

令和3年9月14日

Press Release



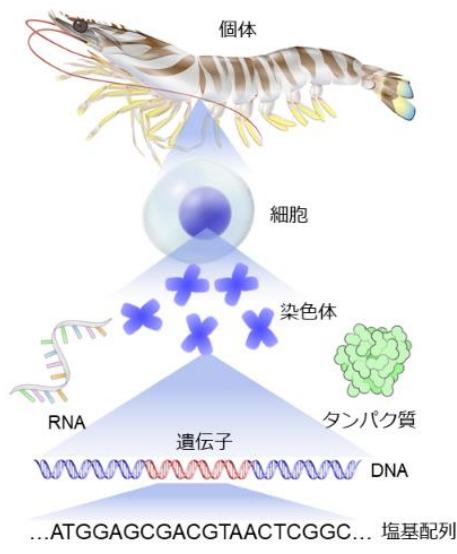
クルマエビのゲノム解読に成功

～より病気に強く、おいしいエビを作るために～

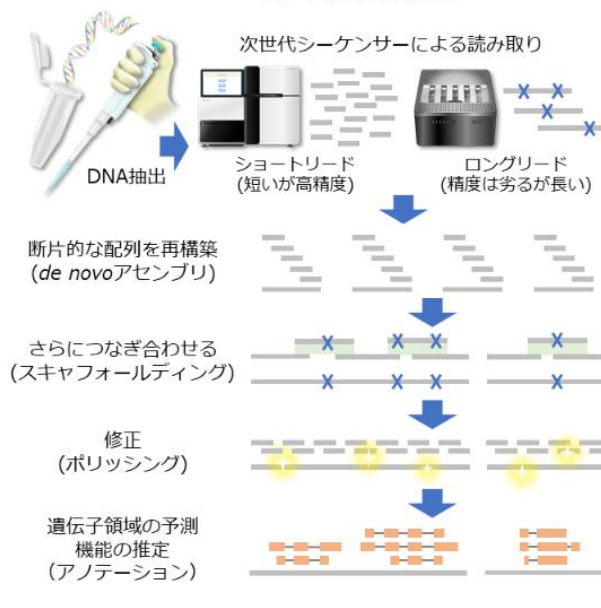
- クルマエビの「設計図」であるゲノム情報の概要を明らかにしました。
- クルマエビゲノムの大きさ（約 19 億塩基対）はヒトゲノムの約 6 割で、約 2 万 6000 個の遺伝子が見つかりました。
- このゲノム情報はクルマエビの感染症防除法の開発、品種改良や資源評価の情報基盤として役立つと期待されます。

国立大学法人東京海洋大学（以下、海洋大）のゲノム科学研究室と沖縄科学技術大学院大学（以下、OIST）のマリンゲノミクスユニットなどは共同で、我が国における水産上の重要種なクルマエビのゲノム解読に成功しました。本研究で得られたゲノム情報は、クルマエビの養殖現場で頻発する感染症の防除に向けた研究を加速し、また品種改良や天然資源管理の効率化にも役立つと期待されます。本研究の成果は、アメリカ遺伝学会が発行する学術誌 G3 オンライン版で発表されました。

ゲノム=生き物が持つDNAの全塩基配列



ゲノム解析の流れ



【論文発表の概要】

研究論文名 : Genome and transcriptome assemblies of the kuruma shrimp, *Marsupenaeus japonicus* (クルマエビのゲノムおよびトランスクリプトームアセンブリ)
著者 : 川戸智 (海洋大)、西辻光希 (OIST)、有本飛鳥 (OIST、広島大学)、久田香奈子 (OIST)、川満真由美 (OIST)、野崎玲子 (海洋大)、近藤秀裕 (海洋大)、新里宙也 (東京大学)、大平剛 (神奈川大学)、佐藤矩行 (OIST)、將口栄一 (OIST)、廣野育生 (海洋大)

公表雑誌 : G3: Genes|Genomes|Genetics (アメリカ遺伝学会の英文学術誌)

公表日 : 日本時間 2021 年 9 月 14 日 (火) 01 : 00 (オンライン公開)

