

ゲノムが分かると何ができるか -水産におけるゲノム研究とその応用-

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: 中山, 一郎 メールアドレス: 所属:
URL	https://fra.repo.nii.ac.jp/records/2010367

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



ゲノムが分かると何が出来るかー水産におけるゲノム研究とその応用ー

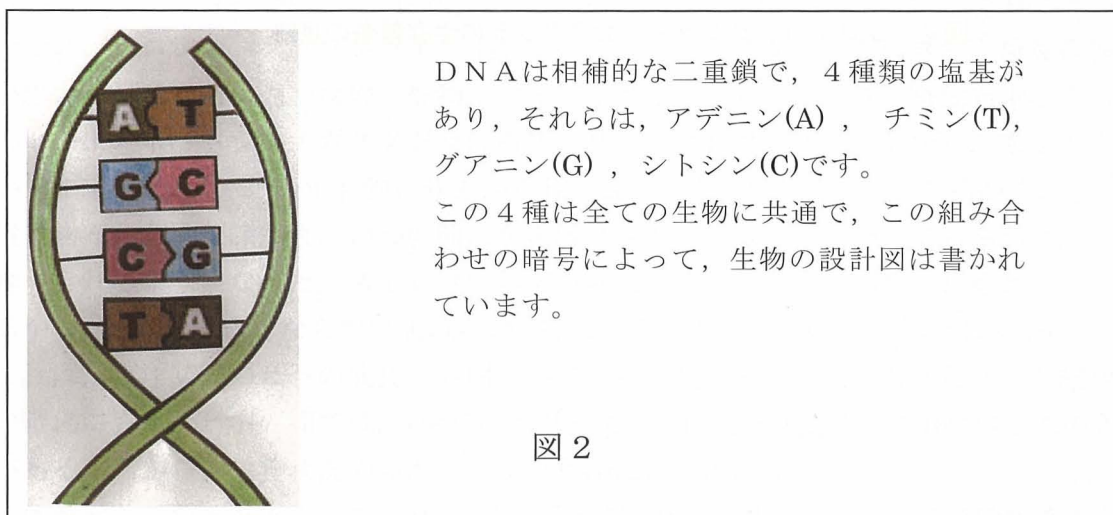
中山一郎

中央水産研究所 企画連絡室 ゲノムチーム

最近新聞等で良く目にする「ゲノム」，すなわち生物の設計図の研究は急速に展開しています。ゲノムとは gene (遺伝子) と chromosome (染色体) を合わせた造語で，生物を造り上げる設計図の基本の1セットのことをさします (図1)。



この設計図はDNAとしてすべての生物に共通の暗号で書かれています (図2)。



すでに、ヒトやイネではゲノム上のDNAすべての配列が読まれました。

水生生物においても、実験動物としてフグ、ゼブラフィッシュ、メダカ等で、全DNA配列が明らかとなってきています。

この設計図を元に、生物はその種に特有な体を作り、生命活動を行います。

ゲノム上のすべてのDNAが遺伝子（タンパク質を規定または制御する配列）という訳では無く、DNAのほとんどは役割の無い（と考えられている）配列です。

ヒトの場合は、全ゲノムDNAの97%は意味の無い（分からない）配列だと考えられています。残りの3%の部分が実際に生物の体を形作るタンパク質を規定している遺伝子領域です。

ゲノム量（DNA塩基数）は生物の種類毎に決まっています。これらのゲノムの載っている染色体の数も生物種毎に決まっています。大変興味深いことに、系統的に下等なものが染色体、ゲノム量ともに少なく、進化の過程に従ってゲノム量、染色体ともに多くなっているわけでは無く、例えば進化的には下等と考えられているバイモ（ユリ科）という植物はヒトの37.5倍のゲノム量を持っていますし、チョウザメの類は、ヒトの5倍以上の染色体数があります(表1)。

生物種	染色体数(2n)	ゲノム量 Mb (メガベース:百万塩基)
ヒト	46本	3,200
マウス	40本	3,300
フグ	44本	400
メダカ	48本	800
ヒラメ	46(又は48)本	700
チョウザメ	250本	3,000
黄色ショウジョウバエ	8本	180
トノサマバッタ	—	5,000
イネ	24本	430
トウモロコシ	20本	2,500
コムギ	42本	16,000
バイモ	—	120,000
ノリ	6本	280

