

令和元年6月24日現在

機関番号：17301

研究種目：基盤研究(B) (特設分野研究)

研究期間：2015～2018

課題番号：15KT0034

研究課題名(和文) 水産資源の次世代型順応的管理モデル：「遺伝子集団モニタリング」技術の開発と実践

研究課題名(英文) Adaptive management model for fishery resources: practice and development of genetic population monitoring techniques

研究代表者

山田 明德 (YAMADA, Akinori)

長崎大学・水産・環境科学総合研究科(水産)・准教授

研究者番号：40378774

交付決定額(研究期間全体)：(直接経費) 13,800,000円

研究成果の概要(和文)：水産資源を持続的に利用するには、資源量の変動要因を正確に把握し、適切に管理することが不可欠である。本研究では、水産資源の遺伝的多様性と遺伝的構造の空間的・時間的な変動パターンを明らかにすることで、将来的な資源管理に貢献することを目指す。マサバ、マアジ、マイワシについて、長崎県と鳥取県で水揚げされた個体のミトコンドリアD-loop領域の配列を取得し、既存の他地域から得られている配列と合わせて解析したところ、これらの魚種は年間を通して遺伝的多様性が極めて高く、南シナ海～東シナ海～太平洋までが同一の集団であることが示唆された。これは、水産資源を国際的に管理することの重要性を示している。

研究成果の学術的意義や社会的意義

本研究では、これまで曖昧になっていた地域間や系群間の関係について遺伝的に明らかにし、水産資源が広く分布域全体に渡ってつながっていることを示した。このことはマサバ、マアジなどの水産資源を持続的に利用していくためには国際的な取り組みが必要不可欠であることの科学的根拠となるものである。また、過去の資源変動が極めて大きいマイワシでは、仮に資源量が回復したとしても遺伝的多様性が失われた状態であることを示唆するデータも得られており、今後の資源管理の新たな課題を提案している。このような点において本研究は水産資源の持続的利用を実現するための基盤的な研究としての意義があるものと考えられる。

研究成果の概要(英文)：In order to sustainably utilize fishery resources, it is essential to understand variable factors affecting them for their appropriate management. The present study aims to contribute to the development of effective management strategy by clarifying spatiotemporal dynamics of the genetic diversity and population structure of fishery resources. Mitochondrial D-loop sequences of chub mackerel (*Scomber japonicus*), Japanese horse mackerel (*Trachurus japonicus*), and Japanese sardine (*Sardinops melanostictus*) mainly caught in Nagasaki and Tottori were obtained and analyzed. The results indicated that genetic diversity of these fish species were extremely high all the year-round and their populations in the South China Sea, East China Sea, and Pacific Ocean apparently consisted of a single genetically-identical population. This strongly confirms the importance of internationally cooperative management of fishery resources.

研究分野：分子生態学

キーワード：資源管理 集団 遺伝的多様性 浮魚類 資源量

様式 C-19、F-19-1、Z-19、CK-19（共通）

1. 研究開始当初の背景

我が国の最重要食糧資源である水産資源は、生産量の8割が養殖ではなく自然界での再生産によって維持されている。水産資源を長期的・持続的に利用するためには、資源量の変動メカニズムを正確に把握し、適切に管理することが必要不可欠である。資源量は、水温、海流、漁獲圧などの外的な環境要因と、親世代個体数、産卵数、孵化率、生残率、餌資源、捕食者などの生物・生態的要因が直接的に影響することによって変動する。その一方で、一般に生物集団は、遺伝的多様性、環境適応能力や生存・繁殖能力に関係する遺伝子などの内的な遺伝的要因（遺伝的多様性・構造）によって潜在的に影響を受けている。しかし、従来の資源管理では遺伝的要因がほとんど考慮されていない。

2. 研究の目的

本研究では、水産資源管理における「遺伝子集団モニタリング」技術の確立と実証データを提示し、遺伝的要因を組み込んだ「次世代型順応的管理モデル」の構築の基盤形成に貢献することを目指す。具体的には、対馬暖流系群の浮魚類を中心にして集団の遺伝的多様性および遺伝的構造の時空間変動パターンを明らかにすることを目的としている。

