

水産ゲノム研究のビッグバン ～飛躍的に向上した解析能力で広がる可能性～

メタデータ	言語: Japanese
	出版者:
	公開日: 2024-07-19
	キーワード (Ja):
	キーワード (En):
	作成者: 佐野, 元彦
	メールアドレス:
	所属:
URL	https://fra.repo.nii.ac.jp/records/2010324

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



水産ゲノム研究のビッグバン ～飛躍的に向上した解析能力で広がる可能性～

中央水産研究所 水産遺伝子解析センター長 佐野 元彦（さの もとひこ）

専門は魚病学。特に、コイヘルペスウイルスなど魚介類の病原微生物の研究に従事してきました。何が病原性を決めているのかは、病気を減らすための大きなテーマです。一昨年から、養殖される魚介類のゲノム・遺伝子の研究とともに、病原体の研究も取り組んでいます。世界最先端の分析機器を駆使して、今まで解らなかった「なぜ」に遺伝子から迫っていきます。



めざましい技術革新—新しい時代へ

ヒト個人の全ゲノムの解読が1000ドルで！米国は2014年の実現を目指す医療の技術革新で、それを支えるDNA配列の解読機械（シーケンサー）の技術開発を奨励しています。ちょっと前には、全く無理だと思っていたことが、本当にもうすぐ現実のものとなりそうです。

このようなシーケンサーのめざましい技術革新の流れを水産分野で利用しない手はありません。水産総合研究センターでは、2009年度に新しいシーケンサーを導入しました。水産業は対象とする生物あるいはその環境を理解して持続的に利活用していくことが必要です。この機械の持つ飛躍的な解析能力で水産生物をより早く詳細に理解し、水産分野の革新的な技術の開発に繋げていきたいと考えており、それはすでに始まっています。

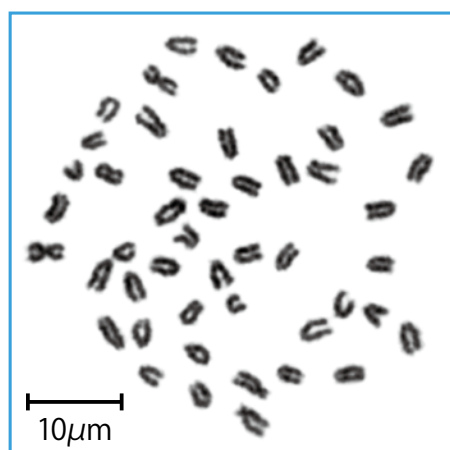


図1：クロマグロの染色体

ゲノム・遺伝子の研究

細胞の中のDNAに書き込まれた遺伝情報全体をゲノムと呼びます。つまり生命の設計図です。細胞の核に納められたDNAは普段は見えませんが、細胞が分裂するとき染色体となって、眼にすることができます（図1）。ヒトでは父と母からそれぞれ受け継がれて来た23対、計46本の染色体があり、両親から子どもへと受け継がれていきます。これが遺伝という現象の基です。

それでは、我々ヒトの設計図は、どうなっているのか？ 1990年、ヒトのゲノム全部を解読するヒトゲノム・プロジェクトが世界で開始され、ついに2003年、ちょうどワトソン、クリック両博士のDNA二重らせん構造解明から50周年の年、約30億の塩基からなるヒトの全ゲノム配列が明らかにされました。13年の歳月、多くの労力と総計約2.3億ドルの予算がすぎ込まれました。さらに、2008年には、ワトソン博士個人のゲノムがたった2ヶ月、100万ドルで解読されました。これには、前述のように、DNA塩基配列を解読するシーケンサーの革新的な進歩が助けとなりました。第2世代シーケンサーの登場です（図2,3）。機種によりますが、一回の分析でヒトゲノムの10倍以上の配列データを得ることが可能です。これによって、世界的なゲノム解読の動きが一気に拡大しました。正にビッグバンです。これまでに、ヒトを始めマウスやイネなどの動植物、様々な微生物のゲノムが解読されてきています。魚類では、メダカ、ゼブラフィッシュ、トラフグ、ミドリフグ、トゲウオ、タイセイヨウタラで全ゲノム配列が公表されており、特に、メダカやゼブラフィッシュは、ヒト

