食性)系統と正常(クワ単食性)系統とを交雑し、BC1世代の数百個体を用いて、染色体上のDNAマーカーと食性形質の連鎖を明らかにすることにより、原因遺伝子を染色体上で絞り込んだ。
- (2) ゲノムレベルで食性を支配する遺伝子を解明するため、当初配列情報が得られていなかったイチジクカサン(*Trilocha varians*; 食草はクワ科イチジク属)およびエリサン(*Samia cynthia ricini*; 食草はトウダイグサ科ヒマなど)の全ゲノム配列を次世代シーケンサーによって解読し、*de novo* でアセンブルした。
- (3) カイコ初期胚において、TALEN およびCRISPR/Cas9 システムを用いて、遺伝子をノックアウトし、形質を観察した。
- (4) 感覚器官や消化器官のトランスクリプトームを解明するため、次世代シーケンサーを用いて種々のRNA-seq解析を実施した。

## 4. 研究成果

- (1) カイコの広食性変異体の原因遺伝子の単離とトランスクリプトーム解析  
カイコではクワ以外の餌を摂食する広食性変異体が分離されている。本研究では、先行研究で独立に得られていた *spli* (*soft and pliable*) と *Bt*

(*Beet feeder*) が、互いに複対立遺伝子であることを明らかにし、これらの原因遺伝子が、転写因子をコードする *Bmacj6* であることを解明した。*BmAcj6* タンパク質は、POU-ホメオドメインを持つDNA結合タンパク質であると推定され、ショウジョウバエの化学感覚の変異体 *acj6* 変異体の原因遺伝子がコードする *Acj6* のオースログであった。*spli* / *Bt* 変異体の感覚器官である成虫触角、幼虫触角、幼虫小顎のそれぞれについて、Illumina の次世代シーケンサーによるRNA-Seqを実施し、正常蚕と変異体の間でトランスクリプトームを比較したところ、変異体ではフェロモン受容体などの嗅覚受容体の遺伝子を中心にして、多くの遺伝子で発現量が変化していた。これらの変化によって、味覚や嗅覚が異常になり、広食性が発現するものと推定された。

他の広食性変異体である *Np*, *Np-A4*, *pph* のそれぞれに関しても、候補遺伝子を絞りこみ、機能解析を実施したが、原因遺伝子を確定されるには至らなかった。

## (2) カイコ近縁種における中腸の二糖分解酵素の糖類似アルカロイド抵抗性

カイコガ科に属するクワ食昆虫のうち4種(カイコ、クワコ、ウスバクワコ、クワノメイガ)と、非クワ食の4種(カイコガ科のイチジクカサンとテンオビシロカサン、ヤママユガ科のエリサンとサクサン)の幼虫中腸を対象にして、Illumina によるRNA-Seq解析を行った。各昆虫種のコンティグ配列を相互に対応付けし、アノテーションしてリストを作成した。このリストから、クワ食昆虫が非クワ食の昆虫よりも多く発現する遺伝子を抽出した結果、糖類似アルカロイド抵抗性スクラーゼをコードする *-fructofuranosidase* (*Suc1*) や *Maltase-1* (*Mal1*) など二糖分解酵素遺伝子が含まれていた。そこで、以下に説明するように、これら遺伝子がクワ食への適応に関与しているかどうか検証した。

*Mal1* については、カイコ *BmMal1*、イチジクカサン *TvMal1*、エリサン *ScrMal1* のそれぞれを、バキュロウイルス *AcMNPV* を用いて発現させた。精製した各酵素の活性を測定し基質特異性を調べるとともに、糖類似アルカロイド DNJ (1-deoxynojirimycin) および D-AB1 (1,4-dideoxy-1,4-imino-D-arabinitol) による50%阻害濃度(IC50)を3つの酵素の間で比較した。3つの酵素はいずれもマルトースとスクロースの両者を基質とすることが分かった。また、*BmMal1* は *TvMal1* や *ScrMal1* よりも2~3倍、糖類似アルカロイドに高い抵抗性を示しており、クワ食性とアルカロイド抵抗性に関連があることは分かった。