表1. 各生物の染色体数とゲノム量

私たちの研究材料であるヒラメのゲノム量はメダカより若干小さく、ノリはイネの半分くらいです。

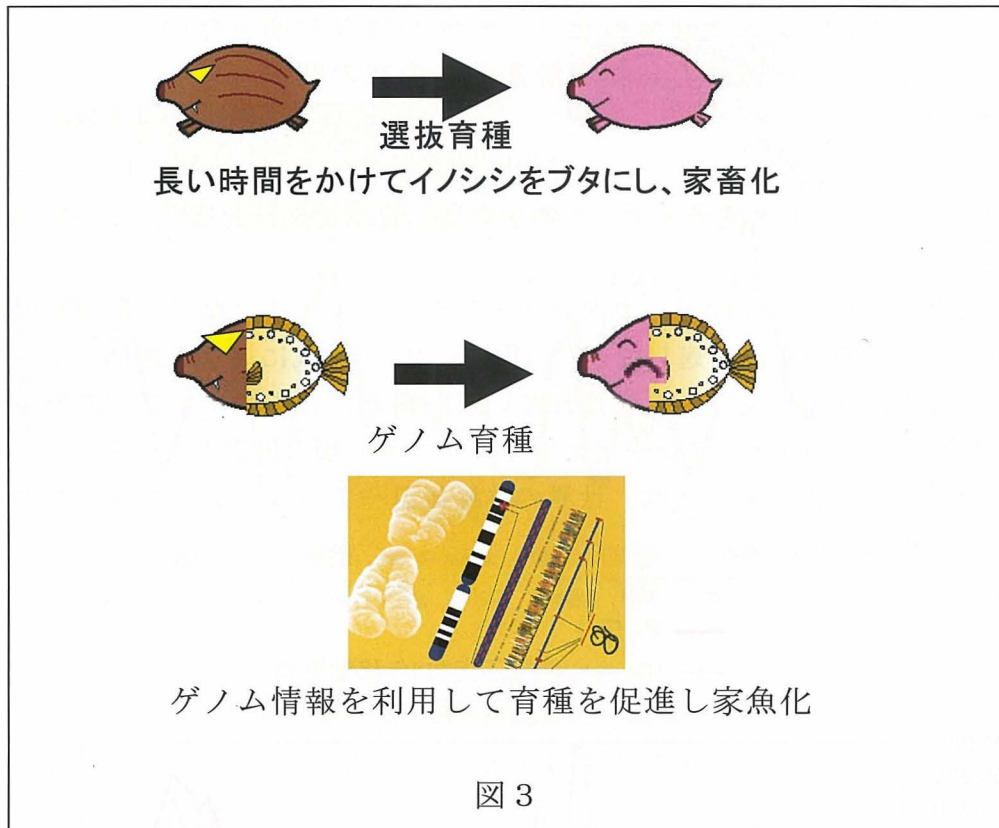
ゲノムを調べていくと、いろいろな遺伝子が何に関わっているのかが明らかになってきます。これらのゲノム情報の利用は例えば医学分野においては、病気の原因遺伝子の特定や、ゲノム情報を利用した創薬、個人ごとに薬を設計するテーラーメイド医療への応用が考えられています。農業分野では、乾燥や、温度の変化に強いイネを作ったり、窒素を固定する根粒菌のゲノム研究から肥料をやらなくてもすむ作物を作ること等多くの成果が期待されています。

水産分野においても、味が良く、成長が速く、病気にならずに、飼いやすい魚などの作出が考えられています。

水産生物ゲノム研究もヒトやイネのように、ゲノムの全DNA配列を読むことができれば理想的であります。皆さんの食卓に並ぶ水産物をちょっと想像してみてください。アジ、サバ、イワシ…とちょっと数えても大変多くの種類を含む魚類から始まって、エビ、カニ等の甲殻類、二枚貝、巻き貝、イカ、タコを含む軟体動物類、ウニなどの棘皮動物、ノリ、ワカメ、コンブ等の藻類、はては、クジラなどのほ乳類も入るといった膨大な数の種類の生物が水産物として食されています。

これらのすべての種類においてゲノムの全DNA塩基配列を決定するというのは、最新のDNA解析技術を使っても現在の予算及び研究人員の規模から考えてみても現実的ではありません。では、水産生物のゲノム研究はどうするのか。私たちはすでに分かっているヒトやフグ、イネなどのゲノム情報を水産生物に使えないだろうか、ということを考えています。遺伝子の並び順が種を超えて保存されている現象を「シンテニー」といいますが、すでにヒトとマウス、ヒトとフグなどで、シンテニーの存在が分かっています。このようなゲノムを比較することにより情報を得ようとする「比較ゲノム」の手法が水産生物には最も手っ取り早い方法であると、考えています。現在私たちはノリとヒラメについて、研究をおこなっています。これらの研究からゲノム情報が分かってくれば、養殖業においては、より良い品種を作る「育種」への応用、水産資源の持続的な利用に関しては、「系統群の解析」への応用、生産物に関しては「種判別」等の表示への確認等の応用等が期待されます。

特に育種分野では、水産養殖は、農作物や畜産に比べて歴史が浅く、まだまだ、天然の種苗を使っているような段階にあります。家畜に匹敵する「家魚」化をしていく必要があります。しかし、選抜育種で人間に都合の良い動物を選ぶのには、長い年月がかかります。水産養殖は始まったばかりですので、家畜化に要した数千年間も待てません。そこで、ゲノム情報を利用したゲノム育種の研究を行います。(図3)



水産生物のゲノム上のある特定の遺伝子が人間にとって役立つ形質、例えば、飼いやすいとか、病気に強いとか、成長が良いといった特徴を規定する場合、その遺伝子がゲノム情報を利用して同定できればその遺伝子自体を使い、もしくは同定できないときにはその形質と連鎖するマーカーを利用して、有用形質を生み出す遺伝子を選抜し、集団内に固定することができます。

このように、育種対象となる生物種自体が持っている良い形質を引き出してやるといった、従来の選抜育種を促進する技術を目指しています。

本講演では、水生生物の多様な遺伝的性決定機構等の興味深い特徴も含めて、ようやく手をつけ始めたばかりの水産生物ゲノム研究の現在の進行状況と水産業への応用についてお話ししたいと思います。