

マグロやノリなどのゲノム構造とそこから見えること

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: 齊藤, 憲治 メールアドレス: 所属:
URL	https://fra.repo.nii.ac.jp/records/2010325

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



マグロやノリなどのゲノム構造と そこから見えること

中央水産研究所 水産遺伝子解析センター 構造研究グループ長 齊藤 憲治 (さいとう けんじ)

子供のころからの魚獲り好きが嵩じて、学生時代から魚類など水産生物の多様性の成り立ちを解明するための研究を続けてきました。マグロやノリのゲノム解読は、養殖技術の向上への起爆剤となるとともに、さまざまな水の生き物の多様性の秘密を解明し、私たちの食卓や生活を豊かにしてくれる知識の蓄積に役立つと期待しています。



1. はじめに

これまで生物のゲノムを分析することは、その第1歩としてクローンライブラリーを作り、遺伝マーカーを開発して遺伝子地図を描くといった手間のかかる手順をふんで、それでもゲノムのDNA配列の全貌には到底届かない、途方もないことでした。第2世代シーケンサーの登場により、研究スタイルがこれまでとは全くちがったものになり、先にDNA配列を得てから後でいろいろな分析をしようというやり方に変化しました。私たちは、2009年度に2台の第2世代シーケンサーを導入し、クロマグロやスサビノリを始め、様々な水産生物のゲノムや、環境中のプランクトンや微生物のDNA配列などを精力的に解読しています。今回は、第2世代シーケンサーを使って解読した、クロマグロとスサビノリのゲノムについてご紹介します。

2. クロマグロゲノム解読

まぐろとして市場に流通している魚には6種ないし7種あり、なかでも食味がよく「本まぐろ」として取引されるクロマグロ(図1)は高価なゆえに、近年では養殖も盛んになってきました。しかし、養殖に用いる種苗のほとんどは天然の幼魚を捕えたものなので、天然資源の状態に養殖が左右されかねませんし、資源保護の観点からも、いつまでもこのやり方を続けていけるかどうかわかりません。人工種苗生産技術の開発が進められていますが、飼いにくく安定生産に至っていないのが現状です。繁殖を制御したりして、飼いやしく安定して種苗生産に利用できる親魚の確保が求められて

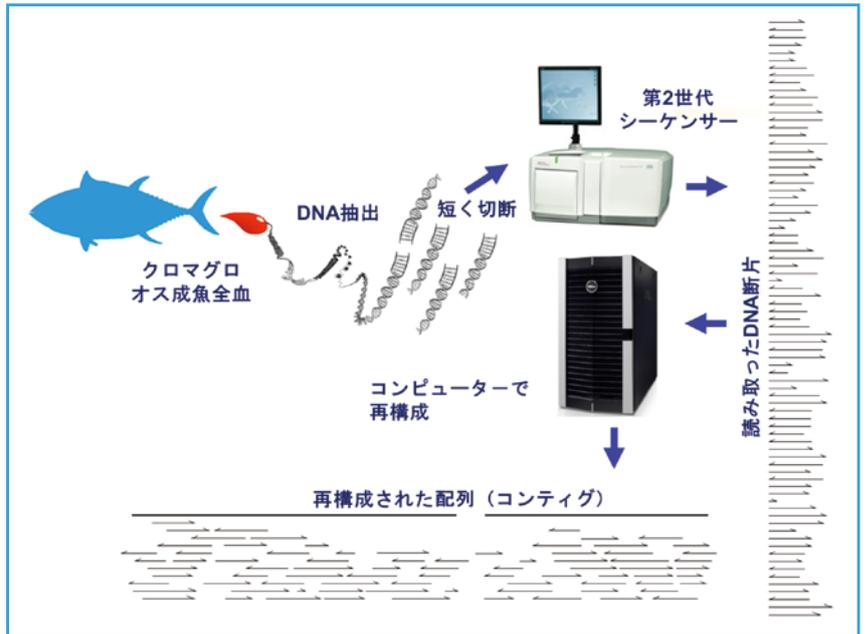


図1. クロマグロ成魚(西海区水産研究所奄美庁舎にて)

います。そこで、養殖の技術開発を遺伝子の観点からサポートできないか、クロマグロの全ゲノムを解読して調べることにしました(図2)。

クロマグロのゲノムの大きさは人間の約1/4(8億塩基)であるとされています。私たちはその9割以上の長さ(7億4千万塩基)の配列を得ることができました。その配列には2万6千あまりの遺伝子があり、その7割ぐらいについては、体を作る、エネルギーを生み出すなど、大まかな機能もわかってきました。これまで魚類では、モデル動物としてよく利用されるゼブラフィッシュやメダカなどのゲノム配列が解読されていますが、これらとの比較により、魚類共通の基本的な遺伝子は約6,000種類であることがわかりました。成長や繁殖などに関連する遺伝子もみつきり、現在、その詳しい分析をしているところです。また、人工種苗生産技術の改良に欠かせない、養殖種苗の親子判定などに利用できる、遺伝マーカーの候補が約9万カ所もみつきりしました。遺伝マーカーは養殖技術開発だけでなく、資源管理や市場でのトレーサビリティの確立にも役立つと考えられます。