*BmMal1* がアルカロイドに抵抗性を示す機構を、アミノ酸残基レベルで明らかにしようとした。*BmMal1* と *TvMal1* のキメラタンパク質を作製し、その性状解析を行い、抵抗性に関わるアミノ酸配列を絞り込んだ。種々のキメラを比較した結果、D-AB1 に対する抵抗性にはN末端から198番目までのアミノ酸残基の寄与が大きく、DNJ に対する抵抗性には199番目から290番目までの残

基の寄与が大きいことが判明した。

もう1つの主要なスクラーゼである Sucrose hydrolase (遺伝子名 *Suh*) についても調べた。カイコ BmSUH、イチジクカサン TvSUH、エリサン ScSUH のそれぞれを、バキュロウイルスを用いて大量発現させた。得られた組換えタンパク質の基質特異性を調べた結果、いずれも、配列上は -glucosidase であるにもかかわらず、スクロース特異的な加水分解活性を示し、マルトースをほとんど分解しなかった。また、BmSUH は、TvSUH や ScSUH に比べて糖類似アルカロイドへの抵抗性が強いことが判明した。上記の *Mal1* と同様に、*Suh* もクワのアルカロイドへ適応して進化してきたと想像される。

これら二糖分解酵素遺伝子の機能を知る目的で、それぞれの遺伝子をノックアウト(KO)する実験を行った。TALEN によって BmSuc1 にフレームシフト変異を導入した KO カイコ個体を作出した。しかし、意外なことに、BmSuc1 KO 個体は桑葉育において生存や成長に影響は無く、繁殖も可能であった。また、人工飼料に糖類似アルカロイドを添加した場合においても、正常蚕と同様の成長であった。一方、KO 個体は、5 齢幼虫の中腸の可溶性画分におけるスクラーゼ活性が、正常蚕の半分ほどに低下していた。また DNJ や D-AB1 に対するスクラーゼ活性の抵抗性も、顕著に減少していた。

アルカロイド抵抗性には、*Suc1* 以外の酵素が関与していると考えられたので、次に BmMal1 遺伝子を CRISPR/Cas9 を用いて KO し、BmSuc1 と BmMal1 を同時に欠損した個体を作出した。予想に反し、このダブル KO 個体も、桑葉育で正常個体と同様に成長した。ダブル KO 個体の中腸可溶性画分のスクラーゼ活性は、ゼロに近い値を示したことから、可溶性スクラーゼは成長に必須ではないことが判明した。

以上より、可溶性スクラーゼ活性よりも膜結合型スクラーゼがクワへの適応に重要である可能性が考えられるため、膜結合型スクラーゼをコードする *BmSuh* への変異導入を行った。CRISPR/Cas9 で *BmSuh* をノックアウトしたカイコを作出したところ、桑葉で飼育した場合に明瞭な成長遅延が認められた。*BmSuh* がクワ食への適応に必要であることが示された。

(2) カイコ近縁種における絹糸腺の酵素とクワ食の関連性

カイコが吐く糸にはスクラーゼ活性があり、絹糸腺の機能が食性に関連する可能性がある。カイコガ科の昆虫では、*Suc1* 遺伝子が中腸だけでなく絹糸腺においても発現が多い。絹糸腺は、本来、繭を作るために発達した器官であるが、カイコガ科昆虫は幼虫期においても頻りに葉面に吐糸するため、絹糸腺が消化に関しても貢献している可能性がある。そこで、上記と同じ 8 種の昆虫で、前部糸腺・中部糸腺の遺伝子発現を RNA-Seq で比較した。その結果、種特異的な発現パターンが明らかになった。

