

## 広がる次世代シーケンサーの有効活用

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: 菅谷, 琢磨 メールアドレス: 所属:
URL	<a href="https://fra.repo.nii.ac.jp/records/2006630">https://fra.repo.nii.ac.jp/records/2006630</a>

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



# 広がる次世代シーケンサーの有効活用



【研究課題名】  
次世代型シーケンサーによるゲノム分析とデータの解析・利用体制の構築 (FS)  
【実施年度】 平成22年度

水産遺伝子解析センター 構造研究グループ  
**菅谷琢磨**

## 背景と目的

最近、遺伝子の探索や機能の研究を加速させる革命的な装置として“次世代シーケンサー”が登場しました。これは、生物のDNA配列を高速に読み取る装置のことで、従来のものに比べて数千～数万倍の分析能力を有しているため、研究の速度を飛躍的に高めることができます。水産遺伝子解析センターは平成21年に2台の次世代シーケンサーを導入し、他の研究部所と連携して様々な魚類や魚病原微生物のDNA配列の分析を行うとともに、多様な水産生物の研究を効率的に行う体制を構築してきました(図)。

## 結 果

これまで、ウナギ、ハタ類については、ゲノム(生物のDNAの総体)上の目印となるDNA配列(DNAマーカー)を約1200~1500個検出できました。また、ブリとカンパチについて、約2000~7000個の発現している遺伝子情報を取得できました。これらの情報は、より良い個体の選抜や遺伝子の特定に利用でき、養殖業の生産効率や付加価値の向上に寄与します。さらに、魚類養殖に深刻な被害をもたらすエドワジエラ症の原因菌では、菌株によって病原性が異なり、その背景にはDNA配列の違いがあることが判明しました。

## 波及効果

次世代シーケンサーを活用して目的に応じたより迅速な研究体制が構築できたことから、今後はさらに精力的に海の多様な生物の研究を展開したいと考えています。これらのDNA情報を活用して、水産生物の疾病の新たな治療法や予防法を開発できることが期待されます。

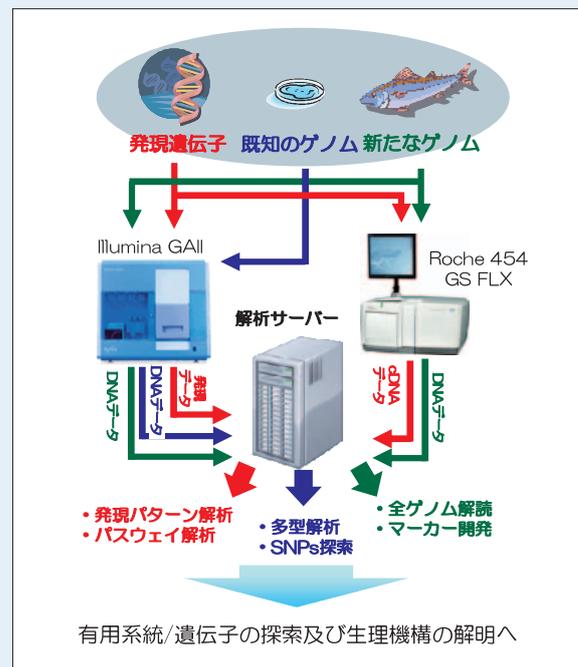


図 2つの次世代シーケンサーを活用した研究体制  
(次世代シーケンサー：Illumina GAll, Roche 454 GS FLX)