



独立行政法人 水産総合研究センター

第9回成果発表会プログラム

# 水産ゲノム研究のビッグバン

～水産におけるゲノム情報の活用～

平成24年 3月15日(木) 13:00～16:00

日本消防会館 ニッショーホール

主催：独立行政法人 水産総合研究センター

後援：水産庁 (社)大日本水産会 全国漁業協同組合連合会 (社)マリノフォーラム21  
(社)全国豊かな海づくり推進協会 (社)海洋水産システム協会

## 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。

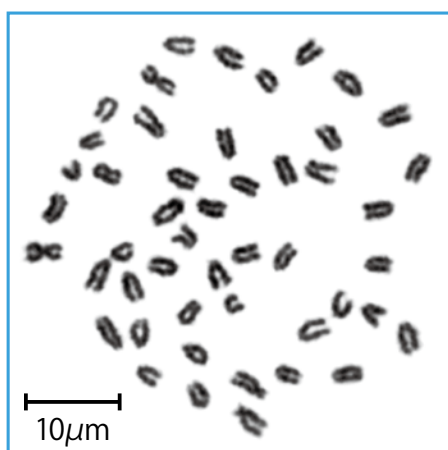


図1：クロマグロの染色体

### 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、いろいろな生物があります。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。

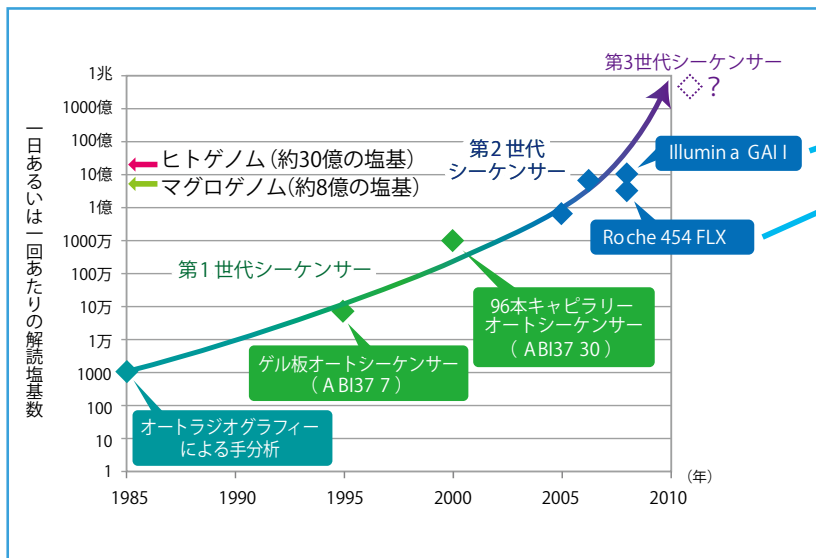


図2 シーケンサーの解読能力の向上



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

# 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

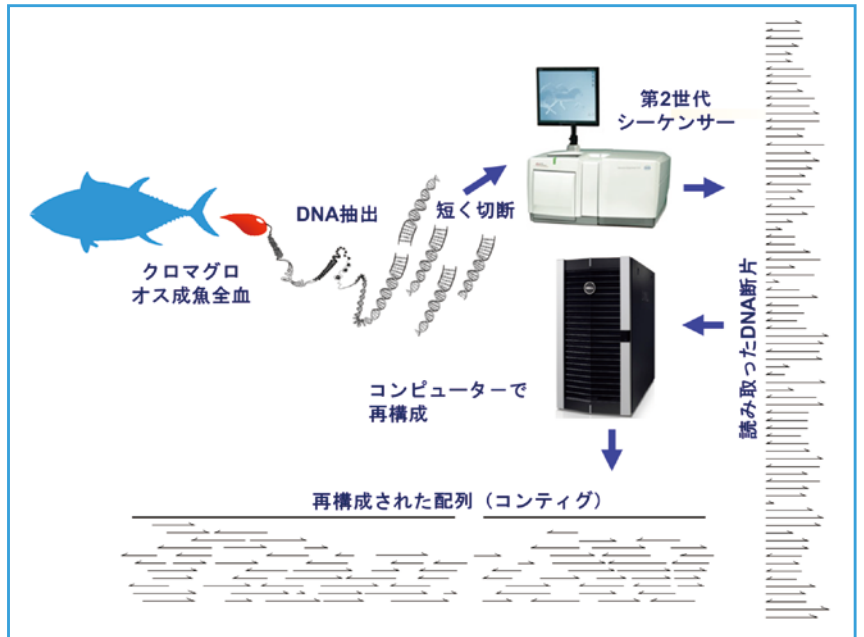


図1. クロマグロ成魚(西海区水産研究所奄美庁舎にて)