3. 研究の方法

(1). 材料

西海区水産研究所（長崎）、鳥取県水産試験場の資源調査、長崎大学水産学部附属練習船鶴洋丸の航海などで得られた浮魚類をサンプルとした。

(2). 方法

①. ミトコンドリアゲノム解析

次世代シーケンサを使用してマサバとマアジのミトコンドリアゲノム配列を決定し、既存の配列と合わせ比較することで集団の遺伝的多様性と構造の指標となる可変領域の探索を行った。

②. 対馬暖流系群のマサバ、マアジ、マイワシの遺伝的多様性と時系列変化

長崎と鳥取で水揚げされたマサバ、長崎で水揚げされたマアジ、マイワシを対象として、各月毎に50~100個体程度のD-loop領域の配列を決定した。また、各月毎にHaplotype diversityを計算して多様性を評価するとともに、統計量 K_{st} と統計量 F (AMOVA) により月間の遺伝的な違いについて検討した。

③. 対馬暖流系群と他系群との比較

②で得られた配列に加え、データベースに登録されている大陸中国沿岸、日本海沿岸、太平洋沿岸、北西太平洋で漁獲された個体の配列を解析し、系群間や地域間の遺伝的な違いについて検討した。ただし、後述するようにこれらの魚種ではD-loop領域の遺伝的多様性 (Hd) が非常に高く、各ハプロタイプの分布傾向を直接解析することが困難であるため、類似性の高い（おおよそ99%以上）ハプロタイプ同士をOTU（ハプロタイプグループ）に分けて解析を行った。

④. 魚種と遺伝的多様性

一般に、遺伝的多様性は集団サイズが大きくなるにしたがって高くなることが知られており、資源量推定の指標として利用できる可能性が考えられる。そこで、マサバ、マアジ、マイワシ、ウルメイワシ、カタクチイワシの浮魚5種間で遺伝的多様性にどのような違いがあるか検証するために、D-loop領域とミトコンドリアCOI遺伝子、CytB遺伝子の相同な領域の配列を決定し比較した。資源量（集団サイズ）については、2012年~2016年の資源量推定値を利用した。

⑤. 未知のサバ属種

マサバとゴマサバを対象としてD-loop領域の配列を解析したところ、両種のどちらにも属さないと思われる配列が得られたため、ミトコンドリアCOI遺伝子とCytB遺伝子、核ゲノムRho（ロドプシン）遺伝子の配列を比較解析し、さらなる検証を行った。

4. 研究成果

(1). ミトコンドリアゲノム解析

ミトコンドリアゲノム配列の比較の結果、今回用いた配列ではD-loop領域がもっとも可変であることが示された（図1）。したがって、ミトコンドリアゲノム上の配列により種内の群集構造などを解析するにはこの領域が有効であると考えられた。

(2). 対馬暖流系群のマサバ、マアジ、マイワシの遺伝的多様性と時系列変化

マサバ、マアジ、マイワシすべてにおいて月毎の Hd はほぼ1であり、D-loop領域の遺伝的多様性が極めて高いことが示された。また、月間での比較では有意な遺伝的分化は全く検出されなかった。これは回遊集団が非常に大きくかつ遺伝的に均質であることを示唆しているものと考えられた。

(3) 対馬暖流系群と他系群のとの比較

マサバでは、大陸中国、台湾沿岸で見られるハプロタイプグループと長崎、鳥取で見られるハプロタイプグループのほとんどが共通していることから、南シナ海～東シナ海までが同一の集団であると考えられた(図2)。ハプロタイプグループ8は長崎の集団のみで見られるものであるが、長崎の集団内ではマイナーなグループであり、長崎に特有のグループであるとは考え難い。ハプロタイプグループ32～34は高知のみで見られるものであり、Yan et al. (2015)が高知の20個体から得たすべての配列が含まれている。その一方で、高知の個体からは他のハプロタイプグループに属する配列は得られておらず、高知の集団が南シナ海～東シナ海の集団とは異なることが考えられる。また、系統解析を行ったところハプロタイプグループ32～34は単系統群であると同時に互いに近縁であることが示されたことから、単一の起源から時間経過にともなって多様化したものと推定される。太平洋系群である茨城の集団で見られるハプロタイプグループは、すべて南シナ海～東シナ海で見られるものであり、長崎および鳥取の主要なものである。これらのことは、一部の地域集団を除き、南シナ海～東シナ海～太平洋までが遺伝的に均質な同一の集団であることを示唆している。

