

クロマグロの性決定遺伝子候補を発見

水産資源研究所 水産資源研究センター 生命情報解析部 ゲノム情報解析グループ

研究の背景・目的

1. 水産分野における重要大型魚類であるまぐろ類に関して、近年その集団構造や生理生態を解明するための研究が進んでいます。しかし、実証のための飼育実験の困難さゆえに、表現型（生物の観察可能な特徴や性質）と関連した遺伝子研究は十分に進んでいません。とりわけ、まぐろ類の性別がどのような遺伝子で決まっているのかはこれまで謎でした。
2. まぐろ類の資源量推定において雌雄比を知ることは重要なカギの一つです。たとえば、雌雄間での成長速度の差異などを資源量推定モデルに組み込むことができます。しかし、まぐろ類の性別は外見からは判別がつかず、通常は手間のかかる解剖学的所見に頼る必要があります。まぐろ類の性別を決定している遺伝子が発見できれば、その DNA 配列の差異を検出することで非破壊的かつ迅速に性別を判別することができます。
3. そこで本研究では、近年蓄積してきたまぐろ類のゲノム・遺伝子情報を活用し、まぐろ類の性決定機構をオーミクス解析（生物体内での遺伝子や物質間相互作用を網羅的に観測する手法）と細胞生物学・分子生物学実験を組み合わせることを試みました。

研究成果

1. 資源量増加のための取組が行われている代表的な種の一つであるタイヘイヨウクロマグロ（以下「クロマグロ」）を研究の対象として、その雄ゲノム配列と雌ゲノム配列を詳細に比較したところ、エストロゲン硫酸転移酵素のアミノ酸配列を指定する遺伝子の一つ（*sult1st6y* と命名）がクロマグロの雄にのみ存在しており、遺伝的にも雄親から雄の子どもだけに受け継がれていることを発見しました（図1）。これと同時に、クロマグロは雌雄共通のエストロゲン硫酸転移酵素遺伝子（*sult1st6a* と命名）を持つこともわかりました。つまり雄はこの遺伝子を2つ（*sult1st6y* と *sult1st6a*）、雌は1つ（*sult1st6a*）持っていることになります（図1）。*sult1st6y* 遺伝子を持つ個体が雄であり、持たない個体は雌であるという違いが明らかとなりました。このことは *sult1st6y* がクロマグロの性決定遺伝子の最有力候補であることを示しています。

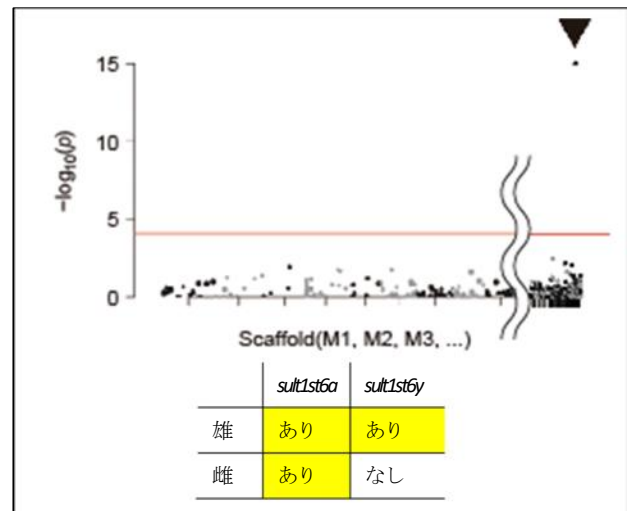


図1. (上)クロマグロゲノム配列のスキャン結果。横軸はゲノムの各領域を表し、縦軸は雌雄間での存在の偏り具合を表す。赤線より上は統計的に有意な偏りを表し、▼で示される雄特異的領域に *sult1st6y* が含まれていた。(下)クロマグロ雌雄間でのエストロゲン硫酸転移酵素遺伝子の有無。

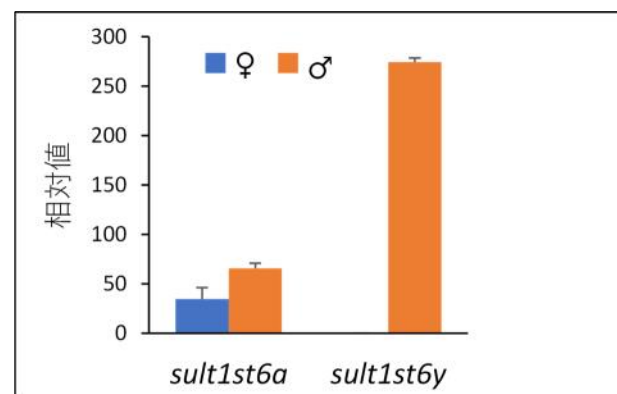


図2. クロマグロ生殖腺のRNA-Seq解析結果。縦軸は各遺伝子の相対発現量を表す。

2. *sult1st6y* が本当にクロマグロの体の中で性決定に働いているかを確認する必要があります。そこで、DNAからタンパク質への翻訳（遺伝子発現）が起きているかを間接的に測定する手法であるRT-PCRとRNA-Seq解析を行った結果、*sult1st6y* はクロマグロの雄の生殖腺で特異的に高発現していることを発見しました（図2）。この結果も *sult1st6y* がクロマグロの性決定遺伝子である可能性を支持するものです。つまり、

雄の生殖腺において *sult1st6y* から作られる硫酸転移酵素が、雌性ホルモンであるエストロゲンの機能を低下させることで雌化を抑制し、雄化を誘導している可能性が考えられます。

3. これらと並行して、国際塩基配列データベースから、まぐろ類等の魚およそ 50 種が属するサバ科魚類のゲノム配列情報を網羅的に検索し、*sult1st6y* と *sult1st6a* 及びそれらの遺伝子近傍領域を収集しました。この情報に基づいて、キハダ、メバチ等 9 種のサバ科魚類において *sult1st6y* 及び *sult1st6a* に相当する領域の塩基配列を部分的に決定し、PCR により遺伝子断片を増幅して調べたところ、メバチにおいても *sult1st6y* が雄のみに存在している可能性が示唆されました(図3)。



図3. メバチにおける *sult1st6y* の PCR 増幅の結果。バンドが観察されるメバチ雄にも、この遺伝子が存在する可能性が高い。

波及効果

sult1st6y 遺伝子の有無を調べることでクロマグロの雌雄を判別することが可能となりました。この *sult1st6y* を含む配列は、出願中の特許「クロマグロの遺伝的性別別に用いる雄特異的塩基配列」(特願 2021-092491) に活用されています。

本成果が記された論文

Nakamura *et al.* (2021) *Int. J. Genomics* **2021**: 7226353.

DOI: 10.1155/2021/7226353

本研究の一部は独立行政法人日本学術振興会 (JSPS) 科研費 21H02275 の助成を受けたものです。また、本研究は水産技術研究所養殖部門まぐろ養殖部と共同で実施しています。