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。

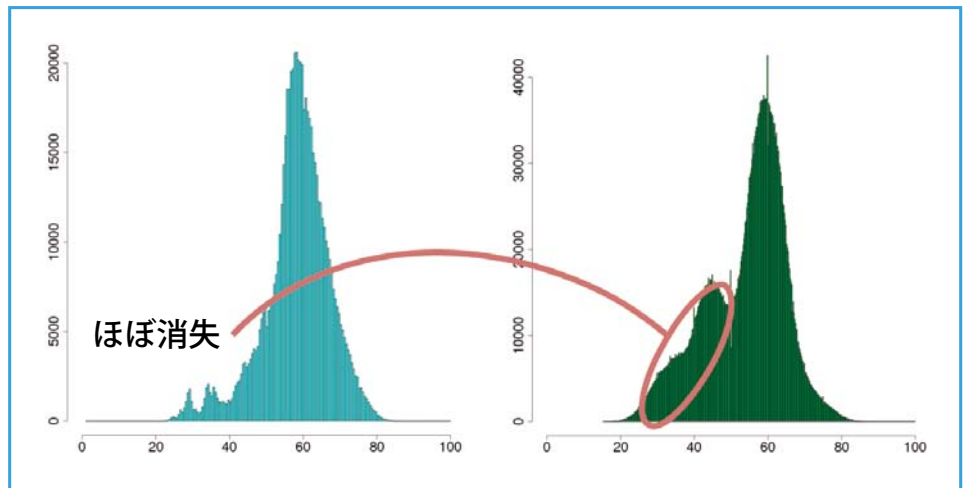
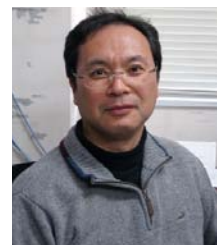


図4. 無菌プロトプラスト(左)と通常の葉状体(右)から抽出したDNA配列の特徴。横軸はDNAの塩基(ATGC)の組成(GC含量)、縦軸は頻度を表す。左側の無菌プロトプラストの配列については、コンピューター上でミトコンドリアや葉緑体の配列を除いてある。通常の葉状体(右)にみられたGC含量の低い細菌由来とみられる配列が、無菌プロトプラスト(左)からはほとんど消失している。

# ゲノム情報を利用して養殖品種を作る

増養殖研究所 養殖技術部 育種グループ長 名古屋 博之 (なごや ひろゆき)

雄性発生を利用した全雄生産、クローン作出、精子から個体を作る研究や成長ホルモン遺伝子を導入して、成長の早いサケ科魚類を作る研究を行ってきました。現在は、高水温に強いヒラメを作る研究に従事しています。



## 1. はじめに

育種とは人間にとって、望ましい遺伝的形質を持つ生物集団を作り、維持、繁殖させることだと言われています。従って、海から魚介類を捕まえて、それを食料利用するだけでは育種はできません。また、人間の手で人工的に繁殖できない魚介類でも育種はできません。

本日は、これまで日本や世界の人々が研究してきた育種を振り返りながら、近年、ゲノム情報の蓄積とともに、それを利用して、水産総合研究センターで行っている育種の成果を紹介したいと思います。

