

DNA 多型でみるタイラギ二種の違い

メタデータ	言語: Japanese 出版者: 水産総合研究センター 公開日: 2024-06-04 キーワード (Ja): キーワード (En): 作成者: 關野, 正志, 藤原, 篤志, 橋本, 和正, 山田, 勝雅, 佐々木, 猛智 メールアドレス: 所属:
URL	https://fra.repo.nii.ac.jp/records/2006555

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



DNA多型でみるタイラギ二種の違い



【研究課題名】

科研費基盤研究 (C) ゲノム情報に基づくタイラギの遺伝子攪乱リスクの評価

【実施年度】平成28～30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

水産生命情報研究センター

西海区水産研究所 有明海・八代海漁場環境センター

熊本大学 くまもと水循環・減災研究教育センター

東京大学総合研究博物館

關野正志

藤原篤志

橋本和正

山田勝雅

佐々木猛智

● 目 的

大型二枚貝タイラギには、有鱗型（ケン）と無鱗型（ズベ）という二種が存在し、両者は貝殻表面上の鱗状突起の有無や、ミトコンドリアDNA（mtDNA）解析で分けることができます。しかし両者の同所分布域では、中間型の貝殻を持つ個体や、形態—mtDNA判別結果が一致しない個体が出現し、分類が混乱しています。そこでケンとズベの遺伝的違いを調べ、分類が難しい個体の素性を明らかにするための研究に着手しました。私たちは、こうした分類困難な個体がケン—ズベ間の交雑の結果生じていると仮定し、それを検証するためのDNA解析を行っています。

● 方法・結果

現在までに、次世代DNAシーケンサーを使い、核ゲノム中の一塩基多型（SNP）^{注1}をDNAマーカーとして、外見で分類可能な個体の解析を行いました。ケンのサンプルは長崎県五島と香川県、ズベのサンプルは北海道（函館）と愛知県から得られたもので、香川県ではケンとズベがともに分布しています。1,867個のSNPマーカーに基づく主成分分析では（図1）、ズベ全個体と五島のケン（青）はほぼ点状に、大きく離れてプロットされましたが、香川のケン（紫）の中には、ズベよりに位置づけられた個体がみられました。別のクラスタリング解析では（図2）、香川のケンの約半数が、多かれ少なかれズベのDNAを受け継いでいることが示唆され、遺伝子浸透^{注2}が起きていることを支持しました。今後、さらに香川県のズベや中間型

を解析する予定です。

● 波及効果

得られた結果は、タイラギの資源保全・増殖戦略を策定するための基礎データになります。またSNP情報は、タイラギの養殖形質の向上を目的とする育種研究のための基盤になります。

注1. ゲノムDNA中に散在する点変異。例えばゲノムDNA中のある一点で、個体間でG：グアニンがT：チミンに置き換わっているなど。

注2. 交雑により生じた雑種F1が親の種と交配し、一方の種のDNAが他方のゲノム中に組み込まれて浸透していく現象。交雑や遺伝子浸透の検出には、母系遺伝するmtDNAではなく、両親から遺伝する核DNAを調べる必要がある。

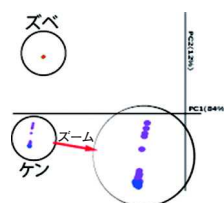


図1 SNPジェノタイプに基づく主成分分析
すべてのズベ（函館， $N=37$ ；愛知， $N=5$ ）および青で示した五島のケン（ $N=33$ ）はほぼ一点に位置づけられたのに対し、紫色の香川のケン（ $N=39$ ）の中にはズベ寄りの個体が見られた。

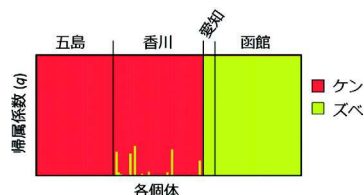


図2 バイジャンクラスタリングによって示された各個体のゲノム組成
赤がケン、黄がズベ由来のDNAを表す。