

## 科学研究費助成事業 研究成果報告書

平成 27 年 6 月 4 日現在

機関番号：12601

研究種目：基盤研究(B)

研究期間：2012～2014

課題番号：24380102

研究課題名(和文)トラフグ性決定遺伝子の遺伝学的同定とその応用

研究課題名(英文)The sex-determining gene in tiger pufferfish (fugu)

## 研究代表者

菊池 潔 (Kikuchi, Kiyoshi)

東京大学・農学生命科学研究科・准教授

研究者番号：20292790

交付決定額(研究期間全体)：(直接経費) 11,800,000円

研究成果の概要(和文)：家畜などの経済動物の性統御には性決定遺伝子の情報が利用されている。水産分野においても性統御は重要なテーマであるが、性決定遺伝子が同定された例は研究開始時にはなかった。本研究では重要水産生物であるトラフグを材料として、性決定遺伝子の探索をおこなった。その結果、Amhr2遺伝子上にある一塩基多型がトラフグの性を決定していることを見出した。次に、この情報を利用して、迅速な性判別法を開発した。さらに、マーカーアシスト選抜により、トラフグの全雄作製に成功した。

研究成果の概要(英文)：Sex determination in fish is often genetic, where segregation of sex-determining (SD) locus assigns the phenotypic sex. In these species, SD genes can be used for sex identification, potentially providing important information regarding the ecology and conservation of many wild species, as well as management of cultured species. However, no SD gene had been identified in aquaculture species at the time when this project started. We investigated fugu (Tiger pufferfish) that is one of the most important aquaculture fish in Japan. We provide a line of evidences showing that a SNP in the Amhr2 gene determines phenotypic sex in fugu. In addition, for high-throughput sex identification of fugu, we developed an efficient assay for this SNP site. Moreover, we successfully produced all-male population of fugu through marker-assisted selection.

研究分野：魚類遺伝学

キーワード：性決定 生殖 遺伝 遺伝的多様性

## 1. 研究開始当初の背景

家畜などの経済動物の性統御には性決定遺伝子が活用されている。水産分野においても性統御は重要なテーマであるが、性決定遺伝子が同定された例はない。本研究では、トラフグを材料として、水産分野で初となる性決定遺伝子同定をおこなう。基礎研究としても応用研究としても意義深い成果が得られるはずである。

## 2. 研究の目的

### (1) 性決定遺伝子の遺伝学的探索

性決定遺伝子のゲノム上の位置を絞り込むため、大規模な解析家系を作出して、詳細な連鎖マッピングをおこなう。次に、野生個体を材料とした連鎖不平衡マッピングにより、性決定領域をさらに絞り込む。

### (2) 性決定遺伝子の発現解析

性決定遺伝子候補の発現部位とその経時的变化を明らかとする。

### (3) 性決定遺伝子の機能解析

性決定遺伝子のタンパク質レベルの機能と個体レベルの機能を明らかとする。

### (4) 性決定遺伝子の応用法開発

トラフグの精巢は食品価値が高いものの効果的な雌雄判別法はなかった。そこで、迅速で安価な性判別法の開発をおこなう。さらに、全雄作出法を確立する。

## 3. 研究の方法

### (1) 性決定遺伝子の遺伝学的探索

詳細な連鎖マッピングをおこなうため、まず、大規模な解析家系を作出する。次に性染色体上に密に配置した多型マーカー座を準備し、最後に解析家系の遺伝子型と表現型を調べる。別途、連鎖不平衡マッピングをおこなうため、多数の野生トラフグ個体を採取し、その表現型を調べる。これらの個体から性決定領域の遺伝子型情報を取得し、各個体の表現型との関連を解析する。

### (2) 性決定遺伝子の発現解析

性決定遺伝子候補の発現パターンを解析するため、生殖腺形態が雌雄分化を示す前後の個体を採取し、RT-PCR 法および In situ hybridization 法で発現変動を調べる。