## 2. 養殖業における育種

養殖業で「育種」と聞くと、皆さんはどんな魚介類を思い浮かべるでしょう。身近な育種成果としてはコイやキンギョがいます。コイは紀元前から飼育の痕跡があり、人に慣れにくく、体高も低い野性ゴイから成長も早く、体高も高くなり可食部が多くなったコイが作られています。また、ヨーロッパでは料理する際、面倒な鱗を無くしたカガミゴイといった品種が作られています。さらに、観賞用としていろいろな形態や色彩・紋様を持ったキンギョやニシキゴイが作られてきました。

近年では30年以上、選抜交配を繰り返し、成長のよいニジマスやマダイが外国や日本で作られています。魚類以外でも、ノリでは葉状体で選抜を繰り返し、多収性、高色調性を指標に多数の品種が作られ、登録されています。このように選抜交配を用いて、優秀な品種が作出されていますが、

これらの育種はその種の成熟年齢と関係して、何世代も交配を続けるため、優秀な品種を作るため、何十年もの年月を必要としました。

ところが、近年、分子生物学の発達とともにいろいろな種でゲノム情報が調べられ、魚介類でもゲノム情報が公開されています。その中から遺伝子マーカー等を利用して、優良な形質と関係する遺伝子マーカーを探す研究が盛んになってきました。そこで、これらのゲノム情報と育種研究について私たちが取り組んだ成果を紹介したいと思います。

## 3. ゲノム情報を利用した育種

生物のゲノムの中には塩基の配列が繰り返し繋がっている配列が見つかります。これをマイクロサテライト遺伝子座といい、この配列を遺伝子マーカーとして優良な形質と結びつける研究が盛んに行われています。水産総合研究センターではブリとヒラメを用いて育種研究を行いました。

ブリではハダムシという寄生虫が体表について、ブ

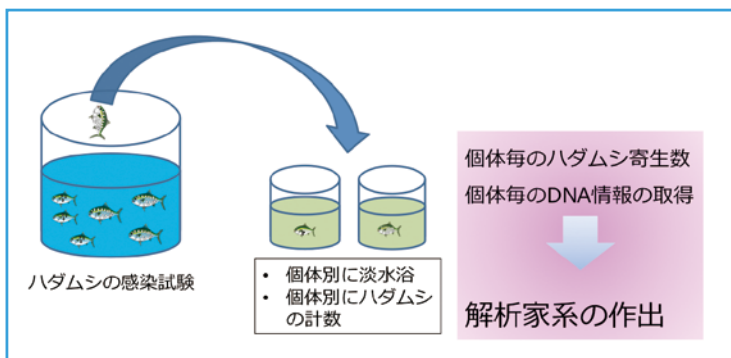


図1. 解析家系のハダムシ耐性に関する情報の収集

りはこれを体から落とそうとして、網に体をすりつけます。その結果、体表に傷ができ、この傷が原因で、いろいろな感染症を引き起こすという問題があります。そこで、図1に示すように人工的にハダムシを感染させ、個体別にどのくらいハダムシが付着していたかを調べ、この結果から、ハダムシの付着の少なかった個体を見つけ、その後の交配実験からハダムシの付着が少ない家系と関係する遺伝マーカーを見つけることに成功しました。

また、*Streptococcus iniae*を病原菌とするヒラメ連鎖球菌抵抗性個体作出の研究も行いました。その結果、抵抗性を示す個体に多くみられる遺伝マーカーを見つけ出し、その遺伝マーカーを元にヒラメを選抜して感染試験をすると、図2に示すように、選抜魚の死亡は少ないことがわかりました。このような研究は優良な形質と密接に関係する遺伝子マーカーを見つけ出し、このマーカーを指標に魚介類を選抜していこうとする研究です。

次に、ゲノム情報を用いた他の手法として突然変異育種法を紹介します。これは、薬品などで遺伝子に突然変異を誘起し、育種を行っていく方法で、植物の育種では積極的に取り入れられている手法です。

