

タイラギのゲノム解析

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, 中村, 洋路, 安池, 元重, 藤原, 篤志 メールアドレス: 所属:
URL	https://fra.repo.nii.ac.jp/records/2006581

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



タイラギのゲノム解析



【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26年度

水産遺伝子解析センター 構造研究グループ

關野正志・中村洋路・安池元重・藤原篤志

目的

タイラギには有鱗型（通称ケン）と無鱗型（ズベ）という二型（以後両者とする）が存在し（図1）、過去のアイソザイム解析でも両者は別種であると提唱されています。私たちのミトコンドリアDNA（mtDNA）解析でも、両者は明瞭に分かれました（図2）。しかし両者の中間型の貝殻を持つ個体は珍しくなく、mtDNAはズベタイプで貝殻はケンである個体も存在することから、両者の分類にはより精細な検証が必要です。両者のゲノムレベルの違いを明らかにし、遺伝的観点からのタイラギ資源の保全に役立てるため、両者の全ゲノム配列の比較を行いました。

方法と結果

ケンしか見られない長崎県の五島産、ズベしか見られない愛知県知多産の個体を標本として用いました。ショットガンシーケンシング法で得られたDNA配列をつなぎあわせた後、公表されているマガキの遺伝子（22,415遺伝子）との類似を調べ、両者間の塩基配列を比較しました。両者のゲノムサイズは、約8億塩基でした（マガキは約6億塩基）。両者のDNA配列中、マガキの遺伝子の約83%（18,628遺伝子）と類似度が高い領域が存在しました。残りの約17%は、両者にはないマガキ特異的遺伝子か、マガキと両者の間で遺伝子のDNA配列が良く保存されていないものと考えられます。また両者間では、ゲノム全体を見ると平均5%前後のDNA配列の違いがありました（図3）。

波及効果

両者を区別するためのDNAマーカーの開

発に活用できます。また、タイラギの遺伝子資源の保全に役立ちます。さらに、得られたゲノム情報は、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。今後得られたゲノム情報をさらに精査し、機能的な遺伝子上のどこで、どの程度の違いが生じているかを明らかにすることにより、両者の違いを導く遺伝的メカニズムの知見が得られると期待しています。

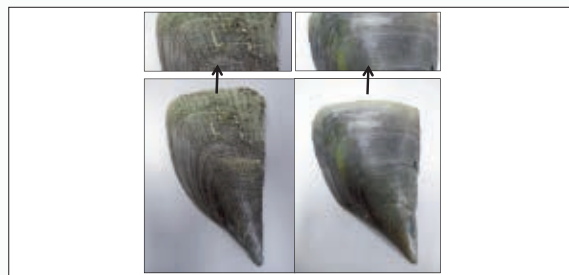


図1 タイラギの貝殻

左が有鱗型（ケン）、右が無鱗型（ズベ）。ケンでは貝殻表面の棘状突起が顕著であるが、ズベは滑らか。撮影：西海区水産研究所 有明海・八代海漁場環境研究センター 橋本和正氏

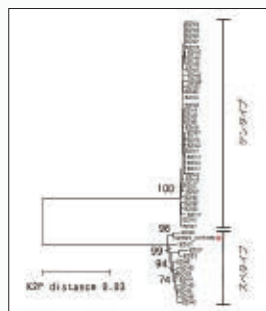


図2 ケンとズベのmtDNAの違いを表す系統樹

5つのミトコンドリア遺伝子（coxII, coxIII, nad1, nad2, nad3）の2,773塩基に基づく。サンプルは豊前海で採集されたもので（48個体）、星印はDNAデータベースに登録されているmtDNA配列（中国産個体）。図中の数字は形成されたグループの結びつきの信頼度を示す値（%、max. 100）。

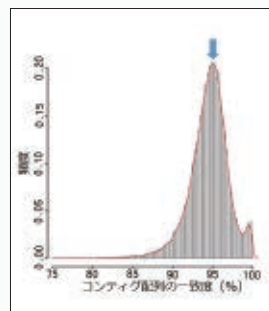


図3 ケン・ズベ間の塩基配列同一性

横軸はケンとズベの間で対応がとれた約7万本のコンティグ（ゲノム上で隣接すると考えられるDNA断片をつなぎ合わせたもの）の配列一致度（%）、縦軸は配列一致度がX%であったコンティグの頻度。一致度の平均および中央値はともに約95%であったことから（矢印）、ケンとズベ間では、平均すると約5%のDNA配列の違いがあると推察される。