(3) イチジクカサンとエリサンのゲノムの解読と、カイコとの比較

以上のような量的、質的なクワ食への適応の機

構を明らかにするには、カイコに近縁の非クワ食種であるイチジクカサンのゲノム情報を解読し、カイコのゲノムと比較することが有効である。Illumina のリードをアセンブルした結果、Scaffold の N50 が 2.8 Mb、Contig の N50 が 17.1 kb となり、良好なゲノム配列が得られた。また、エリサンの全ゲノムの解析も、同様の結果となった。今後、これらのゲノムをカイコと比較することで、遺伝子発現パターンの種間差異や、アルカロイドへの抵抗性の進化の機構を解明するための手がかりが得られると期待される。

5. 主な発表論文等(研究代表者、研究分担者、研究協力者の氏名に下線を付す)

(雑誌論文)(計 28 件)

1) 原著論文(Acknowledgments に明記されているもののみ;24 件)

Fujii, T., Abe, H., Katsuma, S., and Shimada, T. (2011). Identification and characterization of the fusion transcript, composed of the apterous homolog and a putative protein phosphatase gene, generated by 1.5-Mb interstitial deletion in the vestigial (*Vg*) mutant of *Bombyx mori*. *Insect Biochem. Mol. Biol.* *41*, 306-312.

Fujii, T., Ito, K., Tatematsu, M., Shimada, T., Katsuma, S., and Ishikawa, Y. (2011). Sex pheromone desaturase functioning in a primitive *Ostrinia* moth is cryptically conserved in congeners' genomes. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA.* *108*, 7102-7106.

Fujii, T., Fujii, T., Namiki, S., Abe, H., Sakurai, T., Ohnuma, A., Kanzaki, R., Katsuma, S., Ishikawa, Y., and Shimada, T. (2011). Sex-linked transcription factor involved in a shift of sex pheromone preference in the silkworm, *Bombyx mori*. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA.* *108*, 18038-18043.

Kiuchi, T., Banno, Y., Katsuma, S., and Shimada, T. (2011). Mutations in an amino acid transporter gene are responsible for sex-linked translucent larval skin of the silkworm, *Bombyx mori*. *Insect Biochem Mol Biol.* *41*, 680-687.

Fujii, T., Abe, H., Yamamoto, K., Katsuma, S., and Shimada, T. (2011). Interspecies linkage analysis of *mo*, a *Bombyx mori* locus associated with mosaicism and gynandromorphism. *Genetica.* *139*, 1323-1329.

Daimon, T., Fujii, T., Yago, M., Hsu, Y.-F., Nakajima, Y., Fujii, T., Katsuma, S., Ishikawa, Y., and Shimada, T. (2012). Female sex pheromone and male behavioral responses of the bombycid moth *Trilocho varians*: comparison with those of the domesticated silkworm *Bombyx mori*. *Naturwissenschaften* *99*, 207-215.

Daimon, T., Kozaki, T., Niwa, R., Kobayashi, I., Furuta, K., Namiki, T., Uchino, K., Banno, Y., Katsuma, S., Tamura, T., Mita, K., Sezutsu, H., Nakayama, M., Itoyama, K., Shimada, T., and Shinoda, T. (2012). Precocious metamorphosis in the juvenile hormone-deficient mutant of the silkworm, *Bombyx mori*. *PLoS Genet.* *8*, e1002486.

Ito, K., Kidokoro, K., Katsuma, S., Shimada, T., Yamamoto, K., Mita, K., and Kadono-Okuda, K. (2012). Positional cloning of a gene responsible for the *cts* mutation of the silkworm, *Bombyx*