### (3) 性決定遺伝子の機能解析

P19 細胞に AMHR2 を発現させた後、AMH を添加し、リガンド・受容体コンプレックスか

ら伝わる細胞内シグナルの活性化を測定する。別途、クローン化した *Amhr2* 遺伝子をトラフグ受精卵に顕微注入して、トランスジェニック家系を作出し、トランスジーンが「性の表現型」におよぼす影響を検討する。

### (4) 性決定遺伝子の応用法開発

迅速で安価という条件を満たすため、性判別法には高解像度融解曲線解析法の適用を検討する。別途、トラフグを雌性ホルモンで処理した後、性判別マーカーを利用して XY 型魚を選抜する。これらの中から XY 型雌を選抜し、通常の XY 型雄と交配する。得られた子供の中から、超雄 (YY 型) を選抜する。これを通常の雌と交配して、子供のすべてが雄であることを確認する。

## 4. 研究成果

### (1) 性決定遺伝子の遺伝学的探索

人工交配により合計 1445 尾の兄妹を得た。これらについて、性決定領域 (性決定遺伝子を含む領域から、性決定遺伝子が存在しないと切り切れる領域を除いた領域) の遺伝子型を得た後、「性の表現型」との連鎖を調べた。その結果、約 17.5kb の領域に性決定領域を絞り込めた。この領域には二つの遺伝子、*Znfx1* および *Amhr2* が存在していた。

性決定領域における多型座の網羅的リストを作成し、多個体の解析に適した 15 の SNP 座を選び出し、SNP 判定システムを構築した。別途、野生個体 105 尾を遠州灘・伊勢湾で採取した。「性の表現型」と各 SNP 座の遺伝子型との関連を調べた。その結果、*Amhr2* 上にある 1 個の SNP 座の遺伝子型のみが「性の表現型」と完全に対応することが明らかとなった。全ての雌はホモ接合 (C/C) を示し、全ての雄はヘテロ接合 (G/C) を示していた。C から G への塩基置換はアミノ酸置換 (H D) をもたらし、雄は雌が持たない Y 型の *Amhr2* タンパク質を持つことが判明した。

### (2) 性決定遺伝子の発現解析

形態的雌雄分化前後の生殖腺における *Amhr2* の発現を、XX 型個体と XY 型個体について調べた。その結果、*Amhr2* は生殖細胞を取り囲む体細胞で発現していることが分かった。雌雄未分化期の XX 型個体と XY 型個体間において、発現の明瞭な差は認められなかった。既報の性決定遺伝子は、雌雄間の発現差により片方の性に特異的な役割を果たしていたが、本遺伝子は雄特異的なアイソフォームが雄特異的対立遺伝子より発現するので、本遺伝子全体 (両対立遺伝子の産物) の発現差が雌

雄間でなくても、片方の性に特異的な役割を果たすことが可能であると考えられる。

### (3) 性決定遺伝子の機能解析

トラフグ *Amhr2* の X 型と Y 型の機能差を推定するため、ヒト AMHR2 のシグナル伝達能を測定する培養細胞系を利用した。まずトラフグの X 型と Y 型に相当するヒト組換え AMHR2 タンパク質を作製した。これらをコードする遺伝子を P19 細胞に導入した後、ヒト AMH を添加してシグナル伝達能を調べたところ、X 型の活性が Y 型の活性と比べて有意に低かった。この結果は、トラフグのメス (XX 型) における *Amh/Amhr2* シグナルの強さが、オス (XY 型) に比べて弱いということを示唆している。

Y 染色体上の *Amhr2* 遺伝子全長を含む領域をクローン化した。これをトラフグ受精卵に顕微注入して、生殖腺系列にトランスジーンを持つ F0 個体を同定した。この個体を父親とした 93 尾の兄妹群を作出したところ、トランスジーンを持つ XX 型個体はすべて精巣を持っていた。したがって、Y 染色体上の *Amhr2* 遺伝子は、生殖巣の運命を精巣化するのに十分な機能を持つことが明らかとなった。以上のすべての研究を総合して、トラフグの性決定遺伝子は *Amhr2* であると結論した。トラフグの X 染色体と Y 染色体の間に見られる差はたったの一塩基であり、この一塩基差により生まれる *Amhr2* タンパク質のシグナル伝達能の差が、精巣運命と卵巣運命の分岐をもたらすと考えられる。この性染色体の性質 (状況) は、哺乳類のそれとは全く異なる。真獣類の Y 染色体は「退化」が著しく進んだ染色体で、X 染色体が持つ遺伝子のほとんどを失っている。性染色体間の塩基配列差という観点から見ると、トラフグは退化が進んでいない、きわめて若い性染色体を持つ生物であると言えるだろう。

