

スサビノリ葉緑体全遺伝子配列決定

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: 國本, 正彦, 小林, 正裕, 森島, 輝, 中山, 一郎 メールアドレス: 所属:
URL	https://fra.repo.nii.ac.jp/records/2006789

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



スサビノリ葉緑体全遺伝子配列決定

水産遺伝子解析センター

背景・目的

1. スサビノリ (*Porphyra yezoensis*) はノリ養殖のほとんどを占めている重要種である。しかしその遺伝子に関する情報は一部に限られており、産業重要種にかかわらず情報が乏しい。近年、海況の不順によるノリ不作は産業的損失のみならず社会問題に発展している。
2. そこで、光合成、炭酸固定の重要遺伝子をコードし、色彩の遺伝子が存在する葉緑体全ゲノムを決定する。

成果

1. スサビノリ葉緑体の191,600塩基配列を決定し、253遺伝子をコードしていることが判明した(図1)。

波及効果

1. 光合成や炭酸固定の遺伝情報はノリの成長に関わるものであり、色落ち現象を解明する手がかりを含んでいることが期待される。

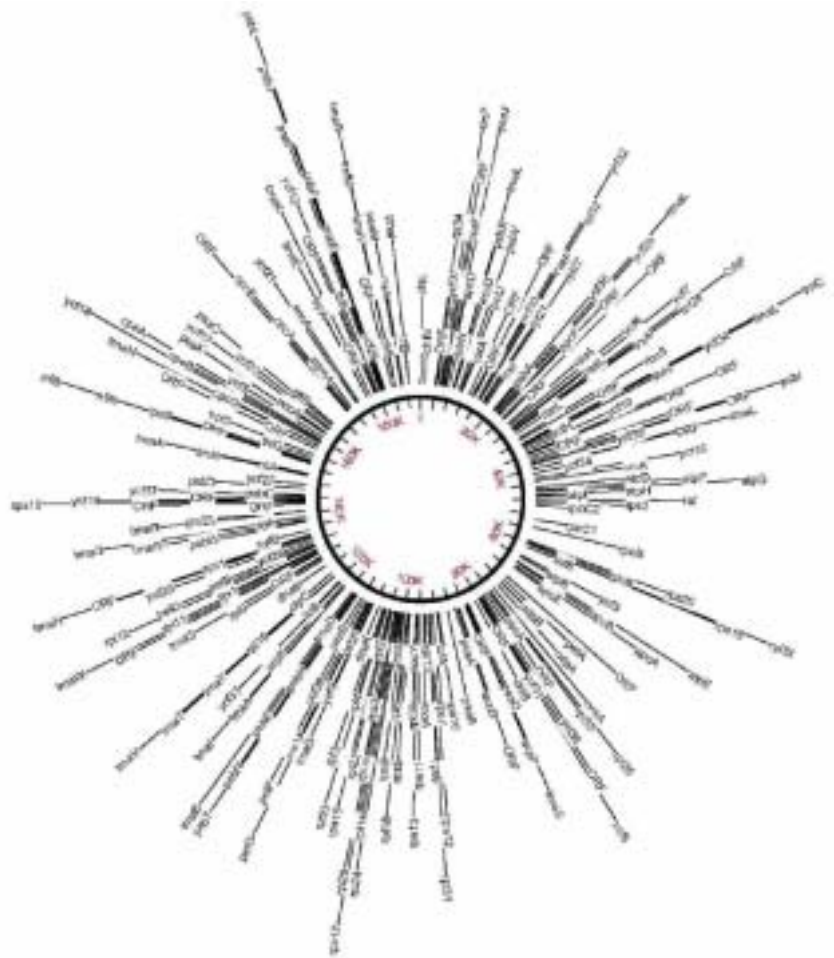


図1 スサビノリ葉緑体ゲノム

2. スサビノリの葉緑体遺伝子は高等植物のイネに比べ1.4倍、原始藻類のラン藻と比較して1/10倍という進化に伴う葉緑体遺伝子の核への移行を調べるのに適したサイズであり、今後の葉緑体研究に寄与する。

連絡先

國本 正彦・小林 正裕・森島 輝・中山 一郎 TEL: 045-788-7640