- mori*. Genome 55, 493-504.
- Daimon, T., Fujii, T., Fujii, T., Yokoyama, T., Katsuma, S., Shinoda, T., Shimada, T., and Ishikawa, Y. (2012). Reinvestigation of the sex pheromone of the wild silkworm, *Bombyx mandarina*: The effects of bombykal and bombykyl acetate. *J. Chem. Ecol.* 38, 1031-1035.
- Fujii, T., Banno, Y., Abe, H., Katsuma, S., and Shimada, T. (2012). A homolog of the human Hermansky-Pudluc Syndrome-5 (*HPS5*) gene is responsible for the *oa* larval translucent mutants in the silkworm, *Bombyx mori*. *Genetica* 140, 463-468.
- Katsuma, S. and Shimada, T. (2012). Comparative studies of *Bombyx mori* nucleopolyhedrovirus infection in BmN4 cell lines maintained in different laboratories. *J. Insect Biotechnol. Sericol.* 81, 7-12.
- Wang, L., Kiuchi, T., Fujii, T., Daimon, T., Li, M., Banno, Y., Katsuma, S., and Shimada, T. (2013). Reduced expression of the *dysbindin*-like gene in the *Bombyx mori* *ov* mutant exhibiting mottled translucency of the larval skin. *Genome* 56, 101-108.
- Fujii, T., Abe, H., Kawamoto, M., Katsuma, S., Banno, Y., and Shimada, T. (2013). Albino (*al*) is a tetrahydrobiopterin (BH4)-deficient mutant of the silkworm *Bombyx mori*. *Insect Biochem. Mol. Biol.* 43, 594-600.
- Lin, Y., Meng, Y., Wang, Y.-X., Luo, J., Katsuma, S., Yang, C.-W., Banno, Y., Kusakabe, T., Shimada, T., and Xia, Q.-Y. (2013). Vitellogenin receptor mutation leads to the oogenesis mutant phenotype '*scanty vitellin*' of the silkworm, *Bombyx mori*. *J. Biol. Chem.* 288, 13345-13355.
- Wang, L., Kiuchi, T., Fujii, T., Daimon, T., Li, M., Banno, Y., Kikuta, S., Kikawada, T., Katsuma, S., and Shimada, T. (2013). Mutation of a novel ABC transporter gene is responsible for the failure to incorporate uric acid in the epidermis of *ok* mutants of the silkworm, *Bombyx mori*. *Insect Biochem. Mol. Biol.* 43, 562-571.
- Bisch-Knaden, S., Daimon, T., Shimada, T., Hansson, B. S., and Sachse, S. (2013). Anatomical and functional analysis of domestication effects on the olfactory system of the silkworm *Bombyx mori*. *Proc. Biol. Sci.* 281, 20132582
- Hori, T., Kiuchi, T., Shimada, T., Nagata, M., and Katsuma, S. (2013). Silkworm plasmatocytes are more resistant than other hemocyte morphotypes to *Bombyx mori* nucleopolyhedrovirus infection. *J. Invertebr. Pathol.* 112, 102-104.
- Namiki, S., Daimon, T., Iwatsuki, C., Shimada, T., and Kanzaki, R. (2014). Antennal lobe organization and pheromone usage in bombycid moths. *Biol. Lett.* 10, 20140096.
