



令和3年8月27日

Press Release



子持ちアユの生産がより正確に ～アユ全ゲノム解析と性決定遺伝子の発見～

1. 発表者

- 中本 正俊 (研究当時：東京海洋大学 博士研究員、現：(株) マルハ・ニチロ)
内野 翼 (研究当時：東京海洋大学 博士研究員、現：(国研) 水産研究・教育機構)
興水江里子 (研究当時：東京海洋大学 博士研究員、現：横浜市立大学)
口石 雄大 (東京海洋大学 海洋生命科学部 4年生)
関口 亮太 (研究当時：東京海洋大学 大学院海洋科学技術研究科
博士前期課程 海洋生命資源科学専攻 2年生、現：千葉県)
王 柳 (東京海洋大学 大学院海洋科学技術研究科
博士後期課程 応用生命科学専攻 2年)
須藤 竜介 (研究当時：東京海洋大学 博士研究員、現：(国研) 水産研究・教育機構)
遠藤 雅人 (東京海洋大学 学術研究院 海洋生物資源学部門 准教授)
Yann Guiguen (フランス国立農業・食糧・環境研究所 教授)
Manfred Schartl (ヴェルツブルク大学 教授、テキサス州立大学 教授)
John H. Postlethwait (オレゴン大学 教授)
坂本 崇 (東京海洋大学 学術研究院 海洋生物資源学部門 教授)

2. 発表ポイント

- ◆夏の代表的な川魚であるアユの遺伝情報である全ゲノムを解読し、その特徴を明らかにした。
- ◆アユの性決定遺伝子がY染色体特異的抗ミューラー管ホルモン型受容体であることを明らかにした。
- ◆アユにおいて初めてゲノム編集 (CRISPR/Cas9 法) による遺伝子機能解析に成功した。
- ◆アユの遺伝的な雌雄判別が正確に実施可能になった。

3. 発表内容

アユは夏の代表的な川魚であり、多くの河川で友釣りなどが楽しまれている。アユは遊漁用の種苗放流や養殖など、内水面漁業において重要な魚種の一つである。養殖業においては、人気のある子持ち鮎を効率的に作出するために全雌生産 (注1) が行われており、その際に遺伝的な性を判別する技術のニーズがある。

アユはXX-XY型の性決定様式を持ち、雄のY染色体上に存在する性決定遺伝子によって性が決まると考えられる。またアユの属するキュウリウオ目は進化の過程でサケマス類の共通祖先と約1億9千万年前に分岐したと考えられている。さらにキュウリウオ目はメダカやマグロなど多くの魚類が属する真骨魚類の共通祖先と約1億8千万年前に分岐したと考えられている。したがってアユの全ゲノムを調べることで魚類のゲノム進化の過程を知ることができると考えられる。

本研究ではまずアユの全ゲノムを解読し、他の魚類との比較からその特徴を明らかにした。硬骨魚類の祖先の染色体から融合や分裂を経て、現在のアユの染色体にいたる進化の痕跡を探索した。

アユゲノムはおよそ4億5千万塩基対とメダカ（8億塩基対）などと比べると小さく、アユではゲノムの縮小化がおこったことが明らかになった。また天然魚を用いた遺伝解析（ゲノムワイド相関解析）により雄特異的なゲノム領域を明らかにした（図1）。さらに、その領域に存在する候補遺伝子の発現解析などにより候補遺伝子を絞り込むとともに、ゲノム編集（CRISPR/Cas9法）による遺伝子機能解析を実施した。その結果、Y染色体特異的抗ミュラー管ホルモン型受容体遺伝子がゲノム編集された遺伝的雄個体では、精巣ではなく卵巣が形成され、この遺伝子がアユの性決定遺伝子であることが明らかになった（図2）。これにより、アユの遺伝的性判別が正確に実施可能になった（図3）。

4. 研究助成

本研究は、JSPS 科研費 16K14972、20H00431、18K05816 および JST/JICA SATREPS プロジェクトの交付を受けて実施しました。

5. 発表論文：

雑誌：*PLOS Genetics*

タイトル：A Y-linked anti-Müllerian hormone type-II receptor is the sex-determining gene in ayu, *Plecoglossus altivelis*

著者：Masatoshi Nakamoto, Tsubasa Uchino, Eriko Koshimizu, Yudai Kuchiishi, Ryota Sekiguchi, Liu Wang, Ryusuke Sudo, Masato Endo, Yann Guiguen, Manfred Schartl, John H. Postlethwait, Takashi Sakamoto

DOI 番号：10.1371/journal.pgen.1009705

論文 URL：<https://journals.plos.org/plosgenetics/article?id=10.1371/journal.pgen.1009705>

