

Genetic Control of the Reproduction in Aquatic Animals of Important Aquaculture Resources

水産食資源動物の再生産機構に おける遺伝子レベルでの制御

プロジェクトリーダー 青 木 宙

東京水産大学

大学院水産学研究科 教授



1. 研究の目的

栽培漁業は今日の水産業において、水産動物の増産システムとして、21世紀に著しく有用な技術となることが予想されています。このシステムは、種苗を生産し、それらを養殖あるいは放流して水域を平面的、立体的に活用しようとする点に特性があります。しかし、本システムを確立するためには、耐病性あるいは環境適応性に優れた形質を有する種苗を安定的に量産する技術を開発し、同時に種苗の自然界への放流に際して、環境生態系を保全する技術が伴わなければなりません。そこで、これら諸技術を確立するために、この生産システムにおいて特に問題となる飼育魚の減耗の抑止を目的として、魚類の耐病性あるいは環境適応関連遺伝子の構造および機能を明らかにし、これら遺伝子を人為的に発現制御できるトランスジェニック魚を開発します。さらに、人為作出魚の自然界への放流を考慮した遺伝標識および集団解析技法の開発を行い、生産効率の高い新型食資源の開発を行います。



2. 研究の内容

私たちのプロジェクトでは栽培漁業を通して世界的に動物タンパク質の安定供給を目指し、その生産過程に起こる減耗を少なくするため、病気に強く、さらに、苛酷な環境に適応できる魚類の創成を追求しております。さらに、これら優れた形質を有する種苗を自然界に放流する際に環境生態系を保全する研究を行っております。

(1) 耐病性、環境適応性魚作出の基礎的研究

主要養殖魚の各臓器で発現している遺伝子をクローン化し、Expressed Sequence Tag (EST) 解析により、有用な形質を持った遺伝子を解析すると共に、生体防御関連遺伝子について、その構造および発現制御に関する遺伝子の解析を行っています。特に、ヒラメを用いて肝臓、脾臓および白血球で発現している遺伝子の解析を行い、約2,000の発現している遺伝子を現在クローン化しています。これらクローン化された遺伝子の中には生体防御あるいは免疫関連遺伝子(補体、リゾチーム、トランスフェリン、トランスフェリン受容体、インターフェロン調節因子、Mx プロテイン、インターロイキン(IL)-8レセプター、腫瘍壊死因子(TNF- α)、腫瘍壊死因子レセプター、トランスフォーミング増殖因子(TGF)- β 、T細胞レセプター α および δ 、CD3、CD8、主要組織適合抗原、IgM、IgD、免疫グロブリン軽鎖 κ および補体等)が含まれております。現在、これら遺伝子の全塩基配列を決定し、その遺伝子構造および遺伝子発現機構を明らかにしています。さらに、これら遺伝子を用いて耐病性魚(トランスジェニック魚)を作出する基礎実験を行っています。

魚類は発生、成長、成熟等の生理が環境水温によって強く影響されるため、低水温および高水温に適応・純化する細胞内機構が発達していることが推定されています。そこで、魚類の環境適応関連遺伝子、特に、ストレス遺伝子群の発現特性およびストレス耐性への関与を明らかにしつつあります。また、魚類細胞は哺乳類細胞に比較して浸透圧耐性が高く、コイの上皮由来細胞では高・低いずれの浸透圧にも高い耐性を示しました。これら細胞より6種類の低浸透圧誘導タンパク質と3種類高浸透圧誘導タンパク質が認められ、特に、後者の内2種類はHeat shock protein 70ファミリーに属するタンパク質であることを明らかにしました。ストレス応答性MAPキナーゼcDNAを2種類クローニングし、現在、ストレス応答性の情報伝達機構を明らかにしつつあります。

(2) 水産資源の遺伝的保全と維持

栽培漁業では魚類の種苗を大量に人工生産します。さらに、養殖漁業では遺伝的改良のための種々の育種の処理を行います。しかし、魚類は、1尾の親が産む子供の数が著しく多く、且つ、それらが水中生活者であるため、個体レベルの記録をとることが大変困難です。このため、水産の研究分野では遺伝マーカーによる個体や集団の識別法の開発が大切な課題となっています。

