大学名	奈良女子大学		
University	Nara Women's University		
外国人研究者	キム ティフォン ワン		
Foreign Researcher	Kim Thi phuong Oanh		
受入研究者	春本 晃江	職名	教授
Research Advisor	Terue Harumoto	Position	Professor
受入学部/研究科	理学部		
Faculty/Department	Faculty of Science		

<外国人研究者プロフィール/Profile>

国 籍	ベトナム	
Nationality	Vietnam	
所属機関	ベトナム科学技術アカデミー、ゲノム研究所	
Affiliation	Institute of Genome Research, Vietnam Academy of Science and Technology	
現在の職名	グループリーダー	
Position	Principal Investigator	
研究期間	2018年9月1日 ~ 2018年11月29日(90日間)	
Period of Stay	90 days (Sep., 1st, 2018 - Nov., 29th, 2018)	
専攻分野	分子生物学	
Major Field	Molecular Biology	



Doing experiment in laboratory/研究風景

く外国人研究者からの報告/Foreign Researcher Report>

①研究課題 / Theme of Research

The striped catfish, *Pangasianodon hypophthalmus* Sauvage, 1878, is native species and successfully cultured in Mekong river area. Vietnam is the world's largest producer of *P. hypophthalmus*, with an estimated 1.1 million tons being cultured on a farming area of more than 5,000 hectares. To improve the catfish production, genomic information may be useful to develop marker-assisted breeding and associated genome-wide analyses for catfish aquaculture. During the Follow-up Research Fellowship program, I focused on genetic variations and identification of genetic markers for growth traits in the striped catfish.

②研究概要 / Outline of Research

1) The Insulin-like Growth Factor (IGF) systems, which includes IGFs, IGFRs (receptors) and IGFBPs (binding proteins), plays an important role in the regulation of growth in all vertebrates. To find candidate genes for growth-related genetic variations, I have examined the differential expression of several IGF-related genes between slow-growing fishes and fast-growing fishes. Total RNAs were extracted from liver and brain tissues of slow-growing fishes and fast-growing fishes. Then, cDNAs were synthesized and used as templates for real-time PCR to examine the expression level of IGF1, IGF2 and IGFBBP3 genes. 2) Since bioinformatics knowlege is necessary for this study, I have discussed with several experts and learned about the methods of genetic marker discovery.

③研究成果 / Results of Research

1) The product of IGF1 gene was very low in all samples, thus it was not significantly different bewteen slow-growing fishes and fast-growing fishes. The expression levels of IGF2 and IGFBP3 were higher in the fast-growing samples compared to the slow-growing samples. The results show that IGF2 and IGFBP3 genes are probably good candidates for investigation of growth-related genetic variations. 2) Discussed with Dr. Masashi Sekino (National Research Institute of Fisheries Science) and Prof. Yoichi Yusa (Nara Women's University) about the methods to develop microsatellites and SNP markers. 3) Discussed with Prof. Kei Yura (Ochanomizu University) and Associate Prof. Toshinobu Suzaki (Kobe University) about the methods of genome and transcriptomes analyses.

④今後の計画 / Further Research Plan

1) Studying genetic variations of genes in IGF system and their association with growth traits in striped catfish (Pangasianodon hypophthalmus). 2) Genome and transcriptome analyses to develop microsatlites and SNP markers for growth traits in the striped catfish.

①研究課題 / Theme of Research

特徴的な縞をもつナマズ(Pangasianodon hypophthalmus Sauvage(1878))(和名:カイヤン)は、メコン川地域で広く養殖されている魚である。 ベトナムは世界最大のP. hypophthalmus の生産国であり、5,000ヘクタール以上の地域で110万トンが養殖されている。このナマズの生産性を改善するために、遺伝的マーカーを踏まえた交配とゲノムの網羅的解析が必要となる。本研究では、このナマズの成長に関わる遺伝的変異と遺伝マーカーの同定に焦点を当てて研究を行った。

②研究概要 / Outline of Research

1)IGF、IGFR(受容体)およびIGFBP(結合タンパク質)を含むインスリン様増殖因子(IGF)系は、多くの脊椎動物の成長調節に重要な役割を果たしている。成長に関連した遺伝的変異の候補遺伝子を見つけるために、本研究では、成長が遅い魚と急成長する魚の間でいくつかのIGF関連遺伝子の発現量の違いを調べた。実際には、成長が遅い魚と急成長する魚の肝臓および脳組織から全RNAを抽出し、cDNAを合成し、IGF1、IGF2およびIGFBBP3遺伝子の発現レベルをリアルタイムPCRにより調べた。2)ナマズ養殖の生産性向上を目指して、遺伝解析に必要な知識と技術を身につけるために、遺伝マーカーを用いた解析を専門とする研究者やバイオインフォマティクスの専門家と議論を行った。

③研究成果 / Results of Research

1)IGF1遺伝子の産物は、すべての試料で非常に微量であったためか、成長の遅い魚と急成長する魚との間で有意差はなかった。IGF2およびIGFBP3の発現レベルは、増殖が遅い魚と比較して、急速に増殖する魚においてより高かった。結果は、IGF2およびIGFBP3遺伝子が、成長に関連する遺伝的変異を調べるための良好な候補であることを示している。2)マイクロサテライトやSNPマーカーの開発方法については、關野正志博士(中央水産研究所)、遊佐陽一教授(奈良女子大学)に多くのことを教えていただき、有意義な議論を行うことができた。3)ゲノム解析とトランスクリプトーム解析の方法については、由良敬教授(お茶の水女子大学)と洲崎敏伸准教授(神戸大学)と貴重な議論をすることができた。

④今後の計画 / Further Research Plan

引き続き、カイヤン(Pangasianodon hypophthalmus)におけるIGF系遺伝子の遺伝的変異と成長形質との関連性の検討、2)ゲノムとトランスクリプトーム解析を行い、カイヤンの成長形質のためのマイクロサテライトとSNPマーカーを開発すること、を計画している。今回の訪問により、新たな共同研究の可能性も生まれ、今後の研究の進展に大きな一歩を踏み出すことができた。



第51回日本原生生物学会大会に参加/Participation in the 51st Annual meeting of the Japan Society of Protistology (Matsue, Shimane Prefecture)



国立研究開発法人水産研究・教育機構 中央水産研究所 水産生命情報研究センター ゲノム情報解析グループを訪問 /Visit to the National Researchi Institute of Fisheries Science, Research Center for Bioinformatics and Biosciences, Genome Informatics Group