本手法は任意の突然変異を誘起することができないため、従来は突然変異を誘起した個体から、たくさんの子どもを取って求める形質を持つ個体を選抜するしか方法がありませんでした。ところが、ゲノム情報が明らかになり、特定の形質と遺伝子の関係がわかると、予め精子などに求める形質を支配する遺伝子に突然変異が誘起されているか確認できるため、突然変異がはいった精子を使って受精させることにより、従来の方よりもずっと効率的に突然変異個体が得られるようになります。私たちの研究所ではすでに全ゲノム情報がわかっているメダカをモデルにミオスタチン遺伝子に変異を誘起し、可食部が多くなるメダカを作ることになりました(図3)。今後はこの成功を元に、養殖対象種へ研究を進めています。

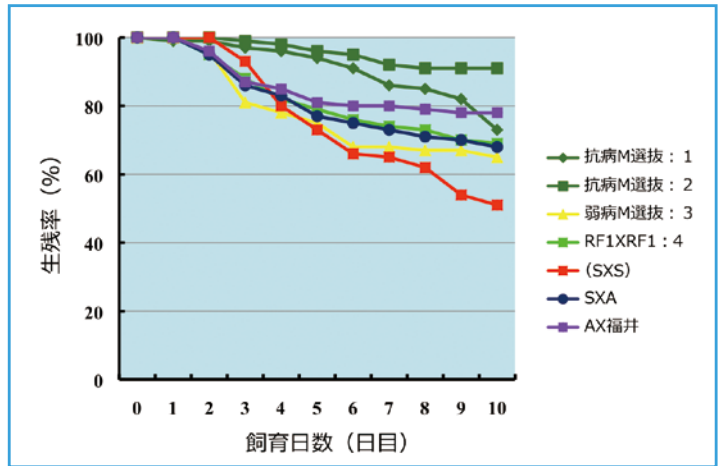


図2. 連鎖球菌感染試験における各家系間の生存率の経日変化

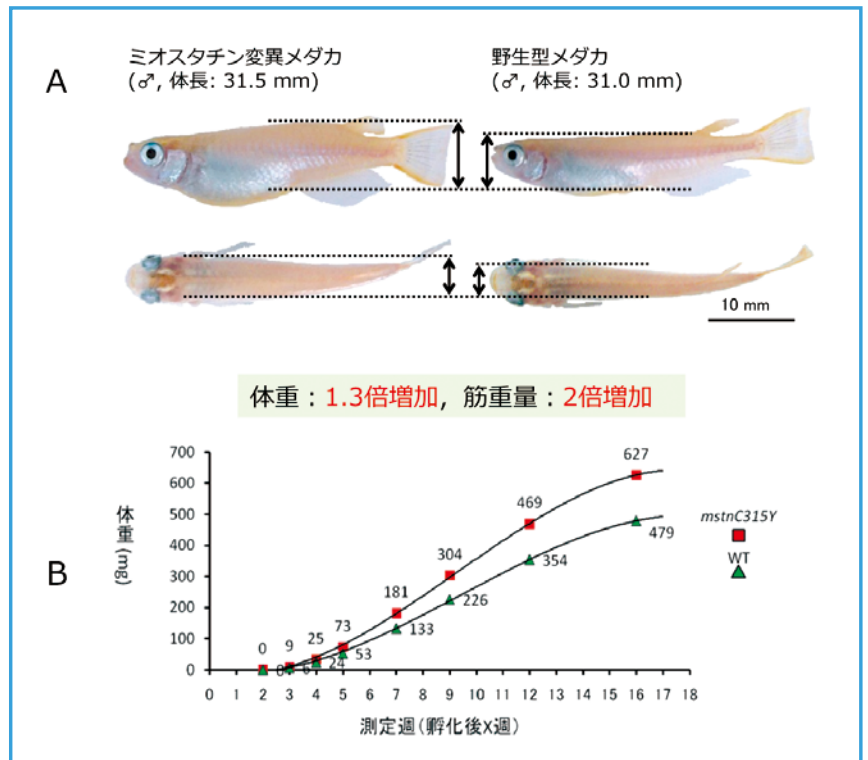


図3. ミオスタチン変異メダカ(A;左)とコントロール(A;右)および体重変化(B)