6. 注意事項：

日本時間 8月27日（金）午前3時（アメリカ合衆国 東部時間：8月26日（木）午後2時）以前の公表は禁じられています。

7. 問い合わせ先

東京海洋大学 学術研究院 海洋生物資源学部門
教授 坂本 崇（さかもと たかし）

Tel：03-5463-0450

E-mail：takashis@kaiyodai.ac.jp

7. 参考図

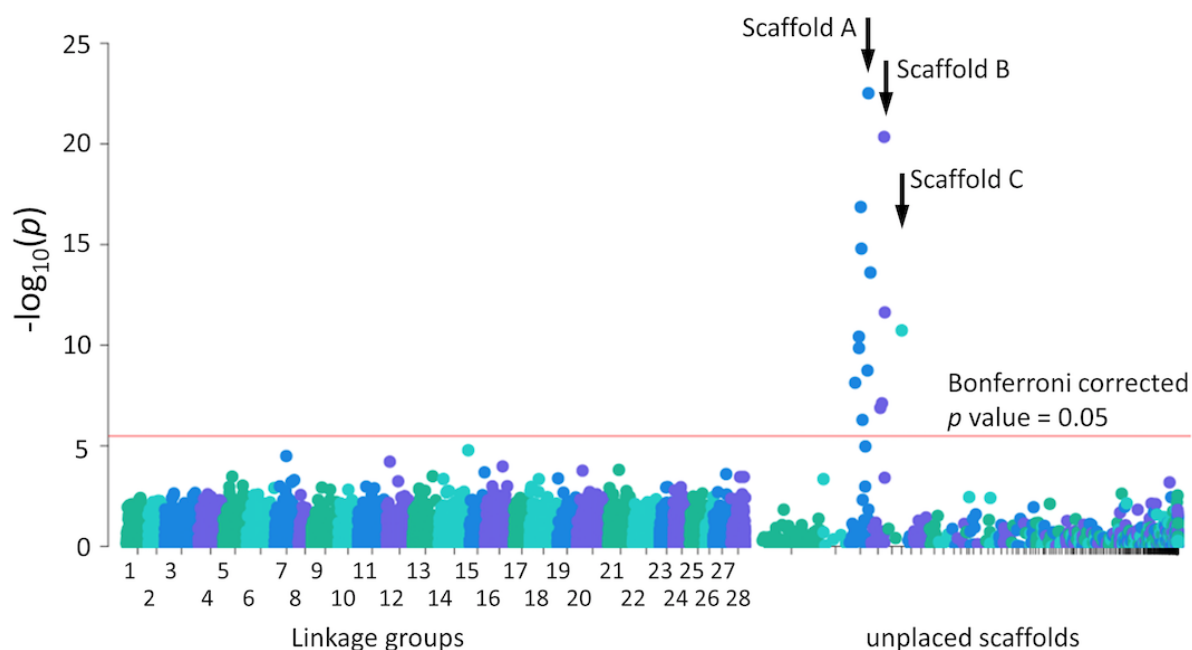


図1：性に関するゲノムワイド関連解析

アユ天然魚 67 尾（雄 34 尾、雌 33 尾）から全ゲノムリシーケンス法（注 2）などにより取得された一塩基多型を用いてゲノムワイド相関解析（注 3）を実施した。その結果、ゲノムワイドで有意な一塩基多型 15 個が 3 本のスキヤフォールド（注 4）において同定された。オレンジ色のライン（閾値）よりも上にあるドットが有意な一塩基多型を示す。（遺伝子予測ソフトウェアによる解析の結果、この Y 染色体の特異的領域には 23 個の予測遺伝子が位置することが明らかになった。）

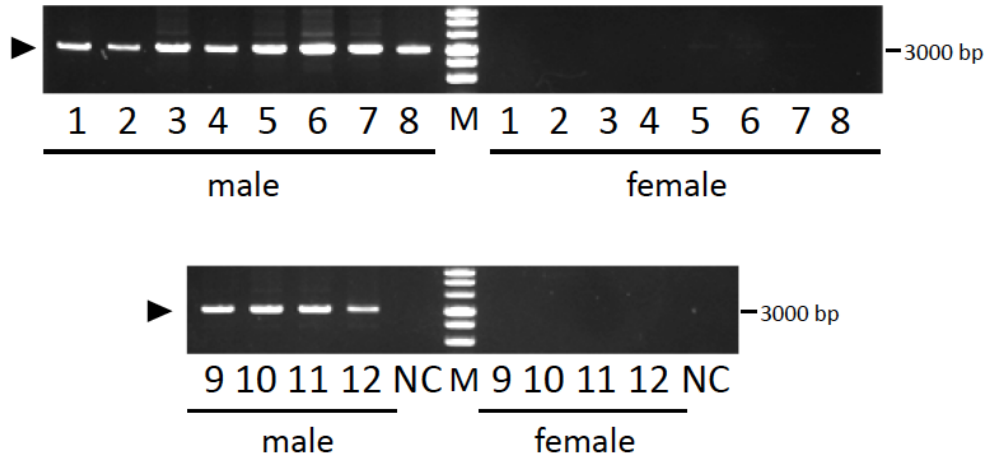


図 3：アユの遺伝的性判別実験

Y染色体特異的抗ミューラー管ホルモン型受容体遺伝子の配列を対象として、雌雄各12尾のアユゲノムDNAを用いてPCR法により増幅後、アガロースゲル電気泳動による解析の結果、雄個体のみDNA断片が確認された。これにより、アユにおいて遺伝的な性判別が正確に実施可能になった。

8. 注釈

(注1) 全雌生産

遺伝的な雌個体を稚魚期のホルモン処理により偽雄化し、その偽雄と通常雌を交配すると全ての次世代が雌になり、全雌生産ができる。偽雄と通常雄には外見による違いはなく、偽雄を飼育している水槽に誤って通常雄が混じっても気づかず、全雌生産後の次世代に雄個体が混じりトラブルが生じることがある。そのため、全雌生産時に使用する偽雄親の個体検査が重要となる。

(注2) 全ゲノムリシーケンス法

解析個体のゲノムDNAを用いて次世代シーケンサーで解析し、得られたDNA塩基情報をアユ全ゲノム参照配列（今回解読）と比較することで、一塩基多型を検出する方法。

(注3) ゲノムワイド相関解析

解析個体で取得された一塩基多型と雌雄との関連性を全ゲノム領域を対象として解析する方法で、統計的有意差（閾値）を超えた一塩基多型が雌雄と関連性があると言える。

(注4) スキャフォールド

次世代シーケンサーによって取得された比較的短い塩基配列情報が連結されたコンティグをさらに連結した塩基配列情報。