

実績報告書

養殖サケマス身肉への色素蓄積制御に関する生物情報科学的研究

北海道大学大学院水産科学研究院 平松 尚志・東藤 孝
北海道大学北方生物圏フィールド科学センター 山羽 悦郎

外国産サーモンが輸入され、さらに全国的にご当地サーモン生産が乱立する中、競合相手よりも優位に立つためには、生産物の高品質・高付加価値化が必須である。本研究の目的は、生物情報科学的解析を用い、赤色色素アスタキサンチン (Ax) の代謝・蓄積機構に関する遺伝子情報を集積することであり、これを以て、将来的に良質な身肉生産に向けた餌料開発や育種などの技術開発の基盤を築くことである。そこで本研究ではニジマスモデル魚とし、関連遺伝子候補の発現解析および他の候補遺伝子の網羅的探索を目的とした以下の実験を実施した。

初めに、ニジマスゲノムのデータベースを用い、カロテノイド代謝に関わることが示唆される β カロテンオキシゲナーゼ (*bco*) 遺伝子群を探索し 5 種類に分類した (*bco1*, *bco11*, *bco2a*, *bco2b*, *bco2l*)。次にニジマス幼魚を Ax 添加餌料群 (Ax+群) と Ax 非添加餌料群 (Ax-群) に分け、1 か月間の給餌試験を行ったが、Ax+群の個体の身肉に顕著な呈色は見られなかった。また、幼魚である Ax+群の筋肉 Ax 量は出荷前の商用群個体に比べて 65 分の 1 程度と極めて少なく、試験に用いた幼魚個体は呈色能が低く商用群個体は高いと判断した。

上記 4 種の *bco* 遺伝子のうち、サケマス類の身色との関連性が示唆されている *bco11* の cDNA クローニングを行った。得られた cDNA を標準品として用いた qPCR により、上記給餌試験試料および商用群試料の腸 *bco11* 発現量を測定した結果、Ax+群は Ax-群に比べて有意に高値を示した。また、商用群は Ax+群に比べて低値を示す傾向が見られた。これらより、筋肉の呈色能を有しない体サイズの小さい個体では、Ax 給餌に対して *bco11* 発現が上昇し Ax 代謝が高まるが、そのような Ax 給餌応答性は体成長と共に失われる可能性が考えられた。

Ax+群および商用群の腸の Total RNA を試料とし、網羅的な RNA-seq 解析に供した結果、1 サンプルあたり平均 3200 万以上のリードが得られた。これらをリファレンスゲノムにマッピングし、遺伝子発現差 (DEG) 解析に供した。 $|\log_2FC| > 1$ かつ調整済み p 値 (p-adj) < 0.05 となった遺伝子を DEG として抽出すると、Ax+群をコントロールとして有意に上方制御された 519 の遺伝子、下方制御された 443 の遺伝子が得られたが、予想に反して 5 種の *bco* 遺伝子群はい

ずれも DEG として抽出されなかった。p-adj が小さい順に上位 20 遺伝子を選抜した結果、上方制御遺伝子群ではタンパク質コード遺伝子が 16 個、長鎖 noncoding 遺伝子が 1 個、機能不明遺伝子が 1 個、データベース上でヒットしなかった遺伝子が 2 個含まれていた。下方制御遺伝子群では、タンパク質コード遺伝子が 18 個、機能不明遺伝子が 1 個、データベース上でヒットしなかった遺伝子が 1 個含まれていた。選抜した上方、および下方制御遺伝子群において、カロテノイド代謝に関連する可能性のある遺伝子は、アポリポタンパク質 A-I やリポタンパク質リパーゼが含まれていた。Ax 代謝と脂質代謝には共通因子が多いことから、今回選抜された 2 つの脂質代謝関連因子の身色呈色への関与が示唆された。

以上、本研究の成果は、サケマス類のカロテノイド代謝機構に関連する候補遺伝子や発現性状について網羅的な情報を提供した。また、主要候補遺伝子の *bco11* についても、その機能解析に繋がる知見やツールを提供した。これらの成果は、サケマス類のカロテノイド代謝機構の複雑な制御機構を紐解く端緒となるものであり、将来的に人為的色揚げ技術向上の一助となり、多くの消費者が望む嗜好性・健康機能性に優れた養殖サーモン生産に繋がることが期待される。このようなサーモン生産が可能となることにより、サケマス養殖の後発地である函館・道南地域において、先行する競合相手よりも優位に立つことができると考える。また、高品質・高機能なサーモン養殖の実現は、特に生産者・加工業者・観光業者などが揃う函館市においては、裾野の広い新たな雇用創生に繋がると考えられ、その波及効果は大きいと期待される。