

NEWS RELEASE

『ドクターフィッシュ』の高精度ゲノム解読に成功

～新たな疾患モデル生物として期待～

- 国際共同研究(日本・インドネシア・オーストリア)により、ドクターフィッシュ(ガラ・ルファ)の高精度な染色体レベルのゲノム配列を世界で初めて解読
- ガラ・ルファは 37℃以上の高温環境でも生存可能な特性を持ち、ヒト由来がん細胞や感染症研究の新たなモデル生物として注目
- 高温耐性に関与する熱ショックタンパク質(HSP)関連遺伝子群および熱ショック因子(HSF)遺伝子のゲノム中の位置を網羅的に同定

【概要】

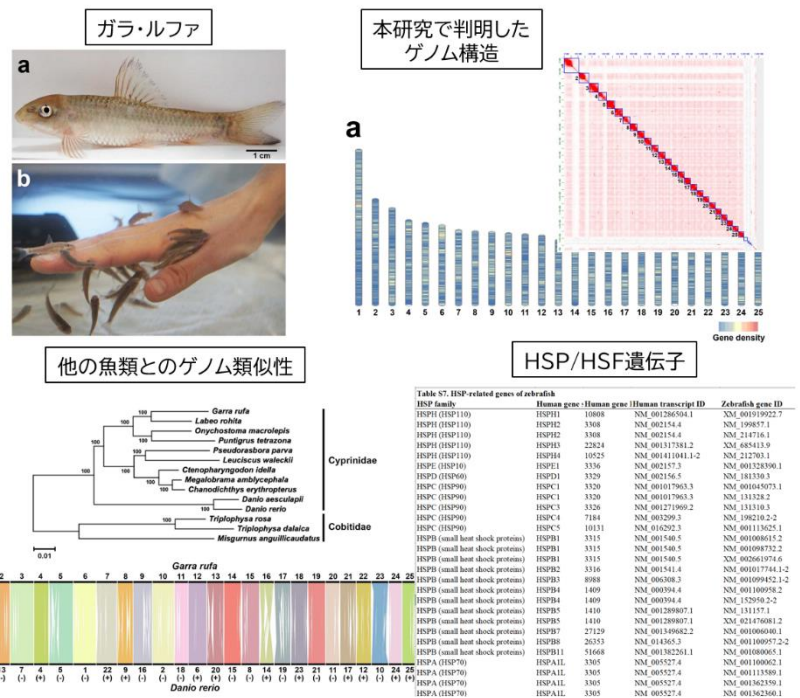
三重大学大学院医学系研究科と三重大学ゼブラフィッシュ研究センターを中心とした研究チームは、インドネシア国立研究革新庁(BRIN)およびオーストリア・ウィーン大学との共同研究で、ドクターフィッシュ(ガラ・ルファ)のゲノム配列を染色体レベルで世界初解読しました。ゲノムサイズは約 1.38 ギガベース(Gb)、25 本の染色体構造からなります。ゲノム解析により、高温耐性に関わる熱ショックタンパク質関連遺伝子群などを特定しました。

【背景】

ガラ・ルファ(*Garra rufa*)は高温でも活動できる魚として知られ、魚治療法(ichthyotherapy)として皮膚疾患治療に利用されています。従来のモデル魚種(ゼブラフィッシュ等)では、ヒト由来のがん細胞を移植した研究が困難であるため、高温環境でも生育可能な新たな研究モデルとして注目されていますが、ゲノム情報の不足が研究の妨げとなっていました。

【研究内容】

次世代シーケンシング技術(PacBio HiFi ロングリードシーケンシングおよび Hi-C 法)を駆使し、ガラ・ルファの 25 本の染色体から成るゲノム配列(約 1.38 ギガベース(Gb))を高い精度で解読しました。比較ゲノミクス解析により、ガラ・ルファのゲノムは代表的なモデル動物であるゼブラフィッシュと遺伝子の並びが保存されていることがわかりました。さらに、高温環境下で重要な熱ショックタンパク質(HSP)関連遺伝子群や熱ショック因子(HSF)遺伝子のゲノム中の位置を網羅的に同定しました。



【今後の展望】

ガラ・ルファのゲノム情報を活用し、ヒト由来がん細胞や感染症研究が加速すると期待されます。また、国際的な共同研究のさらなる進展が見込まれています。

【用語解説】

- ・ガラ・ルファ (*Garra rufa*): 通称ドクターフィッシュとして知られるコイ科の淡水魚で、主に中東地域の河川や温泉に生息し、インドネシアではその養殖が活発に行われている。古くから皮膚疾患治療に用いられてきた一方で、37℃以上の高温環境でも活動・生存可能という特異な生理特性を持つ。
- ・PacBio HiFi ロングリードシーケンシング: 10-20 kb 程度の長い DNA 配列を高精度で網羅的に読み取る手法
- ・Hi-C 法: ゲノムの 3 次元空間内の立体構造を解析する手法
- ・熱ショックタンパク質 (HSP): 高温などのストレス環境下で細胞を保護するタンパク質
- ・熱ショック因子 (HSF): 熱ショックタンパク質の発現を制御する転写因子

【論文情報】

掲載誌: Scientific Data
掲載日: 2025 年 5 月 9 日 (オンライン公開)
<https://www.nature.com/articles/s41597-025-05101-w>
論文タイトル: Chromosome-level genome assembly of the doctor fish (*Garra rufa*)
著者: Tetsuo Kon, Koto Kon-Nanjo, Kiki Syaputri Handayani, Liqing Zang, Fahrurrozi, Oleg Simakov, Victor David Nico Gultom, Yasuhito Shimada

【謝辞】

本研究は岡三加藤文化振興財団、高橋産業経済研究財団、JSPS 科研費 JP24K21914、の助成を受けて実施されました。

< 本件に関するお問合せ >

三重大学大学院医学系研究科 統合薬理学分野 島田康人
TEL: 059-231-5384 E-mail: shimada.yasuhito@mie-u.ac.jp