- Kiuchi, T., Koga, H., Kawamoto, M., Shoji, K., Sakai, H., Arai, Y., Ishihara, G., Kawaoka, S., Sugano, S., Shimada, T., Suzuki, Y., Suzuki, M. G., and Katsuma, S. (2014). A single female-specific piRNA is the primary determiner of sex in the silkworm. *Nature* 509, 633-636.
- Fujii, T., Abe, H., Kawamoto, M., Banno, Y., and Shimada, T. (2015). Positional cloning of the sex-linked giant egg (*Ge*) locus in the silkworm, *Bombyx mori*. *Insect Mol. Biol.* 24, 213-221.
- Wang, H., Kiuchi, T., Katsuma, S., and Shimada, T. (2015). A novel sucrose hydrolase from the bombycid silkworms *Bombyx mori*, *Trilocha varians*, and *Samia cynthia ricini* with a substrate specificity for sucrose. *Insect Biochem. Mol. Biol.* 61, 46-52.
- Lee, J., Kiuchi, T., Kawamoto, M., Shimada, T., and Katsuma, S. (2015). Identification and functional analysis of a *Masculinizer* orthologue in *Trilocha varians* (Lepidoptera: Bombycidae). *Insect Mol. Biol.* 24, 561-569.
- Ito, K., Katsuma, S., Kuwazaki, S., Jouraku, A., Fujimoto, T., Sahara, K., Yasukochi, Y., Yamamoto, K., Tabunoki, H., Yokoyama, T., Kadono-Okuda, K., and Shimada, T. (2015). Mapping and recombination analysis of two moth colour mutations, *Black moth* and *Wild wing spot*, in the silkworm *Bombyx mori*. *Heredity* 116, 52-59.
- Yuasa, M., Kiuchi, T., Banno, Y., Katsuma, S., and Shimada, T. (2016). Identification of the silkworm quail gene reveals a crucial role of a receptor guanylyl cyclase in larval pigmentation. *Insect Biochem. Mol. Biol.* 68, 33-40.
- 2) 総説等(4件)
- 嶋田 透(2012)カイコとクワの結びつきの進化的起源. シルクだより ((財)大日本蚕糸会). 44: 7-9.
- 嶋田 透(2014)カイコの生理・遺伝学的研究における遺伝子組換え技術の利用. 生物試料分析.
- 嶋田 透(2014)カイコの遺伝資源とゲノム情報を利用した新たな研究展開. [特集: 昆虫のゲノム研究と新産業への応用] JATAFF ジャーナル. 2(7): 15-23.
- 嶋田 透(2015)昆虫の食性の進化を遺伝子で説明できるか? (特集「ゲノムで進化の謎を解く」). 細胞工学 34: 202-207.
- (学会発表)(計 32 件)
- 嶋田透(2010)カイコの食性およびフェロモン応答性の進化. 公開シンポジウム「複合適応形質の進化」(新学術領域研究「複合適応形質進化の遺伝子基盤解明」), 東京大学農学部(口頭発表)
- 藤井告・藤井毅・阿部広明・大沼昭夫・勝間進・嶋田透(2010)カイコの伴性突然変異 *spli* と *Bt* に認められる性フェロモン応答性の異常. 公開シンポジウム「複合適応形質の進化」(新学術領域研究「複合適応形質進化の遺伝子基盤解明」), 東京大学農学部(ポスター発表)
- 嶋田 透(2010)ゲノム情報からみたカイコとクワの特殊な関係とその進化. 東京大学大学院農学生命科学研究科アグリバイオインフォマティクス教育研究プログラムシンポジウム「アグリバイオインフォマティクスの新たな発展」, 東京大学弥生講堂(口頭発表)
- Shimada, T., Daimon, T., Fujii, T., Kubo, M., Meng, Y., and Katsuma, S. (2011) Genetic studies on adaptation of bombycid silkworms to the mulberry. The 20th CDB Meeting "Molecular Bases for Evolution of Complex Traits", RIKEN Center for Developmental

