養殖魚を対象としたゲノミクス研究とその応用

養殖魚の品種改良

養殖魚の様々な経済形質に関連するDNA多型をゲノムワイド解析により特定し、養殖魚へ応用するための研究をしています。これまでに、高成長系統、耐病性系統、全雌生産などを実用化しています。

日本大学
生物資源科学部
海洋生物学科

准教授
澤山英太郎

マダイやヒラメの養殖生産において、種苗の品質を遺伝的に改良する“育種”の重要性が認識されています。しかし、表現型のみを指標とした育種は時間がかかるため、我々はゲノミクス的手法を用いた育種技術を開発し、育種に要する時間やコストを削減するための研究を進めています。
良い子供を産んでいる親を特定し、どの染色体に有用な遺伝子が存在するのか、そしてその形質を支配する遺伝子は何なのか。遺伝子から食卓に繋がる研究を展開しています。

ポイント

- 養殖魚の染色体情報から一塩基多型（SNPs）を探索する
- 有用形質とSNPsを結びつける
  - ➡ 病気に強く成長の早い養殖系統を開発

こんな研究や開発ニーズに

- 特定の病気に強い系統を作りたい
- 成長の良い系統を作りたい
- 遺伝的な理由で生じる奇形を減らしたい
- 養殖魚の系統管理を遺伝情報を使って行いたい

自主創造 日本大学 NIHON UNIVERSITY

日本大学産官学連携知財センター（NUBIC）
E-mail: nubic@nihon-u.ac.jp　https://www.nubic.jp

養殖魚を対象としたゲノミクス研究とその応用

日本大学生物資源科学部 海洋生物学科 准教授 澤山英太郎

概要

日本大学ではゲノム情報を活用することでマダイやヒラメといった養殖魚の品種改良に取り組んでいます。これまでに上記魚類の染色体レベルでのリファレンスゲノム配列を構築し、ウイルス病や細菌病に強いマダイの開発や、ヒラメの全雌生産に取り組んでいます。

研究背景・目的

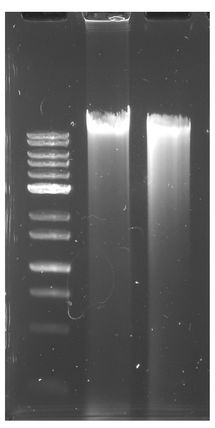
品種改良は有用な特徴（形質）を持った個体を次世代の親にすることで、その形質を支配する遺伝子の頻度を集団中に高めていくことです。この“形質を支配する遺伝子の頻度”を効率良く高めることができれば、品種改良を効率よく進めていくことができます。

そこで、日本大学では養殖魚のゲノム解析を通じて品種改良の効率化を図る技術を開発し、実際の養殖現場へ役立てる研究を進めています。

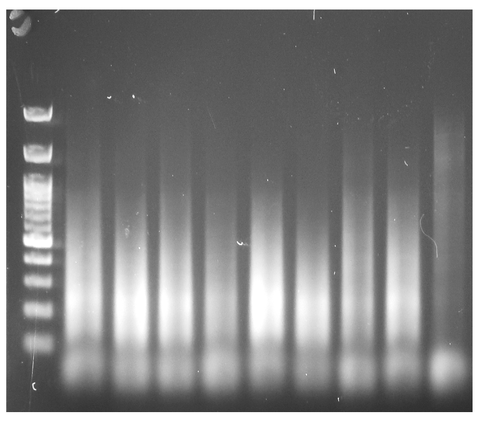
原理・方法

まず、ターゲットとする形質を持つ個体と持たない個体をサンプリングしを鰭や体表粘液からゲノムDNAをサンプリングします。サンプリングしたDNAは制限酵素やランダムプライマーを使いPCRによる増幅を行い、塩基配列を次世代シークエンサーで解読します。得られた塩基配列（ACGT）は各種データ処理の後、信頼性の高い塩基配列を抽出し、表現型と関連する塩基配列や遺伝子を探索します。

