NEWS RELEASE 2026.11.26

自主創造 日本大学 NIHON UNIVERSITY　三重大学 MIE UNIVERSITY　琉球大学 UNIVERSITY OF THE RYUKYUS

海の味覚「マボヤ」のゲノムを染色体レベルで解読！

～ゲノム進化の解明や、疾病・高水温に強い品種の開発に向けた研究基盤を整備～



【研究のポイント】

- **最新技術でゲノムを高精度に解読：** 日本や韓国で養殖される食用ホヤ「マボヤ」について、最新の DNA シーケンス技術（注 1）と遺伝連鎖地図（注 2）を組み合わせ、8 本の染色体に対応する高品質な染色体レベル参照ゲノム（注 3）を構築しました。

- **養殖の課題解決につながる研究基盤：** マボヤ養殖で問題となっている「被嚢軟化症」や「高水温」に対し、今後、耐性に関わる遺伝子の探索や、病気や高水温に強い個体の育種研究を進めるための基盤を整備しました。

- **ホヤ類のゲノム進化の解明に貢献：** 他のホヤ類とゲノムを比較することで、染色体の対応関係や遺伝子の並び方に共通点と相違点があることを明らかにし、ホヤ類のゲノムがどのように進化してきたのかを探る手がかりを得ました。

【研究成果の概要】

マボヤ（*Halocynthia roretzi*）は、日本の東北地方や韓国で広く養殖される食用ホヤであるとともに、発生生物学や進化生物学の研究対象としても利用されてきました。しかし、これまでマボヤでは、染色体レベルの高品質な参照ゲノムが整備されていませんでした。そこで、日本大学、三重大学、琉球大学、東北大学の共同研究グループは、マボヤの 8 本の染色体に対応する高品質な参照ゲノムを構築しました。

本研究では、宮城県および岩手県由来のマボヤを用いて PacBio HiFi 長鎖シーケンスを行うとともに、2 組の交配家系から SNP 情報に基づく遺伝連鎖地図を作製しました。長鎖シーケンスから得られたゲノム配列と遺伝連鎖地図を組み合わせることで、マボヤの半数体染色体数と一致する 8 本の染色体からなる染色体レベル参照ゲノムを構築しました。

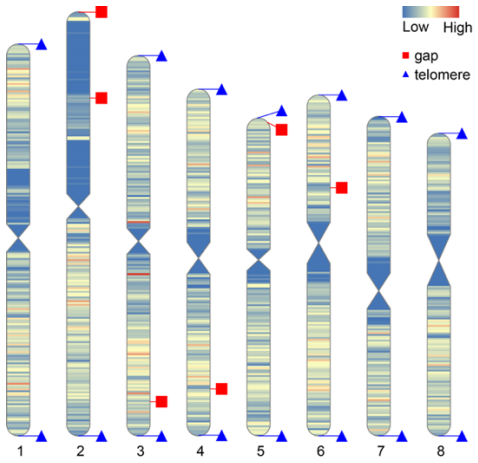

図 1. マボヤの染色体レベル参照ゲノム（▲はテロメア様配列、中心のくびれはセントロメア候補領域、■は配列間に残るギャップを示す）

最終的な染色体レベル参照ゲノムの長さは 151.7 Mb、scaffold N50 は 18.6 Mb で、BUSCO によるゲノム完全性は 96.7%でした。また、15,363 個のタンパク質コード遺伝子を予測しました。さらに、染色体末端近傍にはテロメア様配列が認められ、8 本すべての染色体でセントロメア候補となる 81 bp の反復配列を検出しました。

他のホヤ類との比較ゲノム解析では、マボヤと同じ Stolidobranchia 亜目に属するエボヤとの間で、染色体レベルの対応関係や遺伝子配置の保存性が比較的高いことが示されました（図 2a）。一方、より系統的に離れたカタユウレイボヤやセイヨウツツボヤとの比較では、保存された遺伝子配置はより断片的でした（図 2b, c）。これらの結果は、ホヤ類の染色体が進化の過程でさまざまな構造変化を蓄積してきた可能性を示しています。