Biology, Kobe, Japan(招待講演)

嶋田透・孟艶・吉永武史・國生龍平・王華兵・加藤裕子・木内隆史・藤井告・勝間進・大門高明(2011)ゲノム情報を用いたカイコの食性進化メカニズムの解明. 第84回日本生化学会大会 シンポジウム「ゲノム時代の生化学」、国立京都国際会館(京都市)(招待講演)

大門高明・藤井告・勝間進・篠田徹郎・石川幸男・嶋田透(2011)カイコとその近縁種における性フェロモンシステムの比較解析. 平成23年度日本蚕糸学会 第66回東北支部・第62回関東支部・第77回関西支部・第67回九州支部 合同大会 -蚕糸・昆虫機能利用学術講演会、岩手大学農学部(盛岡市)(口頭発表)

加藤裕子・王華兵・木内隆史・大門高明・矢後勝也・中島裕美子・前川秀彰・Yu-Feng Hsu・藤井告・勝間進・嶋田透(2011)各種クワ科植物に対するカイコとイチジクカサンの摂食性. 平成23年度日本蚕糸学会 第66回東北支部・第62回関東支部・第77回関西支部・第67回九州支部 合同大会 -蚕糸・昆虫機能利用学術講演会、岩手大学農学部(盛岡市)(口頭発表)

王華兵・木内隆史・國生龍平・大門高明・勝間進・嶋田透(2011)鱗翅目昆虫における-フルクトフラノシダーゼ遺伝子の転写調節. 平成23年度日本蚕糸学会 第66回東北支部・第62回関東支部・第77回関西支部・第67回九州支部 合同大会 -蚕糸・昆虫機能利用学術講演会、岩手大学農学部(盛岡市)(口頭発表)

Shimada, T., Daimon, T., Fujii, T., Meng, Y., Wang, H., Abe, H., Ohnuma, A., Kiuchi, T., and Katsuma, S. (2012) Genomic studies on the relationship between the silkworm and its food plant, mulberry. Genome Research: Current Challenges and Future Directions. KOKUYO HALL(東京都港区)(招待講演)

Shimada, T., Daimon, T., Fujii, T., Meng, Y., Wang, H., Abe, H., Ohnuma, A., Kiuchi, T., and Katsuma, S. (2012) Genetic and genomic studies on the food habits of the silkworm. Special Lecture for the Silver Jubilee of the Department of Biotechnology (DBT), Ministry of Science & Technology, Indian Government, Centre for DNA Fingerprinting and Diagnostics, Hyderabad, India, India(招待講演)

木内隆史・加藤裕子・王華兵・大門高明・中島裕美子・前川秀彰・孟艶・門田幸二・鈴木穰・菅野純夫・矢後勝也・Yu-Feng Hsu・勝間進・嶋田透(2012)カイコガ亜科における食性の進化. クワコ談話会、琉球大学理学部(沖縄県中頭郡西原町)(口頭発表)

加藤裕子・木内隆史・王華兵・大門高明・勝間進・嶋田透(2012)カイコガ科のクワへの適応におけるクワ乳液成分に対する抵抗性獲得の重要性. 日本蚕糸学会第82回大会(平成24年度蚕糸・昆虫機能利用学術講演会)、九州大学箱崎キャンパス(福岡市)(口頭発表)

嶋田透・藤井告・藤井毅・並木重宏・阿部広明・櫻井健志・大沼昭夫・神崎亮平・勝間進・石川幸男(2012)カイコの変異体を用いた嗅覚・味覚の分子遺伝学的研究. 第56回日本応用動物昆虫学会大会(学会主催シンポジウム「昆虫における嗅覚受容と情報処理」、奈良県新公会堂(奈良市)、招待講演)

藤井告・川本宗孝・阿部広明・伴野豊・勝間進・嶋田透(2012)カイコのアルビノ(al)はテトラヒドロピオブテリン(BH4)生合成関連遺伝子に変異を持つ. 第56回日本応用動物昆虫学会大会、近畿大学農学部・奈良キャンパス(奈良市)(口頭発表)

木内隆史・王華兵・加藤裕子・藤井告・大門高明・門田幸二・鈴木穰・菅野純夫・勝間進・嶋田透(2012)カイコとその近縁種における寄主植物選択機構の進化. 第56回日本応用動物昆虫学会大会(小集会 W02「昆虫の適応形質進化へゲノム科学的アプローチ」)、近畿大学農学部・奈良キャンパス(奈良市)(口頭発表)

大門高明・嶋田透(2012)カイコとその近縁種における性フェロモンシステムの進化. 第56回日本応用動物昆虫学会大会(小集会 W09「深化するガ類性フェロモンの真価」)、近畿大学農学部・奈良キャンパス(奈良市)(口頭発表)

Shimada, T. (2012) Positional cloning of the genes controlling silkworm-specific traits. The Third Asia-Pacific Congress of Sericulture and Insect Biotechnology(APSERI 2012), State Key Laboratory of Silkworm Genome Biology, Southwest University, Beibei, Chongqing, China.(招待講演)

