

次世代シーケンサーによるクロマグロゲノムDNA解読とゲノム情報整備

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:
	所属:
URL	https://fra.repo.nii.ac.jp/records/2010084

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



次世代シーケンサーによるクロマグロゲノムDNA解読とゲノム情報整備

中央水産研究所 水産遺伝子解析センター
共同研究機関：東京大学、九州大学

研究の背景・目的

- クロマグロは国際的に最も重要な水産生物の一つであり、世界各国で養殖業が急速に拡大しています。このような中で、近年我が国で人工種苗生産技術が確立され、完全養殖が可能となったことから、育種による養殖業の生産性の向上が期待されています。しかし、クロマグロの遺伝学的研究は少なく、育種に有効な知見もほとんど蓄積されていません。
- このため、本課題では、ゲノム分析の最先端の手法である次世代型の高速DNAシーケンサーを用いてクロマグロのゲノム解読を行うとともに、育種や種・系群判別等に利用できる様々なDNAマーカーの開発に向けた基盤情報の整備を行うことを目的としています。

研究成果

1. 次世代シーケンサーを用いたクロマグロゲノムDNAの解読

クロマグロは24対の染色体を持ち、ゲノムサイズは約8億塩基対と推定されています。我々は次世代シーケンサーの中でも比較的読み取りデータ長が長いRoche社製の454 GS FLX Titaniumを用いてゲノム解

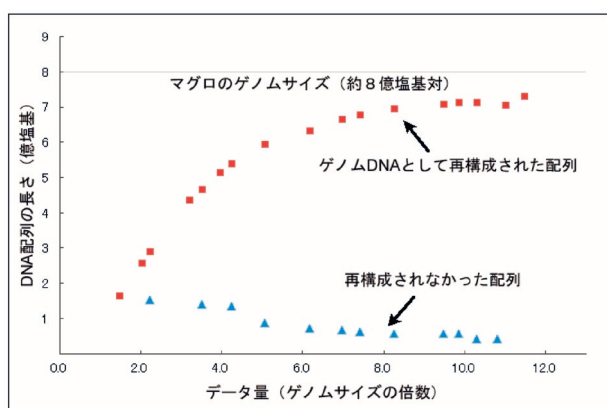


図1. 次世代シーケンサーによる塩基配列データの取得量とコンピュータによるゲノムDNA配列再構成結果の関係

400塩基程度の短い個々のデータをつなぎ合わせて再構成していくと、ゲノムサイズの10倍ほどのデータを加えたところで再構成結果が飽和し、ゲノム全体の約91%を解読できたと判断された。

析を進めました。さらに、読み取り長は短いものの、大量のデータを取得できるIllumina GA2xによるデータも加えて、大型コンピュータでゲノムDNA配列を再構成しました。その結果、クロマグロのゲノムサイズの約91%に当たる7.3億塩基のゲノムDNA配列を解読することに成功しました(図1)。

2. クロマグロゲノムDNA配列情報解析

得られたゲノムDNA配列データについて、大型コンピュータによる解析を行い、2万5千以上の遺伝子の存在を突き止め、ゼブラフィッシュやフグなどで知られている遺伝子との類似性から、そのほとんどについて名前や機能が判明しました。さらに、成魚の体組織で発現している遺伝子についても調べたところ、その中には、太平洋を横断するほどの長距離を泳ぎ続けることのできる、活発で持続的な有酸素運動に関連する電子伝達系や抗酸化物質を作るための遺伝子群が含まれていることがわかりました(図2)。

波及効果

本課題において解読したゲノムDNA配列のデータは、クロマグロの遺伝子についての情報をほとんどすべて含んでおり、将来的なクロマグロの有用形質の探索に活用できます。ゲノムDNA配列のデータをもとに多くのDNAマーカーを開発することで、クロマグロ養殖現場における効率的な育種や天然海域での資源管理の推進が可能になると期待されます。

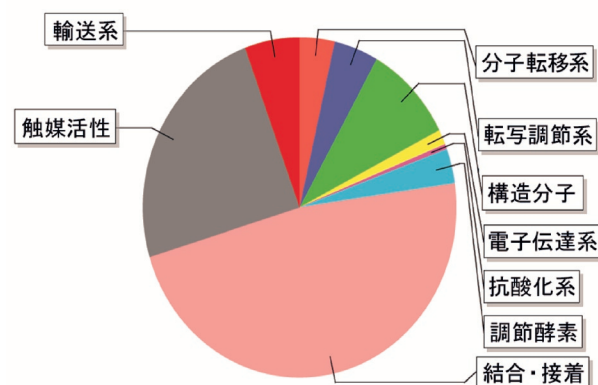


図2. クロマグロが体組織で発現する遺伝子の役割による分類