### (4) 性決定遺伝子の応用法開発

コントロールとなる XX 型個体と XY 型個体の DNA 試料を得るため、野外から採取した雌雄 2 尾ずつのトラフグを材料として、*Amhr2* の DNA 配列を決定した。その結果、予想どおり、雄個体のみが exon9 上に G/C の SNP を持っていた。この SNP 座を挟みこむように PCR 増幅を行い、高解像度融解曲線解析法に付した。その結果、雄個体と雌個体を明瞭に区別できる曲線が得られた。雄特異的な SNP により生じる heteroduplex は、homoduplex と比較して DNA 二重鎖の解離温度が低いので、低温側にシフトした融解曲線のピークが雄特異的に現れたと考えられる。次に、大量個体

の一括判定が可能か調べたところ、96 または 384 個体の解析が同時に可能であった。さらに、二つの遺伝的に独立な家系から得た 396 個体の判別を行ったところ、「性の遺伝子型」と「性の表現型」は完全に一致した。野生個体の性判別も可能であったことから、本法の実用性はきわめて高いと考えられる。一方で予想外なことに、飼育履歴が不明な一家系 293 尾を業者から得て調べたところ、25% の個体で「性の遺伝子型」と「性の表現型」の不一致が認められた。これら不一致個体はすべて XX 型個体で、精巣または卵精巣を持っていた。一方、残り 75% の個体の性は *Amhr2* を含む性決定領域に厳密に支配されていたことから、本家系の場合、未知の環境または遺伝要因により本来雌になるはずの個体が雄になってしまったと解釈した。「深層海水を用いたトラフグの低水温飼育により、雄個体の割合が著しく増える」という過去の報告を考慮すると、環境要因による性転換の可能性が高いと考えられる。トラフグは、遺伝子による性決定機構と環境による性決定機構をあわせ持つ魚のようである。以上、本法により生きた個体の性が迅速に判別可能となるので、稚魚の雌雄別養殖や親魚管理の効率化が進むと考えられる。また、放流の際に誤って大量の性転換魚を自然界にはなってしまうことを防ぐことにも役立つかもしれない。

YY 型雄個体が作出できれば、その子供がすべて雄 (XY 型) となる交配が可能となる。YY 型作出の全段階として XY 型雌を選抜した。すなわち、女性ホルモンを餌と混合した後、稚魚に与えて飼育した。性判別マーカーを利用して XY 型個体を選抜し、排精個体の除去により卵巣を持つ個体を得た。この XY 型雌を通常のオス (XY 型) と交配した後、性判別マーカーを利用して YY 型オスを選抜することに成功した。YY 型の子供がすべて雄であるか否かを確かめるため、YY 型雄を通常の雌 (XX 型) と掛け合わせ、得られた子供 80 尾の生殖腺を調べた。その結果、すべての個体が精巣を持っていることが分かった。以上より、トラフグの全オス生産が成功したと結論づけた。本法により、全雄集団を用いた高付加価値型養殖が実現化される。

### 5. 主な発表論文等

〔雑誌論文〕(計 21 件)

Kamiya T, Kai W, Tasumi S, Oka A, Matsunaga T, Mizuno N, Fujita M, Suetake H, Suzuki S, Hosoya S, Tohari S, Brenner S, Miyadai T, Venkatesh B, Suzuki Y, Kikuchi K. A trans-species missense SNP in *Amhr2* is associated with sex determination in the tiger pufferfish,

Takifugu rubripes (fugu). PLOS Genet. 査読有, 8, 2012, e1002798  
DOI: 10.1371/journal.pgen.1002798.