Wang, H., Kiuchi, T., Daimon, T., Kokushom R., Kato, Y., Meng, Y., Kadota, K., Suzuki, Y., Sugano, S., Katsuma, S., and Shimada, T. (2012) RNA-seq analyses revealed that the genes coding for beta-fructofuranosidase and alpha-glucosidases are more highly expressed in the midgut of mulberry feeders than in that of non-mulberry feeders. The Third Asia-Pacific Congress of Sericulture and Insect Biotechnology(APSERI 2012), State Key Laboratory of Silkworm Genome Biology, Southwest University, Beibei, Chongqing, China)(口頭発表)

Shimada, T., Fujii, T., Wang, H., Fujii, T., Abe, H., Ohnuma, A., Ishikawa, Y., Kiuchi, T., and Katsuma, S. (2012) Molecular genetic studies on the *spli* locus controlling pheromone preference in the silkworm, *Bombyx mori*. XXIV International Congress of Entomology. The EXCO-Daegu Convention Center, Daegu, Korea, (口頭発表)

Shimada, T., Fujii, T., Daimon, T., Abe, H., Hirayama, C., Ohnuma, A., and Katsuma, S. (2012) Positional cloning of the genes responsible for important traits in the silkworm. XXIV International Congress of Entomology. The EXCO-Daegu Convention Center, Daegu, Korea, (口頭発表)

嶋田透・木内隆史・王華兵・大門高明・藤井告・勝間進・門田幸二・鈴木穰・菅野純夫(2012)カイコとその近縁種における寄主植物選択機構の進化. 新学術領域研究「複合適応形質進化の遺伝子基盤解明」平成24年度 公開シンポジウム、東京大学弥生講堂(東京都文京区)(口頭発表)

Wang, H., Kiuchi, T., Daimon, T., Kadota, K., Suzuki, Y., Sugano, S., Kokusho, R., Katsuma, K., and Shimada, T. (2012) Enzymatic adaptation of mulberry feeders to sugar-mimic alkaloids in mulberry. 新学術領域研究「複合適応形質進化の遺伝子基盤解明」平成24年度 公開シンポジウム、東京

大学弥生講堂(東京都文京区)(口頭発表)

山野 峻・木内隆史・王 華兵・鈴木 穰・菅野純夫・大門高明・門田幸二・勝間 進・嶋田透(2012)カイコの二糖分解酵素のクワ乳液毒素に対する適応. 日本蚕糸学会 第 62 回関東支部大会 - 蚕糸・昆虫機能利用学術講演会、東京農工大学工学部(東京都小金井市)(口頭発表)

大門高明・Hsu Yu- Fen・藤井 毅・藤井 告・中島裕美子・石川幸男・嶋田 透(2013)テノオピシロカサンのバイオリゾーと性フェロモン. 日本蚕糸学会第 83 回大会(平成 25 年度蚕糸・昆虫機能利用学術講演会)、農林水産技術会議事務局筑波事務本館(つくば市)(口頭発表)

王 華兵・木内隆史・勝間 進・嶋田 透(2013)カイコにおける新たなトレハラゼ遺伝子. 日本蚕糸学会第 83 回大会(平成 25 年度蚕糸・昆虫機能利用学術講演会)、農林水産技術会議事務局筑波事務本館(つくば市)(口頭発表)

山野 峻・木内隆史・王 華兵・鈴木 穰・菅野純夫・大門高明・門田幸二・勝間 進・嶋田透(2013)カイコ二糖分解酵素の糖類似アル万ロイド に対する抵抗性. 日本蚕糸学会第 83 回大会(平成 25 年度蚕糸・昆虫機能利用学術講演会)、農林水産技術会議事務局筑波事務本館(つくば市)(口頭発表)