#### 4. 終わりに

これまでの選抜育種では優良な品種を作出するため、何世代も交配する必要がありました。しかし、ゲノム情報を利用することで、優良な形質を持つ個体を効率的に作出することができると期待されます。

## ワクチン開発へのゲノム情報の応用

増養殖研究所 病害防除部 免疫グループ 研究員 高野 倫一 (たかのともかず)

病原体のゲノムを調べることで、彼らがどのように病気を起こすのか、そのメカニズムを知ることができます。現在は、これらの情報を利用して、ワクチンをはじめとする養殖魚の健康管理技術について研究開発を進めています。我々の技術でより健康で高品質な養殖魚が生産できるようになればと期待しています。



### 1. はじめに

予防接種や感染により病原体やその成分が体内に入ると、我々の体はそれを記憶し、以後はその病気にかかりにくくなります。この現象は「免疫がついた」などと表現されます。毒性を無くした病原体などを人や家畜がワクチンとして接種するのはこのためです。魚類においてもワクチンを接種することで感染症を予防できることが分かっています(図1)。

我が国では、これまでに8種類の魚類病原体に対するワクチンが承認・販売されています。これらのワクチンの普及により、年間200億円の魚病被害額が100億円にまで軽減されました。同時に、抗生物質などの抗菌剤の使用量も大幅に減少し、コストの低減、環境への負荷や経費の軽減、食品としてのイメージアップ、などの副次的な効果もたらされました。今後も水産用ワクチンはますます利用されるようになるでしょう。

### 2. 水産用ワクチンの問題点

南北に長く、豊富な魚介類に恵まれた我が国では、

様々な種類の魚介類が養殖されています。そのため、病原体の種類も多く、ウイルス、細菌、真菌および寄生虫を合わせると、50種類以上の病原体による被害が発生しています。それに対し、国内では、いまだ8種類の魚類病原体に対するワクチンが開発されているだけです。その理由の一つとして、魚類病原体の多くが培養しにくい(難培養)ことが上げられます。日本で承認されている全ての水産用ワクチンは、大量に培養した病原体を殺して利用する不活化ワクチンです。ゆえに、多くの難培養な魚類病原体に対してワクチンが開発できずにいるのです。そこで我々は、この問題を克服するために病原体のゲノム情報を利用しようと考えました。

### 3. ワクチン開発にゲノム情報を

ゲノム上にはたくさんの遺伝子が存在しています。これらの遺伝子から産生された様々なタンパク質が巧みに組み合わせることで、ひとつの病原体やその毒素が形作られます。先ほど述べた“免疫”では、このタンパク質のいずれかが記憶されることが、これまでの研

