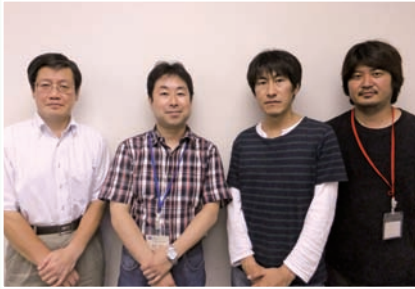


スサビノリゲノムの解読



【研究課題名】
ニホンウナギ・太平洋クロマグロ等のゲノム解析
【実施年度】平成23年度～継続中

水産遺伝子解析センター 構造研究グループ
機能研究グループ

中村洋路

小林正裕・尾島信彦・安池元重

背景・目的

ノリ養殖は、生産量では海面養殖の3割、金額では2割を占める最重要養殖産業のひとつです。将来の品種改良などへの応用を見すえ、以前より水産庁委託事業の中でノリ的一种スサビノリのゲノム（細胞の中にあるすべての遺伝情報）配列解読に取り組んできましたが、ノリ表面に付着する細菌のDNA混入が解読の妨げとなっていました。そこで、スサビノリの細胞の中身だけを残して細胞壁から外側を除去することにより（こうしてできた細胞をプロトプラストといいます）、スサビノリだけのゲノム情報を解読しました。

方法と結果

スサビノリ無菌化プロトプラスト（図1）から計約5.1億本のDNA断片を解読し、計算機プログラムによりこれらのうち互いに重なっている部分を繋ぎ合せ、合計約4,300万塩基対の配列にまとめました。このゲノム配列から10,327個の遺伝子構造を予測し、スサビノリの遺伝子カタログを作成することができました。カタログから、ノリで初めてビタミンB₁₂依存性のメチオニン合成酵素遺伝子が発見されました（図2）。ノリはビタミンB₁₂を豊富に含んでいます。この発見は、ノリ自身がこれをどのように活用しているかを示す手掛かりとなります。一方で、スサビノリゲノムにはビタミンB₁₂を合成するための遺伝子が無く、自前でビタミンB₁₂を作り出すことはできないようです。このことから、ノリは周囲に付着している細菌が産生するビタミンB₁₂を取り込んでいるのだらうと思われれます。また、スサビノリの遺伝子はアミノ酸を指定しない部分（イントロン）が非常に少なく（図3）、コンパクト

な構造を持つことが推定されました。

波及効果

今回の成果を活用することで、ノリの養殖技術の改善・開発のほか、優良品種の作製や品種識別手法の開発が加速するものと期待されます。

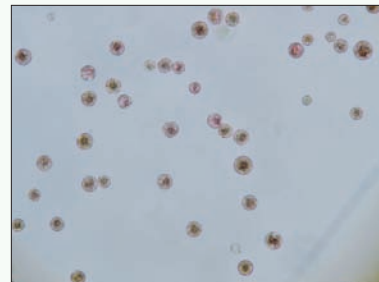


図1 スサビノリのプロトプラスト 平均の直径は約20 μm。

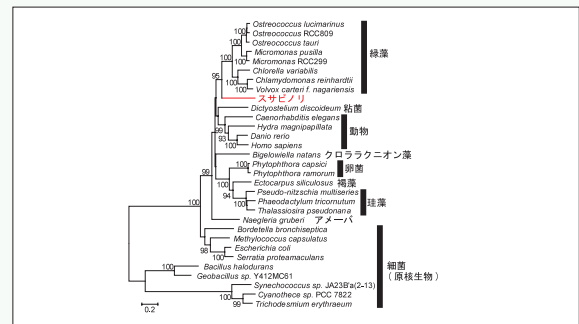


図2 ビタミンB₁₂依存性メチオニン合成酵素遺伝子の無根系統樹 ノリおよびその仲間（紅藻類）ではこれまで見つかったことが分かります。それぞれの枝分かれ部分では信頼性の高いもののみブートストラップ値（90%以上）を示す。

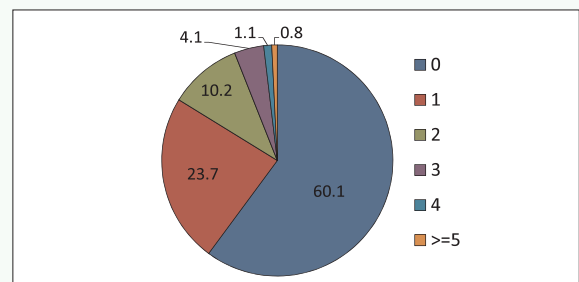


図3 イントロンの数から見たスサビノリ遺伝子の内訳 (%) イントロンとは、遺伝子配列の中でアミノ酸の情報を書かずにタンパク質合成の前に除去されてしまう部分のことをいいます。ノリの遺伝子の約6割以上はイントロンを持っていません（0個）。