Kawabe M, Suetake H, Kikuchi K, Suzuki Y. Early T-cell and thymus development in Japanese eel *Anguilla japonica*. Fish. Sci. 査読有, 78, 2012, 539-547.  
DOI: 10.1007/s12562-012-0479-3

Hosoya S, Kai K, Fujita M, Miyaki K, Suetake H, Suzuki Y, Kikuchi K. The genetic architecture of growth rate in juvenile Takifugu species. Evolution 査読有, 67, 2013, 590-598  
DOI: 10.1111/j.1558-5646.2012.01781.x.

Hosoya S, Kido S, Hirabayashi Y, Kai W, Kinami R, Yoshinaga T, Ogawa K, Suetake H, Kikuchi K, Suzuki Y. Genomic regions of pufferfishes responsible for host specificity of a monogenean parasite *Heterobothrium okamotoi*. Int. J. Parasitol. 査読有, 43, 2013, 909-915  
DOI: 10.1016/j.ijpara.2013.06.006.

Kikuchi K, Hamaguchi S. Novel sex-determining genes in fish and sex chromosome evolution. Dev. Dyn. 査読有, 242, 2013, 339-353  
DOI: 10.1002/dvdy.23927.

Kuroyanagi M, Katayama T, Imai T, Yamamoto Y, Chisada S, Yoshiura Y, Ushijima T, Matsushita T, Fujita M, Nozawa A, Suzuki Y, Kikuchi K, Okamoto H. New approach for fish breeding by chemical mutagenesis: establishment of TILLING method in fugu (*Takifugu rubripes*) with ENU mutagenesis. BMC Genomics 査読有, 14, 2013, 786  
DOI: 10.1186/1471-2164-14-786

Katamachi D, Ikeda M, Sato T, Suzuki S, Kikuchi K, Ojima D. Development of a multiplex PCR assay for population genetic analysis of the tiger puffer *Takifugu rubripes* using 16 microsatellite DNA loci. Aquaculture Sci. 査読有, 62, 2014, 55-63  
DOI: [http://doi.org/10.11233/aquaculture\\_sci.62.55](http://doi.org/10.11233/aquaculture_sci.62.55)

Matsunaga T, Ieda R, Hosoya S, Kuroyanagi M, Suzuki S, Suetake H, Tasumi S, Suzuki Y, Miyadai T, Kikuchi K. An efficient molecular technique for sexing tiger pufferfish (fugu) and the occurrence of sex reversal in a hatchery population. Fish. Sci. 査読有, 80, 2014, 933-942  
DOI: 10.1007/s12562-014-0768-0

Hosoya S, Mizono N, Kikuchi K, Kurokura H. Rearing *Takifugu rubripes* larvae in communal tanks: paternal genetic contribution to survivability. Fish. Sci. 査読有, 80, 2014, 1037-1043

DOI: 10.1007/s12562-014-0795-x

Tasumi S, Norshida I, Boxshall GA, Kikuchi K, Suzuki Y, Ohtsuka S. Screening of candidate genes encoding proteins expressed in pectoral fins of fugu *Takifugu rubripes*, in relation to habitat site of parasitic copepod *Caligus fugu*, using suppression subtractive hybridization. Fish Shellfish Immunol. 査読有, 44, 2015, 356-364  
DOI: 10.1016/j.fsi.2015.02.03

Kudo Y, Nikaido M, Kondo A, Suzuki H, Yoshida K, Kikuchi K, Okada N. A microsatellite-based genetic linkage map and putative sex-determining genomic regions in Lake Victoria cichlids. Gene 査読有, 560, 2015, 156-164  
DOI: 10.1016/j.gene.2015.01.057

菊池潔, 甲斐渉, 細谷将, 田角聡志, 末武弘章, 宮台俊明, 鈴木謙, トラフグのゲノム地図の作製とその応用 性決定遺伝子, 性統御, 比較ゲノム解析を中心に . 水産育種, 査読有, 41, 2012, 141-151.