嶋田 透(2013)カイコとクワの特別な結びつきとその進化. 第 20 回 生物資源利用・環境研究会、信州大学繊維学部 A R E C・Fii プラザ(上田市)(招待講演)

嶋田透(2014)トランスクリプトーム解析が解き明かす昆虫の食性進化の機構. 文部科学省科学研究費新学術領域研究「ゲノム支援」公開シンポジウム「次世代ゲノム科学の最前線」、東京国際フォーラム(丸の内)(招待講演)

Kiuchi, T., Wang, H., Kawamoto, M., Yamano, T., Hiramatsu, Y., Kadota, K., Suzuki, Y., Sugano, S., Katsuma, S., and Shimada, T. (2015) Comparative transcriptome analysis of midgut-expressed genes between mulberry feeders and nonmulberry feeders. The 4th Asia-Pacific Congress of Sericulture and Insect Biotechnology (APSERI 2015), Busan, Korea. (国際会議、口頭発表)

嶋田透、木内隆史、王華兵、山野峻、平松佑介、川本宗孝、勝間進、門田幸二、藤井告、鈴木穰、菅野純夫(2015)カイコとその近縁種における寄主植物選択機構の進化. 日本進化学会第 17 回大会(シンポジウム S6「複合適応形質進化の遺伝子基盤解明」)、中央大学後楽園キャンパス(口頭発表)

平松佑介・木内隆史・大門高明・勝間 進・嶋田 透(2016)カイコのスクラーゼ遺伝子のノックアウトによる成長及び消化酵素活性への影響. 日本蚕糸学会第 85 回大会(平成 27 年度蚕糸・昆虫機能利用学術講演会)、2015 年 9 月 26 日～27 日、北海道大学農学部、札幌(口頭発表)

平松佑介・木内隆史・大門高明・勝間 進・嶋田 透(2016)カイコの膜結合型スクラーゼ遺伝子 Suh のノックアウト. 日本蚕糸学会第 86 回大会(平成 28 年度蚕糸・昆虫機能利用学術講演会)、京都工芸繊維大学、京都(口頭発表)

嶋田 透(2015)昆虫の食性の進化を遺伝子で説明できるか? ~カイコガ科におけるクワへの適応を例にして~(「ゲノムで進化の謎を解く」長谷部光泰編)、学研メディカル秀潤社、pp.114-123.

[産業財産権]

出願状況(計 0 件)

取得状況(計 0 件)

[その他]

なし

## 6. 研究組織

### (1) 研究代表者

・嶋田 透(Toru Shimada)(東京大学大学院農学生命科学研究科・教授;平成 22~26 年度;研究者番号 20202111)

### (2) 研究分担者

・勝間 進(Susumu Katsuma)(東京大学大学院農学生命科学研究科・准教授;平成 22~23 年度;研究者番号 20378863)

・大門 高明(Takaaki Daimon)(独立行政法人農業生物資源研究所昆虫科学研究領域・主任研究員;平成 23~25 年度;研究者番号 70451846)

・木内 隆史(Takashi Kiuchi)(東京大学大学院農学生命科学研究科・助教;平成 24~26 年度;研究者番号 60622892)

### (3) 連携研究者

・なし

### (4) 研究協力者

・大門 高明(Takaaki Daimon)(東京大学大学院農学生命科学研究科・助教;平成 22 年度)

・藤井 告(Tsuguru Fujii)(日本学術振興会・特別研究員 PD;平成 22 年~23 年度 九州大学大学院農学研究院・学術研究員;平成 24~25 年度)

・木内 隆史(Takashi Kiuchi)(東京大学大学院農学生命科学研究科・助教;平成 23 年度)

・王 華兵(Huabing Wang)(日本学術振興会・外国人特別研究員;平成 24 年度 東京大学大学院農学生命科学研究科・特任研究員;平成 25 年度)

・勝間 進(Susumu Katsuma)(東京大学大学院農学生命科学研究科・准教授;平成 24~26 年度)