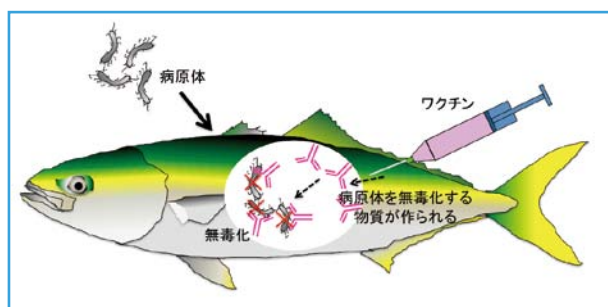


図1. ワクチン接種による感染症予防



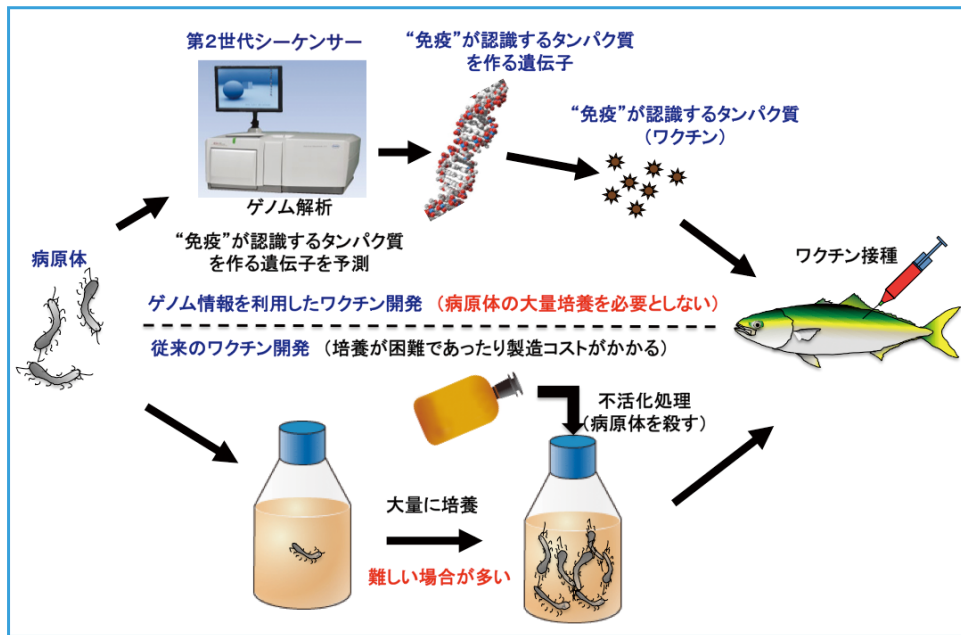


図2. ゲノム情報を利用したワクチン開発法と従来法との比較

究から分かってきました。すなわち、免疫で記憶される特定のタンパク質を大量に作る事ができれば、病原体全体を大量に培養しなくても、それをワクチンとして利用できます。すなわち、この免疫で記憶されるタンパク質を産生する遺伝子さえ見つかれば、難培養な病原体を培養しなくても、ワクチンが製造できるようになるのです(図2)。そのためには、魚類の病原体のゲノム情報を充実させなければなりません。

#### 4. ブリ細菌性溶血性黄疸ワクチン開発に挑戦

平成22年度新たな農林水産政策を推進する実用技術開発事業の「遺伝子情報を利用した難培養性病原体に対するワクチン技術の開発」において、水産総合研究センターは中核機関として、東京海洋大学および大分県農林水産研究指導センター水産研究部の協力を得て、ブリ細菌性溶血性黄疸(ブリ黄疸)のゲノム情報を利用したワクチン開発が本格的に始動しました。

ブリ黄疸は1980年代から養殖ブリに発生し、西日本一帯に広く見られるようになった感染症です。出荷直前の大型魚で発病が顕著なため、経済的損失が大きく、ブリ養殖の最重要疾病の1つとなっています。ブリ黄疸の原因菌(図3)については、これまで多くの研究者が培養法の改良を試みてきましたが、高価な培地を用

いても極少量しか培養できず、不活化ワクチンの開発に手がつけられずにいました。

当センターの第2世代シーケンサーを利用して、これまでに、本病原菌のゲノム配列の概要の解読に成功し、ゲノムの大きさは200万塩基程度であることや、ゲノム上には1,500個以上の遺伝子が存在することを明らかにしました。また、ワクチンと成り得る特定のタンパク質を作り出す遺伝子の予測にも成功し、数百個の遺伝子を候補として選抜することができました。現在は、組換えタンパク作製技術を利用して、これらのタンパク質を大量に調製し、ワクチンの効果を確認しています。

この研究により、今後、他の多くの難培養な病原体に対してもワクチンが開発できると期待しています。

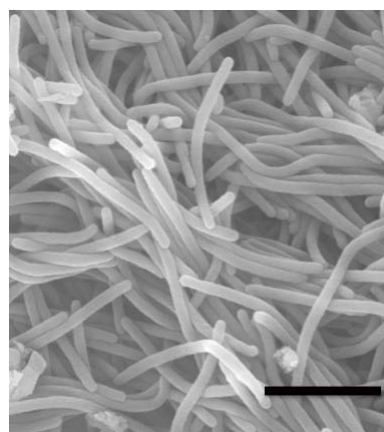


図3. ブリ黄疸の原因菌。細長い棒状のものひとつひとつが細菌(黒線は2.0ミクロン=1.0ミリの500分の1)