を含む脊椎動物のモデル生物として研究され、いろいろな遺伝子の働きが詳細に解明されてきています。水産総合研究センターでも、クロマグロと食用ノリ(スサビノリ)の全ゲノムの概要の解読を終えています。

水産総合研究センターにおける取り組み

水産総合研究センターでは、2009年度に2台の第2世代シーケンサーを中央水産研究所に導入しました。ゲノム研究を効率よく的確に行うため、「水産ゲノム研究戦略」をとりまとめました (<http://www.fra.affrc.go.jp/pressrelease/pr21/220331/>)。この戦略に沿って、海洋環境から魚介類の生態、飼育技術、さらに流通・消費までの幅広い範囲で、ゲノム情報を活用した革新的な技術の開発を進めています。

その活躍の場について、もう少し具体的な例を紹介します。まず、魚介類が育つ環境では、肉眼では見えない細菌やプランクトンをはじめ、いろいろな生物がいます。培養できないものがほとんどのため、これらを丸ごと全部、ゲノム情報から調べています。

次に魚介類について、例えば、太平洋の東と西に棲んでいる同じ種類の魚が、同じ群れか、違う群れかと

いうことは、資源を管理する上でとても重要な意味を持ちます。DNA上の目印(遺伝マーカー)を使うことによって、群れの交流や親子の判別も可能で、すでにいろいろな魚種のマーカーを得ています。奄美庁舎で飼育されているクロマグロの親も調べてあり、どの雌と雄の子供か判定できます。養殖では、成長や病気への抵抗性などに関係する遺伝子を見つけて、良い魚を作る育種への活用が可能です。例えば、全ゲノム塩基配列の概要を明らかにしたクロマグロでは、配列データから成熟や免疫などに関わる遺伝子を抽出して、すでに研究が始まっています。また、疾病対策では、病原体の全ゲノム情報を解読し、その情報からワクチンの開発に取り組んでいます。魚介類の流通では、魚介類が何という種類であるか、切り身になってもDNAから判別できます。このように、DNA配列情報を活用した様々な技術の開発が進んでいます。

水産総合研究センターでは、導入された“第2世代シーケンサー”をフル活用しつつ、研究対象としている海洋から食卓まで、水生生物のゲノム・遺伝子の研究を進展させて、水産業の発展と水産物の安定的な供給に貢献していきます。

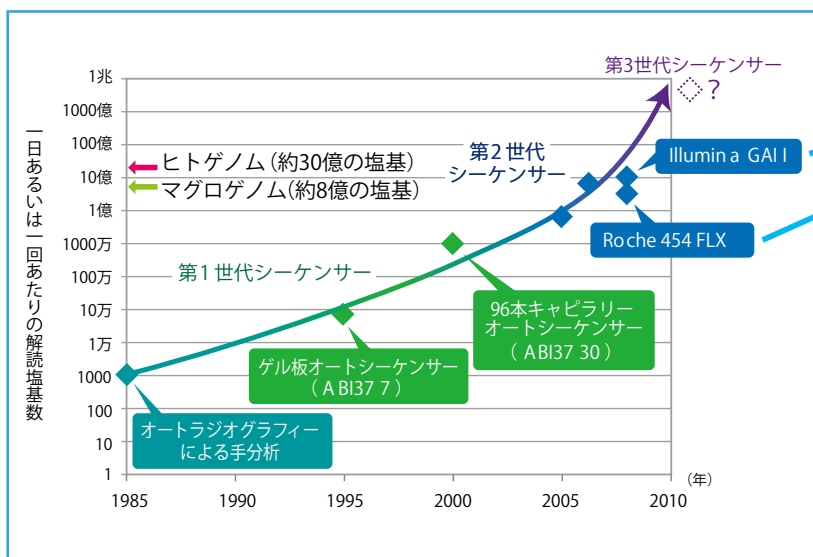


図2 シーケンサーの解読能力の向上



図3 中央水産研究所に配備された2台の第2世代シーケンサー