菊池潔, 甲斐渉, フグのゲノム地図作製と性統御および育種への応用. 日本水産学会誌, 査読無, 78, 2012, 269

鈴木謙, 菊池潔, ゲノム育種によりトラフグの優良品種作出をめざす. 日本水産学会誌, 査読無, 78, 2012, 88

菊池潔, 濱口哲, 魚類性決定遺伝子の多様性と進化. 細胞工学, 査読無, 32, 2013, 164-169

菊池潔, 細谷将, 田角聡志, 魚類の性統御. アクアネット, 査読無, 16, 2013, 42-47

菊池潔, 細谷将, 田角聡志, 魚類の性決定 フグの性決定遺伝子 *Amhr2* を中心に 動物遺伝育種研究, 査読有, 41, 2013, 37-48

菊池潔, 細谷将, ホルモンによる性転換と遺伝マーカーによる超オスの作出. 養殖ビジネス, 査読無, 51, 2014, 36-39.

菊池潔, 移り変わる性決定遺伝子 魚類の性決定遺伝子同定からみえてきた風景 . 生物科学, 査読有, 65, 2014, 136-145

菊池潔, トラフグにおける1塩基の性決定-性決定遺伝子の誕生と死 (特集 愛と性の科学). 科学, 査読無, 560, 2014, 770-772

②細谷将, 水野直樹, 城夕香, 藤田真志, 鈴木謙, 菊池潔, トラフグ凍結精子の家庭用冷蔵庫での二次保存. 水産技術, 査読有, 7, 2015, 85-88

[学会発表](計34件)

Kikuchi K, Atsumi K, Tajima S, Hosoya S, Tasumi S, Kai W, Suzuki Y. The

Sex-determining loci in fugu and its related species., Six International Symposium on vertebrate sex determination, 2012年4月23~2012年4月27日 Kona, USA

Kikuchi K, Ieda R, Tasumi S, Hosoya S, Suetake H, Miyadai T, Suzuki Y., Fine mapping of the sex-determining locus in fugu. The International Symposium on Aquaculture Genetics XI, 2012年6月24~2012年6月30日 Auburn, USA

渥美九郁, 山野上祐介, 細谷将, 木村亮介, 田角聡志, 鈴木讓, 菊池潔, 組み換え抑制がない性決定遺伝子座における選択の痕跡: フグの場合. 日本進化学会第14回東京大会, 2012年8月21日 東京

菊池潔, 神谷隆史, 甲斐涉, 田角聡志, 岡あゆみ, 松永貴芳, 末武弘章, 鈴木重則, 細谷将, 宮台俊明, 鈴木讓, 性決定遺伝子に移りかわる現象の理解に向けて-トラフグの性決定遺伝子の同定. 日本進化学会第14回東京大会, 2012年8月21日 東京

菊池潔, トラフグ稚魚の雌雄判別と雄の作出について. 第9回アケアカルチャーネットワーク懇話会(招待), 2012年8月23日 佐賀

菊池 潔, 田角聡志, 細谷将, 鈴木讓, 性決定遺伝子に移りかわる現象の解明: フグ近縁種群を用いて表現型多様化の遺伝的基盤を探る. 新学術領域研究「複合適応形質進化の遺伝子基盤解明」平成24年度公開シンポジウム, 2012年9月26日 東京

菊池潔, ゲノム情報の水産育種への活用 - フグ性決定遺伝子の話を中心に -. 日本動物遺伝育種学会第18回動物遺伝育種シンポジウム(招待), 2012年10月7日 宮城

菊池潔, フグ近縁種群における性決定遺伝子の移り変わり. 第7回 Dmy の会/第2回新潟大学 系統生物研究センター研究集会(招待), 2012年11月8日~2012年11月9日 栃木

菊池潔, フグ類の表現型多様化の遺伝的基盤: 遡河回遊性の獲得など. 日本生態学会第60回全国大会自由集会(招待), 2013年3月5日 静岡

Kikuchi K, Evolution of sex determining mechanisms in fugu fish. International workshop: Sex determination in dragons, frogs and fugu fish (invited), 2013年3月6日 広島