# ゲノム情報で海を探る ～メタゲノム解析による海洋生物の多様性と環境評価～

瀬戸内区水産研究所 環境保全研究センター 主任研究員 長井 敏(ながい さとし)



赤潮生物や貝毒原因プランクトンの集団遺伝学的解析手法を用いて、海流や人為的要因による輸送実態について研究を行ってきました。現在は、プランクトンメタゲノム解析手法の開発をテーマにして、一度に10万、20万個の塩基配列を扱い、海域間の出現種の比較などを行っています。

## 1. はじめに

2008年から本年にかけて相次いで商品化された第2世代シーケンサー（生物の持つゲノム情報、塩基配列を読む器械）の登場により、生命科学とバイオ産業に大きな変革が起きています。第2世代型と呼ばれるシーケンサーは、従来型シーケンサーの数十～数百倍の性能を発揮します。このようなシーケンス革命の到来により、大量に得られるゲノム情報をフル活用した新しい技術により、海洋に何種類の生物がいるのかに対する解答が、それほど難しくなく得られるようになってきました。

## 2. 出現プランクトンの種類数とモニタリングの実情

最近の研究で、藻類はおよそ11の植物門に分類され

ています。細胞の形態情報（かたち）、葉緑体の組成と構造、生活史、遺伝子配列などが、分類の基準となっています。比較的大型（20～500ミクロン\*）の植物プランクトンでは、ゲノム情報を登録したデータベースは充実してきましたが、採集した地点などの詳しい情報が登録されておらず、10ミクロンより小型の超微細種の情報になると、何種類いるのか未だに不明です。動物プランクトン・無脊椎動物群（貝類、ゴカイなど）は、植物プランクトン同様、極めて多様な動物群を含み、分布域、生活史などの生態も多様性に富んでおり、数万種数の存在が推定されています（図1）。動物プランクトンに特化したデータベースもあり、形態情報とゲノムの情報の総合化を目指した取り組みが行われています。

都道府県の海洋・水質を調査している研究機関では、1970年代前半から、浅海定線調査事業などを利用して日本沿岸の環境モニタリングを実施しており、その中

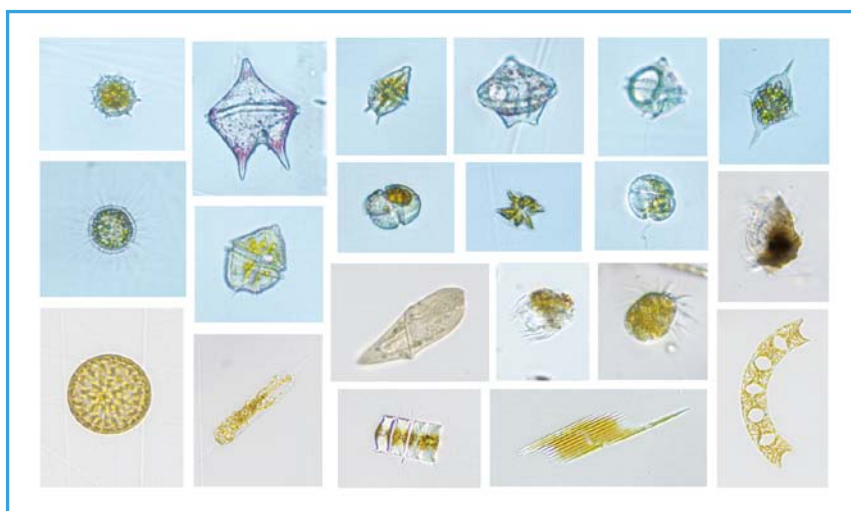


図1. 日本沿岸に出現するプランクトン

生物群	門数	綱数	属種数	配列数	不明配列数
藻類	10	27	643	809	166
繊毛虫	1	7	72	77	5
原生生物	—	—	134	165	31
動物	18	45	389	404	15
菌類	5	13	46	63	17
不明	—	—	0	918	918
生物群全体			1,284	2,436	1,152