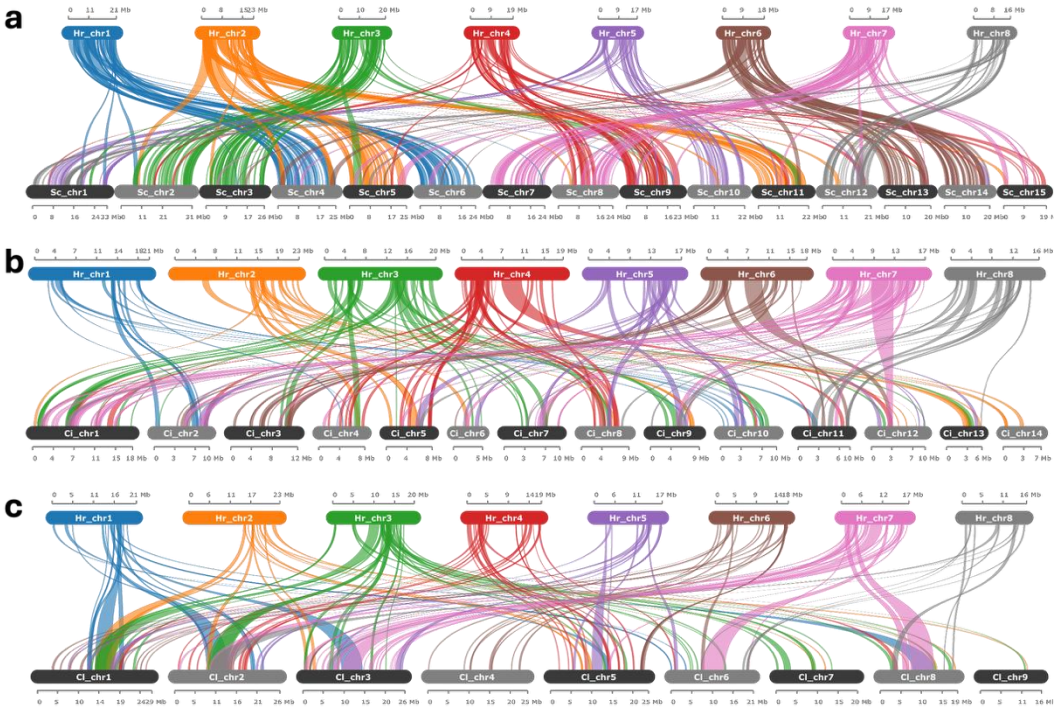

図 2. 他のホヤ類との比較ゲノム解析。線は種間で対応する遺伝子の位置関係を示す。

本研究で構築した参照ゲノムは、マボヤの発生・進化研究だけでなく、養殖上重要な形質の研究にも利用できます。マボヤ養殖では被嚢軟化症や高水温などが重要な課題となっており、今後、本研究で整備したゲノム情報を利用することで、疾病耐性や環境適応などに関与する遺伝子の探索や、ゲノム情報を利用した育種研究への展開が期待されます。

【発表者・研究者等情報】

日本大学生物資源科学部・大学院生物資源科学研究科
　富田実慎　博士前期課程 1 年（筆頭著者）
　横山有人　学部 4 年（当時）
　澤山英太郎　准教授（責任著者）

三重大学大学院生物資源学研究科
　北村真一　准教授（責任著者）

東北大学大学院生命科学研究科附属浅虫海洋生物学教育研究センター
　熊野　岳　教授

琉球大学理学部海洋自然科学科
　紫藤拓巳　日本学術振興会 特別研究員
　広瀬裕一　教授

【論文情報】

雑誌名：DNA Research
題名：Chromosome-level reference genome assembly of the ascidian *Halocynthia roretzi* based on linkage mapping and HiFi long reads.
著者名：Minori Tomita, Takumi T. Shito, Gaku Kumano, Aruto Yokoyama, Euichi Hirose, Shin-Ichi Kitamura, Eitaro Sawayama
DOI：https://doi.org/10.1093/dnares/dsag018

【研究助成】

JSPS 科研費 (23H02310、25KJ0268、26K01824)、日本大学学術研究助成金 (2024 年度「独創的・先駆的研究」)

【用語解説】

（注 1）PacBio HiFi シーケンス
Pacific Biosciences 社が開発した長鎖 DNA シーケンス技術です。1 本の DNA 分子を繰り

返し読み取ることで、数 kb～数十 kb の長い DNA 配列を高い精度で決定できます。

（注 2）遺伝連鎖地図
遺伝子や DNA マーカーが染色体上でどのような順序に並んでいるかを、親から子への遺伝の仕方に基づいて推定した地図のことです。

（注 3）染色体レベル参照ゲノム
生物のゲノム配列を、断片的な配列の集合ではなく、染色体単位に近い形までつなぎ合わせたゲノム配列のことを指します。

【問い合わせ先】

日本大学生物資源科学部 海洋生物学科
准教授　澤山 英太郎（さわやま えいたろう）
TEL：0466-84-3724
E-mail：sawayama.eitaro@nihon-u.ac.jp

三重大学大学院生物資源学研究科
准教授　北村 真一（きたむら しんいち）
E-mail：kitamura@bio.mie-u.ac.jp

琉球大学総務部総務課広報係
TEL：098-895-8175
E-mail：kohokoho@acs.u-ryukyu.ac.jp