

ニホンウナギの視覚遺伝子の起源をゲノムから探る

メタデータ	言語: Japanese 出版者: 水産研究・教育機構 公開日: 2024-06-04 キーワード (Ja): キーワード (En): 作成者: 中村, 洋路, 張, 成年, 斉藤, 憲治, 藤原, 篤志, 安池, 元重, 馬久地, みゆき, 尾島, 信彦 メールアドレス: 所属:
URL	https://fra.repo.nii.ac.jp/records/2006542

This work is licensed under a Creative Commons Attribution 4.0 International License.



ニホンウナギの視覚遺伝子の起源をゲノムから探る



【研究課題名】

ニホンウナギ・太平洋クロマグロ等のゲノム解析

【実施年度】平成25～27年度

水産生命情報研究センター ゲノム情報解析グループ

中村洋路・張成年・齊藤憲治(現・東北区水産研究所)

主幹研究員
分子機能グループ

藤原篤志(現・本部)

安池元重・馬久地みゆき・尾島信彦(現・本部)

■目的

近年ウナギの資源量の減少が世界的に大きな問題となっています。わが国でもニホンウナギ天然資源の管理強化および安定的な養殖技術の開発が進められています。しかし、ウナギ類の生理や生態についてはまだ不明な点が多く、関連する遺伝子の働きについても十分に理解が進んでいないのが現状です。そこで、遺伝子情報を整備するためにニホンウナギのゲノム配列を解読しました。

■方法と結果

ニホンウナギゲノムの約99%に相当する10億6千万塩基対を決定し、その半分以上を19の連鎖群に位置付けました(表1)。このゲノム配列から約2万7000の遺伝子を予測できました。ウナギ類の生態に關与する遺伝子についての既往知見はほとんどありませんが、ニホンウナギは視覚に必要なロドプシン遺伝子を2種類持ち、回遊生活において川と海で遺伝子を使い分けると考えられています。これらについて他の魚類ゲノムと詳細に比較しました。その結果、ロドプシン遺伝子座領域に、真骨魚類(アロワナ、ウナギ、マダイなどを含む魚類の主要なグループ)の祖先まで遡る古い重複の痕跡を発見しました。約3億年以上前にゲノム重複による全遺伝子セットの倍化という出来事があったとされており、ウナギのロドプシン遺伝子はそのときに増えたものと推定されました(図1)。

■波及効果

ニホンウナギのゲノム配列情報が整備されたことで、遺伝子レベルでのウナギ類の研究

が飛躍的に加速することが期待されます。とりわけ、ウナギの回遊に關係する遺伝子基盤が、ウナギが地球上に現れる以前に誕生していた可能性が本研究で明らかとなり、ウナギという生き物を理解する上での手掛かりとなることが期待されます。

文献

Nakamura et al. (2017) Rhodopsin gene copies in Japanese eel originated in a teleost-specific genome duplication. *Zoological Letters*. 3:18

スキファールド数(本)	20,564
総塩基長(塩基対)	1055 x 10 ⁶
平均スキファールドサイズ(塩基対)	51.3 x 10 ³
連鎖群に帰属できたスキファールド数(本)	868
連鎖群に帰属できた総塩基長(塩基対)	529 x 10 ⁶
予測遺伝子数(個)	26,689

表1 ニホンウナギゲノムの解読結果。合計約10億6千万塩基対からなる20,564本の断片にゲノム配列を集約することができた。

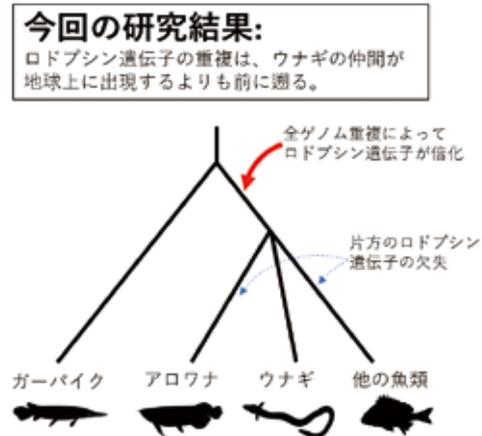


図1 ウナギのロドプシン遺伝子の重複時期。