検出された異なる配列の総数

表 1. 広島湾におけるプランクトンメタゲノム解析結果の概略

で、動植物プランクトンのモニタリングを行ってきました。動植物プランクトンのデータは蓄積されてきたのですが、優占種の情報がほとんどであり、希少種や微細な植物プランクトンの情報はほとんどない状況にあります。

### 3. 第2世代シーケンサーによるプランクトン出現種の分子モニタリング

全ての海洋プランクトンの染色体上の共通の遺伝子領域について遺伝子増幅を行い、第2世代シーケンサーを用いた配列解析を行うことで、海域間のほぼ全ての出現種の記録と出現種の多様性比較が可能です。2010年に広島湾から表層海水を11回採集し、海水中各250mLに出現したプランクトン種の約14万個の配列について調べてみました。その結果、約2,436個の異なる配列が検出され、植物プランクトンと海藻については、809個の異なる配列のうち、643個について10門27綱に分類される生物群で属名・種名を判別することができました(表1)。ツリガネムシ、ラップムシなどの繊毛虫では、1門7綱72個の配列で属名・種名の判別が可能であり、アメーバ等の原生生物門では165個の異なる配列が検出されたうち、134個で属名・種名の判定が可能でした。動物界(海産無脊椎動物+魚類)では、404個の異なる配列が検出され、驚いたことに、海綿、クラゲ、ホヤ、貝類、ゴカイなど多数の動物門等に属する種が

検出され、389個の配列で属名・種名の判定が可能でした。一方で、不明な生物群としてどの生物門にも属さない918個の配列が検出され、全体(2,436個)の37.7%、総配列数(14万個)のうちの39.5%に及びました。

このように、属名・種名がついていない不明種の配列はまだ多数あり、今回行った解析を効率よく実施する上で障壁となっていますが、それでも1リットル程度の海水から約2,400個(種)もの遺伝子を検出する技術開発に成功しました。また、多数の有害・有毒プランクトンだけではなく、汚染指標となる生物群も多数検出されました。本手法を用いると海域の富栄養化の程度や底質の汚染度の比較もおそらく可能であり、外来種の鋭敏な検出にも有効な手法であると思います。

本解析は、海洋生物の分子モニタリング手法として最もパワフルな手法の一つであり、出現種の検出だけではなく、出現密度の算出を可能にすることで、新たな海洋プランクトンのモニタリング手法としての活用が期待されます。近い将来、多くの試験研究機関等で動植物プランクトンの出現モニタリングにも活用できるように、技術開発を継続したいと考えています。

\*ミクロン：長さの単位で1ミクロンは千分の1ミリメートル

## プログラム

- |   |       |
|---|-------|
| 1. 開 会  | 13:00 |
| 2. 理事長挨拶  |       |
| 3. 成果発表   |       |
| (1) 水産ゲノム研究のビッグバン<br>～飛躍的に向上した解析能力で拓がる可能性～<br>中央水産研究所 水産遺伝子解析センター 佐野 元彦 | 13:05 |
| (2) マグロやノリなどのゲノム構造とそこから見えること<br>中央水産研究所 水産遺伝子解析センター 齊藤 憲治               | 13:35 |
| (3) ゲノム情報を利用して養殖品種をつくる<br>増養殖研究所 養殖技術部 名古屋 博之                           | 14:05 |
| 休 憩   | 14:35 |
| (4) ワクチン開発へのゲノム情報の応用<br>増養殖研究所 病害防除部 高野 倫一                              | 14:50 |
| (5) ゲノム情報で海を探る<br>～メタゲノム解析による海洋生物の多様性と環境評価～<br>瀬戸内海区水産研究所 環境保全センター 長井 敏 | 15:20 |
| 4. 質疑応答   | 15:50 |
| 5. 閉 会  | 16:00 |

本プログラムの成果の引用・転載にあたっては当センターまでご連絡下さい。

お問い合わせ先

独立行政法人 水産総合研究センター

〒220-6115 神奈川県横浜市西区みなとみらい2-3-3 クイーンズタワー B 15階  
電話：045-227-2600 WEBサイト：<http://www.fra.affrc.go.jp/>

