



ニホンメダカのゲノムを解読

情報・システム研究機構国立遺伝学研究所長 小原 雄治

【研究の背景】

わが国で広く親しまれてきたメダカ(図1)は、実験動物として今や国際クラスです。欧米で開発されたゼブラフィッシュを相補う特性を持つことから、ヒトを含む脊椎動物のモデルとして世界的に注目を集めています。その一層の活用のためにゲノム解読を2002年に開始しました。

当時、脊椎動物ゲノムを全ゲノムショットガンというやり方で丸ごと解読することは国内では皆無、世界的にも稀でしたが、これを可能にしたのが多様な研究者が結集できる特定領域研究という仕組みであり、私の研究室(ゲノム解析)と東京大学・武田洋幸(発生生物学)、森下真一(コンピュータ科学)研究室が中核となり解読を進めました。

【研究の成果】

本研究ではメダカゲノム約7億の塩基配列を決定し、その中に約2万個の遺伝子を見つけました。ヒトゲノムの1/4の大きさですが、遺伝子数はほぼ同じで8割以上がよく似ています。先天性腎臓病や脂肪肝などヒトの病気に関連する遺伝子も多数見つかっています。

メダカゲノムと他のゲノムとの詳細な比較の結果、過去約4億年にわたる魚類ゲノムの進化が明らかになりました(図2)。魚類祖先で起こった全ゲノム倍加という現象のあと比較的短期間に大規模再編成が頻繁に起こったこと、その後メダカでは再編成が抑制されたことが特筆されます。

また、メダカ集団の多様化の様子もゲノムレベルで見えてきました。南日本系と北日本系のDNA配列の違いは3.4%(30塩基に1つ)と脊椎動物種内ではこれまでの最大でしたが、これらは交配可能です。生殖に関連する遺伝子群の進化速度が緩やかでしたが、このことが関連するのかもしれません。

【今後の展望】

現在メダカでは発生・成長に異常を示す突然変異体が多数単離されています。この中にはヒトの疾患モデルとなるものが多く含まれています。今回のゲノム解読により、メダカを用いた基礎生命科学が飛躍的に発展するものと期待されます。ゲノムの進化・多様化、種分化の研究においても大きな役割を果たすと思われます。また、本研究で培ったバイオインフォマティックスの実力は、今後様々な局面で活用されると考えています。



図1 メダカ

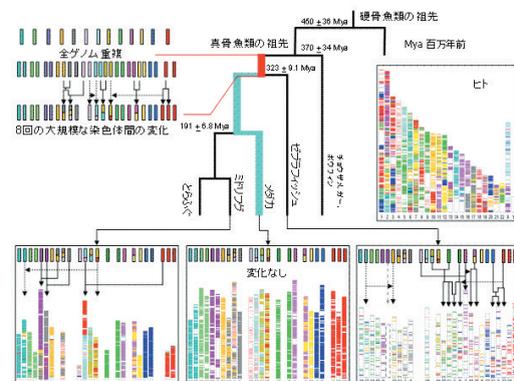


図2 魚類ゲノムの進化

【交付した科研費】

- 平成12-16年度 特定領域研究「生命システムの解明に向けた統合的ゲノム研究」
- 平成17-19年度 特定領域研究「生命のシステムの理解に向けたゲノム研究推進のための総合的基盤構築」