

スサビゲノムの解読によるDNAマーカーの大量単離

| | |
|-------|---|
| 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: 作成者: メールアドレス: 所属: |
| URL | https://fra.repo.nii.ac.jp/records/2010070 |

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



スサビノリゲノムの解読による DNA マーカーの大量単離

中央水産研究所 水産遺伝子解析センター

研究の背景・目的

1. ノリ養殖は、海面養殖生産量のおよそ 3 割を占め第 1 位、同金額ではおよそ 2 割を占める、最重要養殖業種のひとつです。
2. 1,000 に達する品種があるとされますが、同じ品種を異名で呼ぶなど十分に整理されていません。品種改良を効率的に進めるためにも、遺伝的に品種を識別するなどの研究が必要です。
3. 将来の品種改良などへの応用を見据え、その第 1 段階として、水産庁委託事業において、ノリの一種であるスサビノリの全ゲノム DNA 配列の概要解読を試みましたが、スサビノリ（葉状体）にはたくさんの細菌が付着していたため、解読した DNA 配列の中に細菌の DNA 配列が混入し、両者を正確に区別することが困難でした。
4. そこで、西海区水産研究所資源生産部が開発したスサビノリの無菌のプロトプラスト（細胞壁をのぞいた細胞）から DNA を抽出して全ゲノム配列を解読し、DNA マーカーを単離しました。

研究成果

1. 無菌プロトプラストから抽出した DNA を次世代型シーケンサーで解読すると、細菌の付着した葉状体から取得したデータに比べて、DNA の塩基 (A,T,G,C) のうち G,C の割合 (G+C 含量) に違いが認められました。すなわち、G+C 含量が 40~50% 程度の配列が明らかに少なく、細菌由来の配列を含んでいないことが分かりました。
2. さらに、スサビノリ近縁種との比較から、核 DNA とは、別に存在するミトコンドリアと葉緑体 DNA の配列を識別し、コンピュータ上で仮想的にこれらの配列を除去したところ、G+C 含量が約 30% の配列もほとんどなくなりました。残りの配列のほとんどはスサビノリのゲノム DNA 配列だけからなると考えられます。
3. 細菌やミトコンドリア、葉緑体 DNA の配列を除去した、高純度なゲノム DNA 配列をコンピュータ上で再構成したところ、総延長が 2 千 600 万塩基のスサビノリのゲノムの概要配列が得られました。

4. ゲノム DNA 配列からは、品種や個体の識別などに使われるマイクロサテライト DNA（数塩基の単位配列の繰り返し）を約 600 カ所見つけることができました（図 1）。

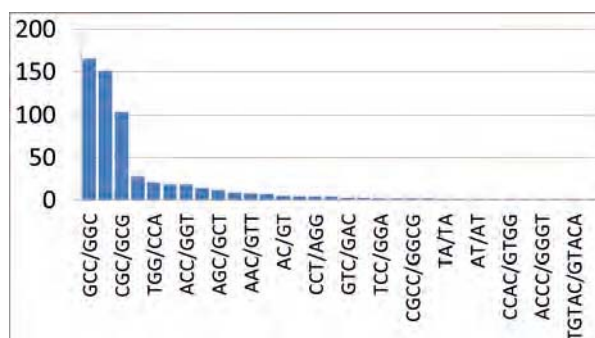


図 1. スサビノリゲノム配列上に認められたマイクロサテライト DNA 配列

横軸はマイクロサテライト DNA を構成する配列パターン、縦軸は頻度を表す。

5. 他の動植物が数千から数万のマイクロサテライト DNA を持つのに対して、スサビノリのゲノム上に散在しているマイクロサテライト DNA は 600 カ所であり、非常に少ないことがわかりました。
6. スサビノリのマイクロサテライト DNA の分布様式を見ると通常の動植物で多い CA や TA 等の 2 塩基の繰り返し配列が少なく、単離が困難とされる GCC 等の 3 塩基の繰り返しが多いことが分かりました。このようなマイクロサテライト DNA の分布様式は、スサビノリゲノムの構造的な特徴と考えられます。
7. 3 塩基のマイクロサテライト DNA は、ヒトの個人鑑定になどでも利用されるように個体の識別精度が高いことが知られ、これをスサビノリの品種識別に利用することで、精度の高い品種識別法の開発が期待されます。

波及効果

1. 付着細菌の DNA の影響がないため、正確な品種識別法の開発が可能となります。
2. 今回の成果を突破口に、ノリの新たな品種改良技術の開発が期待されます。