図2. クロマグロのゲノムDNA解読の手順。西海区水産研究所奄美庁舎で飼育したクロマグロ成魚の♂1個体から血液を採取する。血液からDNAを抽出し、第2世代シーケンサーで読み取るためDNAを短く切断する。第2世代シーケンサーで読み取ったDNA配列は数10～数100塩基の短い断片の集まりで、これらをコンピューター上でつなぎ合わせて再構成する。再構成されたDNA配列をコンティグといい、コンティグの集まりの合計長が予想されるゲノムの大きさに近づいた時、ゲノムDNA配列の概要が解読できたと判断する。



3. スサビノリゲノム解読

お寿司やおにぎりに欠かせないノリのほとんどは有明海や瀬戸内海などの内湾で養殖されています(図3)。生産量としては全養殖業のおよそ4割を占め第1位、金額では約25%を占め、ぶり類について第2位の、最重要養殖対象種のひとつです。成長や食味など特性が異なる1,000に達する品種があるとされますが、同じもの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したり、耐病性や温度適応など有用形質に関連した遺伝子の研究が必要です。

私たちは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、水産庁委託事業の中で、ノリの一品种サビノリの全ゲノム配列の概要を、第2世代シーケンサーを使って解読しました。しかし、スサビノリの

体(葉状体)にはたくさんの細菌が付着しているため、解読したDNA配列の中に細菌のDNA配列も混入しており、両者を正確に区別することが困難でした。そこで、スサビノリの細胞を培養して、無菌の細胞(無菌プロトプラスト)を作る技術開発をして、その細胞からDNAを抽出して解読しました。その結果、細菌のDNAが混入していないDNA配列を得ることができました(図4)。ゲノムDNA配列からは、品種の識別などに使える遺伝マーカーが約600カ所見つけられました。今回の成果を突破口に、海苔の品種改良技術が加速度的に改良されることに期待しています。

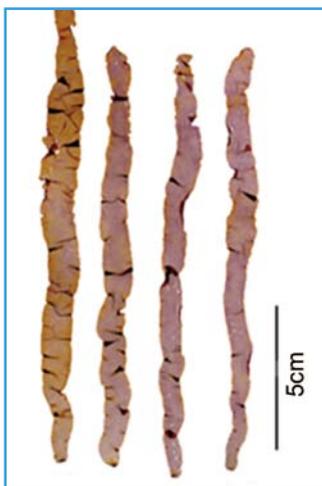


図3. スサビノリ葉状体。板海苔はこの葉状体を細かく切って紙のようにすいて乾燥したものだ。

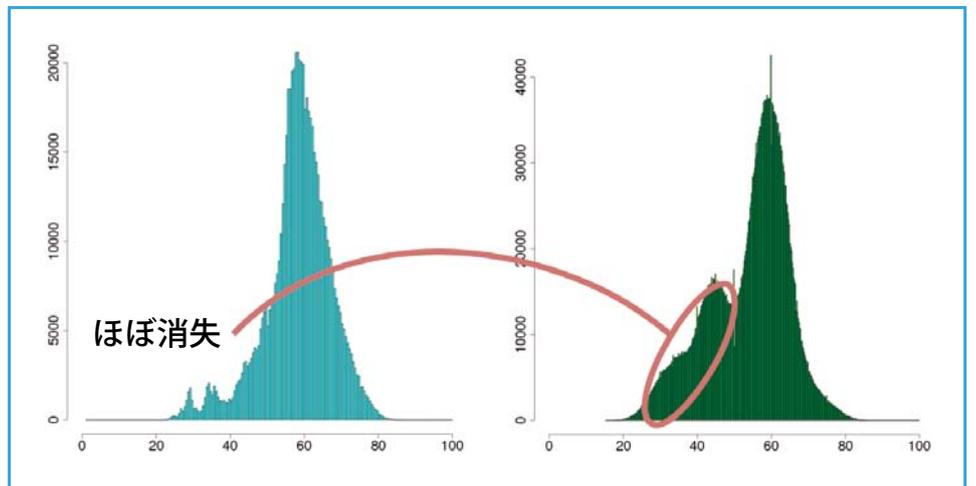


図4. 無菌プロトプラスト(左)と通常の葉状体(右)から抽出したDNA配列の特徴。横軸はDNAの塩基(ATGC)の組成(GC含量)、縦軸は頻度を表す。左側の無菌プロトプラストの配列については、コンピューター上でミトコンドリアや葉緑体の配列を除いてある。通常の葉状体(右)にみられたGC含量の低い細菌由来とみられる配列が、無菌プロトプラスト(左)からはほとんど消失している。