菊池潔, 野澤碧, 城夕香, 藤田真志, 水野直樹, 濱崎将臣, 鈴木重則, 田角聡志, 鈴木讓, 超雄トラフグ(YY型魚)の作出とその生存率. 日本水産学会春季大会, 2013年3月27~2013年3月29日 東京

家田梨櫻, 穴井康崇, 藤田真志, 渥美九

郁, 田島祥太, 中村修, 田角聡志, 鈴木讓, 菊池潔, トラフグの雄型性決定遺伝子はクサフグを雄化する. 日本水学会春季大会, 2013年3月27~2013年3月29日 東京

田島祥太, 野澤碧, 渥美九郁, 城夕香, 藤田真志, 細谷将, 宮木廉夫, 田角聡志, 鈴木讓, 菊池潔, トラフグ属魚類における性決定遺伝子座の変遷 新しい性決定遺伝子たちの抬頭. 日本水学会春季大会, 2013年3月27~2013年3月29日 東京

Kikuchi K, Rapid turnover of sex chromosomes in fugu and related species., International mini symposium: Mechanisms and functions of sex chromosome turnover. (招待講演) 2013年05月07日 静岡

細谷将, 山野上祐介, 甲斐涉, 菊池潔, 表現型多様化のゲノム基盤解明を目指した近縁複数種のゲノム比較: フグを材料として. 日本進化学会第15回東京大会 2013年08月28日~2013年08月28日 東京

家田梨櫻, 細谷将, 田角聡志, 菊池潔, 性決定遺伝子はなぜ移り変わるのか?-その遷移を促す遺伝的基盤の探求-. 特定領域ゲノム支援拡大班会議 2013 兵庫 2013年08月27日~2013年08月28日

細谷将, 家田梨櫻, 甲斐涉, 山野上祐介, 菊池潔, フグでやっていることとやりたいこと. 次世代シーケンサー現場の会 2013 2013年09月04日~2013年09月05日 兵庫

家田梨櫻, 細谷将, 田角聡志, 菊池潔, 200万年でどれほどゲノムは分化するのだろうか?-近縁魚種間の全ゲノム比較-. 日本動物遺伝育種学会第15回大会 2013年10月12日~2013年10月13日 東京

菊池潔, 移り変わる性決定遺伝子-フグ近縁種群を材料として-. 日本動物学中部支部会公開シンポジウム(招待講演) 2014年03月09日 愛知

細谷将, 田角聡志, 菊池潔, 数百万年でゲノムはどれほど分化するのだろうか?-近縁6魚種間の全ゲノム比較-. 日本水産学会春季大会, 2014年03月28日~2014年03月30日 北海道

②家田梨櫻, 田島祥太, 藤田真志, 細谷将, 田角聡志, 菊池潔, 性転換を利用したクサフグ性決定遺伝子座の解析. 日本水産学会春季大会 2014年03月28日~2014年03月30日 北海道

②細谷将, 八谷剛史, 田島祥太, 家田梨櫻, 藤田真志, 田角聡志, 菊池潔, 複数個体の全ゲノム解読による表現型原因遺伝子の同定の試み. 日本水産学会春季大会 2014年03月28日~2014年03月30日 北海道

③水野直樹, 細谷将, 城夕香, 藤田真志, 菊

池澤, トラフグ凍結精子における家庭用冷蔵庫での二次保存. 日本水産学会春季大会 2014年03月28日~2014年03月30日 北海道

②4家田梨櫻, 藤田真志, 松田勝, 木南竜平, 鈴木重則, 末武弘章, 細谷将, 田角聡志, 菊池潔, 海産魚のゲノム編集-不透明で油球をもつ粘着卵を産むトラフグの場合-. 日本水産学会秋期大会 2014年09月20日~2014年09月21日 福岡

②5菊池潔, ゲノム情報の整備と活用による新しい性決定遺伝子の同定. 名古屋大学リーディングプログラム学生企画セミナー「バイオインフォマティクスへの招待」(招待講演) 2014年10月31日 愛知

