

スサビノリゲノムの解読結果を世界に発信

メタデータ	言語: Japanese
	出版者: 水産総合研究センター
	公開日: 2024-07-17
	キーワード (Ja):
	キーワード (En):
	作成者:
	メールアドレス:
URL	所属:
	https://fra.repo.nii.ac.jp/records/2010059

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



スサビノリゲノムの解読結果を世界に発信

中央水産研究所 水産遺伝子解析センター
西海区水産研究所 資源生産部

研究の背景・目的

1. ノリ養殖は、生産量では海面養殖の3割、金額では2割を占める最重要養殖産業のひとつです。
2. 将来の品種改良などへの応用を見据え、以前より水産庁委託事業の中で、ノリの一種スサビノリの全ゲノム配列の解読に取り組んできました。共生細菌のDNA混入が解読の障害となりましたが、無菌化スサビノリ細胞（無菌プロトプラスト）の利用により、純度の高いDNAが調製できるようになりました。
3. 平成24年度には、スサビノリ無菌プロトプラストのゲノム情報を次世代シーケンサーを用いて解読し、核ゲノム構造と遺伝子機能の推定を行いました。

研究成果

1. スサビノリ無菌プロトプラストから、総計約5.1億本のDNA断片を解読し、これらからバイオインフォマティクス手法を用いてゲノムを再構成し、合計約4,300万塩基対のDNA配列に集約することに成功しました。さらに、このゲノム配列から10,327個の遺伝子を予測し、これまでにゲノム情報が公開されている最も近縁な藻類（イデユコゴメ、コナミドリムシ）との比較により遺伝子機能を分類することができました（図1）。

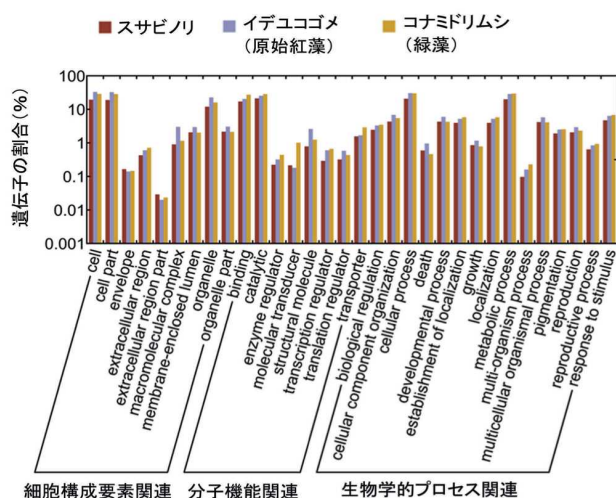


図1. スサビノリ全遺伝子の機能分類

2. また、スサビノリ遺伝子の大きな特徴として、非翻訳領域（イントロン）の数が非常に少ないことがわかり（図2）、このことからスサビノリゲノムのコア部分はコンパクトな構造を持つことが推定されました。

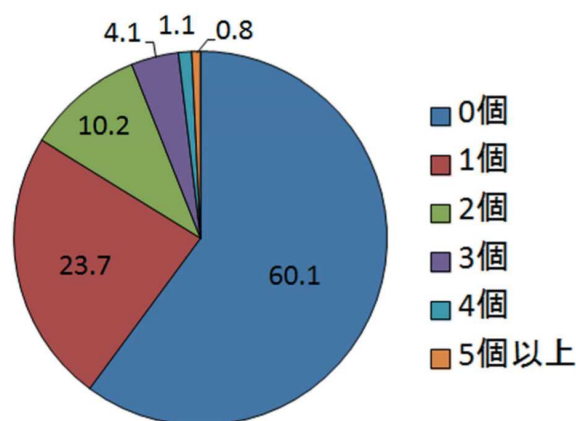


図2. イントロンの数によるスサビノリ遺伝子の内訳(%)

3. さらに、予測された遺伝子の中から、ビタミン B₁₂ 依存性のメチオニン合成酵素遺伝子を発見しました。スサビノリやその仲間（紅藻類）がこの遺伝子を持つことは今まで知られておらず、これが世界で最初の報告となります。また、今回の研究からスサビノリゲノムにはビタミンB₁₂合成系の遺伝子が完全に欠如していることも明らかとなり、スサビノリが共生細菌の産生するビタミンB₁₂を活用していることが示唆されます。そのほか、スサビノリの色合いを調節すると思われる光合成関連遺伝子の候補も新たに発見しました。
4. こうした知見は、スサビノリの養殖技術の改善や新しい培養手法の開発につながると期待されるほか、学術的にも価値が高く、本成果をまとめた論文は、国際学術雑誌 PLoS ONE に掲載されました。

(<http://dx.plos.org/10.1371/journal.pone.0057122>)

波及効果

今回の成果を活用することで、ノリの養殖技術の改善・開発のほか、優良品種の作製や品種識別手法の開発が加速するものと期待されます。