図1はマダイの遺伝育種研究のために開発した、DNAのマイクロサテライト領域多型マーカーです。この図では、マダイの人工種苗および種苗生産用親魚の遺伝的多様性の保持レベルを比較しています。このような、魚類の遺伝・育種に関する調査研究は、放流に使用する人工種苗集団や養殖で利用する改良種苗集団を遺伝的に健全な姿で維持・管理して行くための基本情報を提供するものとして、その重要性が広く認められており、高感度マーカーの開発研究とその応用に関する研究の今後の進展が望まれています。

また、ポジショナルクローニング法による魚類のゲノム解析を、カナダ、オンタリオ州で飼育されている春産卵群と秋産卵群のニジマスに交配家系を対象に行い、54個のマイクロサテライトマーカーを用い、リンケージ解析によりニジマスの産卵時期に関連する量的形質遺伝子座(QTL)を見付けています。

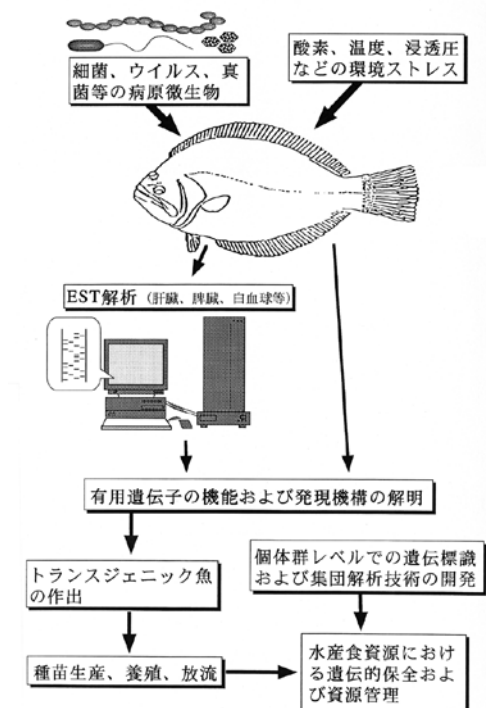
次いで、本プロジェクトでは種苗放流を継続的に行うことによって一方的遺伝子流動が生じることを懸念し、数理モデルによる解析を行い、水産資源の遺伝的保全、維持のためには天然集団と遺伝的組成に差異のない種苗の特性を明らかにしつつあります。

3. 研究体制等

期 間：1997年8月～2002年3月

構 成：プロジェクトリーダー1名、耐病性魚作出の基礎的研究(3名)、環境適応関連遺伝子の解析(2名)、魚類遺伝子の発現制御機構の解明(1名)、水産資源の遺伝的保全と維持(4名)計11名

実施場所：東京水産大学、三重大学、京都大学、近畿大学、高知大学、宮崎大学



クローンヒラメ

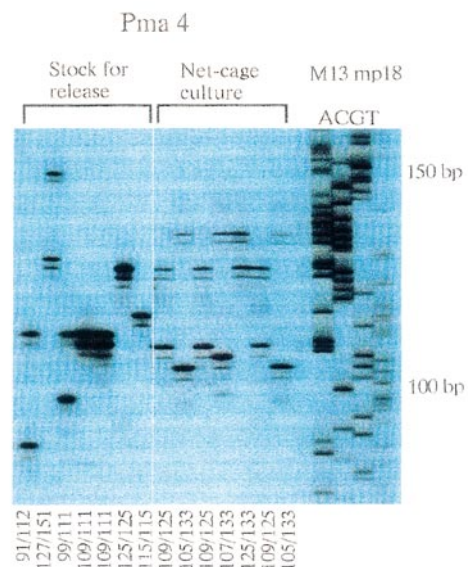


図1 マダイDNAのマイクロサテライトPma4領域多型。左：放流用マダイ種苗7個体、中：養殖用改良種苗7個体、右：ACGTサイズマーカー。下欄外は遺伝子型を示している。