②6菊池潔, フグの性決定遺伝子, 最近の研究報告. 第9会 Dmy の会 2014年11月15日~2014年11月16日 栃木

②7菊池潔, 細谷将, 連鎖および連鎖不平衡マッピングによる表現型原因遺伝子の同定. 2014年度日本魚類学会年会シンポジウム(招待講演) 2014年11月17日 神奈川

②8家田梨櫻, 青木勇磨, 細谷将, 田角聡志, 菊池潔, 魚類の多様な性決定遺伝子について. 浜名湖をめぐる研究者の会 2014年12月06日 静岡

②9菊池潔, 魚類の性決定遺伝子たちーフグ近縁種群を中心としてー. 新学術領域研究「複合適応形質進化」公開シンポジウム(招待講演) 2014年12月12日 千葉

③0家田梨櫻, 神谷隆史, 渥美九郁, 藤田真志, 細谷将, 鈴木重則, 鈴木讓, 田角聡志, 菊池潔, *Amhr2Y* 型遺伝子はトラフグを雄化する-トランスジェニック海産魚による機能解析-. 日本水産学会春季大会 2015年03月27日~2015年03月31日 東京

③1小山喬, 吉田一範, 尾崎照遵, 青木純哉, 荒木和男, 細谷将, 菊池潔, 坂本崇, プリ性決定遺伝子座の連鎖不平衡解析. 日本水産学会春季大会 2015年03月27日~2015年03月31日 東京

③2細谷将, 田角聡志, 小林久人, 菊池潔, ゲノム情報から推定する種分化と交雑の歴史-トラフグ近縁 12 魚類の全ゲノム比較-. 日本水産学会春季大会 2015年03月27日~2015年03月31日 東京

③3細谷将, 菊池潔, 永島宏, 小野寺淳一, 杉本晃一, 佐藤好, 松崎圭佑, 熊谷明, 上田賢一, 八杉公基, 永野 惇, 黒川忠英, 集団ゲノミクスで探るゲノム上に残された家魚化の痕跡-宮城県産ギンザケ品種の解析-. 日本水産学会春季大会 2015年03月27日~2015年03月31日 東京

③4菊池潔, 有用遺伝子の探索, 同定, 選抜, 編集. 日本水産学会水産増殖懇話会第1回講

演会(招待講演) 2015年03月27日 東京

〔図書〕(計1件)

鈴木讓, 菊池潔, トラフグのゲノム育種. フグ研究とトラフグ生産技術の最前線, 恒星社厚生閣 東京, 2012, 15 ページ(第6章)

〔その他〕

ホームページ等

東京大学の代表的な研究を発信する UTokyo Research における研究紹介

<http://www.u-tokyo.ac.jp/ja/utokyo-research/editors-choice/fugu-sex-determined-by-single-nucleotide/>

<http://www.u-tokyo.ac.jp/en/utokyo-research/editors-choice/fugu-sex-determined-by-single-nucleotide/>

東京大学農学部からのプレスリリース

<http://www.a.u-tokyo.ac.jp/topics/2012/20120730-1.html>

## 6. 研究組織

### (1) 研究代表者

菊池 潔 (KIKUCHI, Kiyoshi)

東京大学・大学院農学生命科学研究科・准教授

研究者番号: 20292790

### (2) 研究分担者

なし

### (3) 連携研究者

田角 聡志 (TASUMI, Satoshi)

東京大学・大学院農学生命科学研究科・特任助教

研究者番号: 90359646

末武 弘章 (SUETAKE, Hiroaki)

福井県立大学・海洋生物資源学部・准教授  
研究者番号: 00334326

### (4) 研究協力者

水野 直樹 (MIZUNO, Naoki)

東京大学・大学院農学生命科学研究科・技術専門職員

城 夕香 (JYO, Yuka)

東京大学・大学院農学生命科学研究科・技術専門職員

藤田 真志 (FUJITA, Masashi)

東京大学・大学院農学生命科学研究科・技術職員