【背景】

クルマエビ (学名: *Marsupenaeus japonicus*) は、我が国において古くから珍重されてきた重要な水産動物です。「くるまゑび」の名は、江戸時代の本草書『本朝食鑑』に現れ、歌川広重の浮世絵にも描かれています。明治時代には天然クルマエビの畜養が試みられ、我が国におけるクルマエビの養殖の端緒を開きました。1930年代には藤永元作らがクルマエビの人工孵化に世界で初めて成功し、1960年代には大規模養殖技術が確立されました。日本で築かれたクルマエビの養殖技術は、今日世界中で営まれるエビ養殖の基盤となっています。

日本近海の天然クルマエビは北海道南部から九州にかけて分布していますが、クルマエビ養殖生産量の全国トップは沖縄県です。1970年代に本土から種苗が導入されたのを皮切りに、クルマエビ養殖は県内各地に広まり、飛躍的な発展を遂げました。クルマエビは沖縄県の海面養殖業生産額の28%を占め、一位のモズク(41%)に次ぐ重要な水産物のひとつとなっています。

一方で、クルマエビ養殖はウイルスや細菌など病原微生物による感染症の被害に悩まされてきました。感染症を防止するには、クルマエビが病原体と戦う仕組み(生体防御機構)を理解することが重要です。

生体防御機構を初めとして、生体内のさまざまな働きは、細胞の中で作られる各種のタンパク質やRNAという分子によって担われています。ひとつひとつのタンパク質やRNAの構造や、それらがいつどの細胞で生産されるべきかを指定した情報が、遺伝子としてDNAに書き込まれています。このような理由から、ある生き物がもつDNAの全配列、すなわちゲノムは、その生き物の「設計図」に例えられます。

私たちは、クルマエビのゲノムを解読することで、クルマエビの生体防御機構を理解するためのデータ基盤を構築することを目指しました。

【研究内容・成果】

私たちは、次世代シーケンサーと呼ばれるDNA解析機器を駆使して、沖縄県産クルマエビのゲノム概要配列を得ることに成功しました。

クルマエビのゲノムの大きさは約19億塩基対(ヒトゲノムの約6割)と推定され、その88%にあたる約17億塩基対の概要配列が得られました。解析の結果、ゲノムの3割弱が単純反復配列と呼ばれる繰り返し配列で占められていることがわかりました。これはクルマエビ類以外の他の動物ゲノムにはほとんど見られない特徴です。クルマエビのゲノムには、約26,000個の遺伝子が存在すると推定されました。このうち7割弱の遺伝子について機能を予測できました。

【今後の展開】

クルマエビのゲノム情報が整備されたことで、クルマエビがどのような遺伝子を持っているのかが明らかとなりました。これらの遺伝子のはたらきや、個体間の遺伝子配列の違いを詳細に解析することで、クルマエビの生体防御機構に対する理解が深まり、病気に強いエビをつくるための研究が加速すると期待されます。

また、本研究の成果は、ゲノム情報を利用して効率的に新品種を作り出すゲノム育種や、天然資源管理の高度化を進めるためのDNAマーカー開発に役立つと期待されます。

【研究助成】

本研究は、JSPS 科研費 JP15H02462、JP19H00949、JP19J21518、JST/JICA SATREPS プロジェクト JPMJSA1806 および日本学術振興会特別研究員 DC(東京海洋大学大学院海洋科学技術研究科)の交付を受けて実施しました。

【機関の情報】

国立大学法人東京海洋大学（東京都港区港南4丁目5番7号、学長 井関 俊夫）
2003年に東京商船大学と東京水産大学が統合し設立された国内唯一の海洋系大学。海洋に特化した大学であるという特色を活かし、環境、資源、エネルギーを中心に、海洋分野におけるグローバルな学術研究の強力な推進とその高度化に取り組んでいます。

学校法人沖縄科学技術大学院大学学園（学長 ピーター・グルース）
科学分野の5年一貫制博士課程を置く国際的な大学院大学。国内外から優れた研究者を集めて質の高い研究を行い、世界レベルの研究拠点の形成を推進、沖縄における知的クラスターの核となることを通して世界の科学技術へ寄与するために2011年に設立されました。

<本件に関するお問い合わせ先>

東京海洋大学 広報室
〒108-8477 東京都港区港南 4-5-7
Tel : 03-5463-0355
E-mail : so-koho@o.kaiyodai.ac.jp

<本件に関するお問い合わせ先>

沖縄科学技術大学院大学 広報担当
〒904-0495 沖縄県恩納村谷茶 1919-1
Tel : 098-982-3447
Email:media@oist.jp