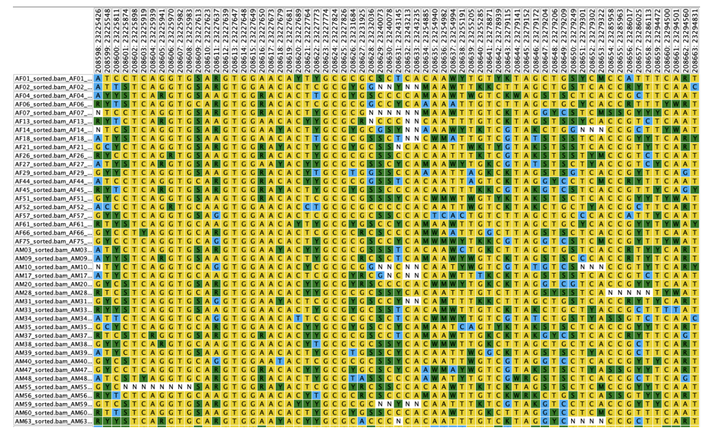
養殖魚からのDNAサンプリング



ゲノムDNAのランダムPCR増幅



次世代シークエンス

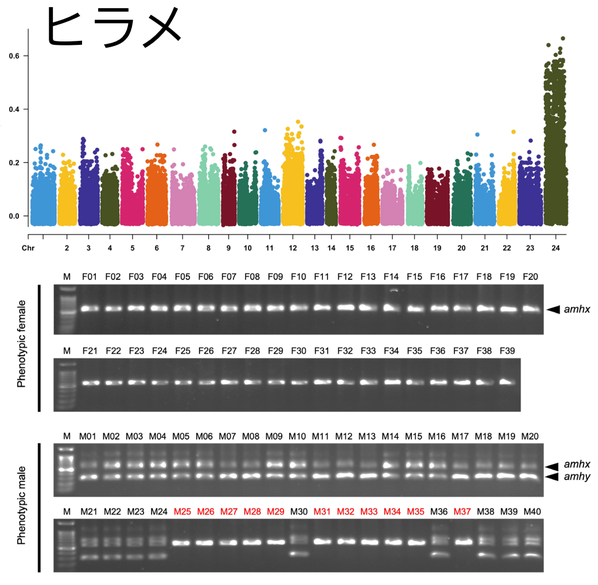


膨大な塩基配列情報の取得

これまでの実績（代表例）

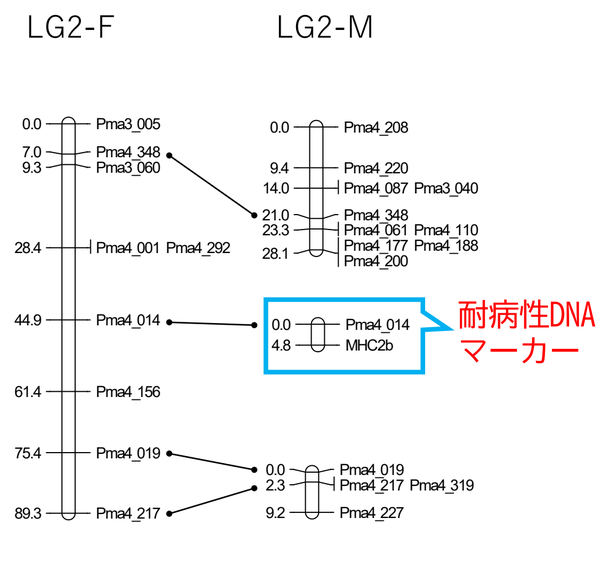
性判別DNAマーカーの開発

雌雄で経済的価値が異なる魚について、遺伝的雌雄を判別できるDNAマーカーを開発し、産業応用を進めています。ヒラメは全雌生産に利用されています。



耐病性DNAマーカーの開発

ウイルス病や細菌病などの各種病気への強さを判別できるDNAマーカーを開発し、産業応用を進めています。一部の研究は既に実用化され、ウイルス耐性種苗が市販されています。



まとめ・応用分野・用途

民間養殖会社での実務経験と多種多様な養殖魚を用いたゲノム解析研究の経験があります。個々の企業の生産体制や実情にあった育種アドバイスの提供や、共同研究などが可能です。

過去の社会実装実績

- マダイの成長選抜育種
- マダイのウイルス耐性系統の開発
- ヒラメの遺伝的性判別マーカーと全雌生産

提供可能な技術

各種ジェノタイピング手法（マイクロサテライトDNA解析、ミトゲノム解析、ddRAD-seq、MIG-seqなど）、それに付帯するデータ解析（QTL解析、GWASなど）、上記データを元にした選抜育種のアドバイス

自主創造 日本大学 NIHON UNIVERSITY

日本大学産官学連携知財センター（NUBIC）

E-mail: nubic@nihon-u.ac.jp　https://www.nubic.jp