マアジでもマサバと同じように大陸中国で見られるハプロタイプグループと長崎で見られるハプロタイプグループのほとんどが共通していることから、南シナ海～東シナ海までが同一の集団である可能性が考えられる(図2)。また、太平洋系群である千葉の集団で見られるグループはすべて長崎でも見られるものであり、マサバの場合と同様に、南シナ海～東シナ海～太平洋までが遺伝的に均質な同一の集団であるかもしれない。

マイワシも同様で、長崎、石川、高知、宮城で共通のハプロタイプグループも多く見られるため、これらが同一の集団である可能性が考えられる(図2)。

マサバ、マアジ、マイワシで太平洋系群と対馬暖流系群が遺伝的に同一の集団もしくは遺伝的な交流がある集団であることが示されたことは、これまで両系群が別々に資源管理されていることと対照的である。また、対馬暖流系群は南シナ海まで広がっている可能性も考えられ、資源を国際的に管理することの重要性が強調される。

(4) 魚種と遺伝的多様性

魚種間での比較では、D-loop領域の配列ではどの種においても遺伝的多様性が高く、魚種間に差は見出されなかった。一方で、COI遺伝子とCytB遺伝子ではカタクチイワシの遺伝的多様性が明らかに高いこと、マイワシで低いことがわかった(図3)。また、これらの遺伝子の遺伝的多様性は、集団サイズと比較的よく一致していた。D-loop領域は上述したように種を問わず多様性が極めて高いために期待される差が検出されなかったのではないかと考えられる。また、マイワシでCOI遺伝子とCytB遺伝子の遺伝的多様性が低いことは、マイワシの資源量が非常に大きく変動しているためにボトルネック効果が影響していることが想像される。今後さらに詳細に検討する必要があるものの、遺伝的多様性を調べることで資源量や資源量変動の理解が深まるのではないかと期待される。

(5) 未知のサバ属種のみトコンドリア

未知のサバ属種と思われる個体は全体の0.1%ほどの頻度で存在しており、複数個体が得られた。ミトコンドリアのD-loop領域、COI遺伝子、CytB遺伝子のいずれの配列の解析においても、これらの個体がマサバとゴマサバ、その他のサバ属種のどれにも含まれないことが示された(図4A)。その一方で、核ゲノムのRho遺伝子配列はゴマサバのものと一致していた(図4B)。これらのことから、未知のサバ属種と思われる個体は、未知のサバ属種とゴマサバの交雑個体であり、未知のサバ属種のミトコンドリアゲノムの遺伝子浸透の結果であると考えられる。

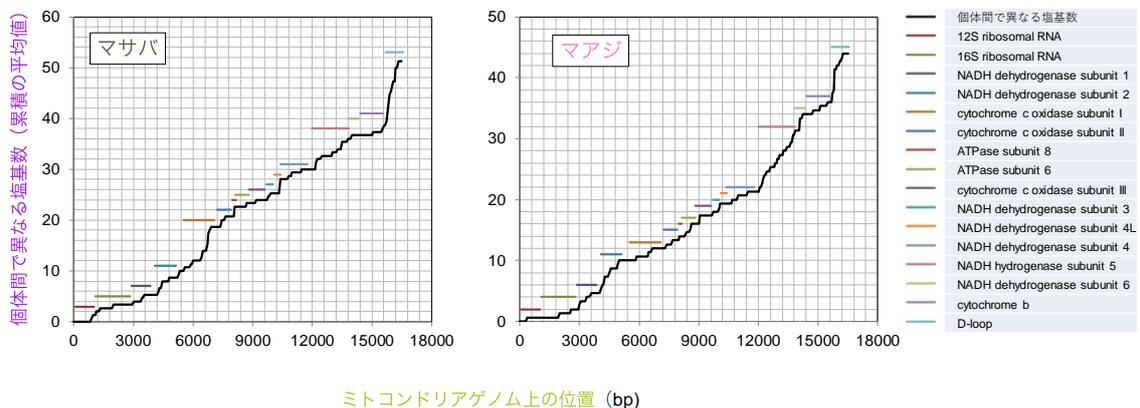


図1. ミトコンドリアゲノムの可変領域

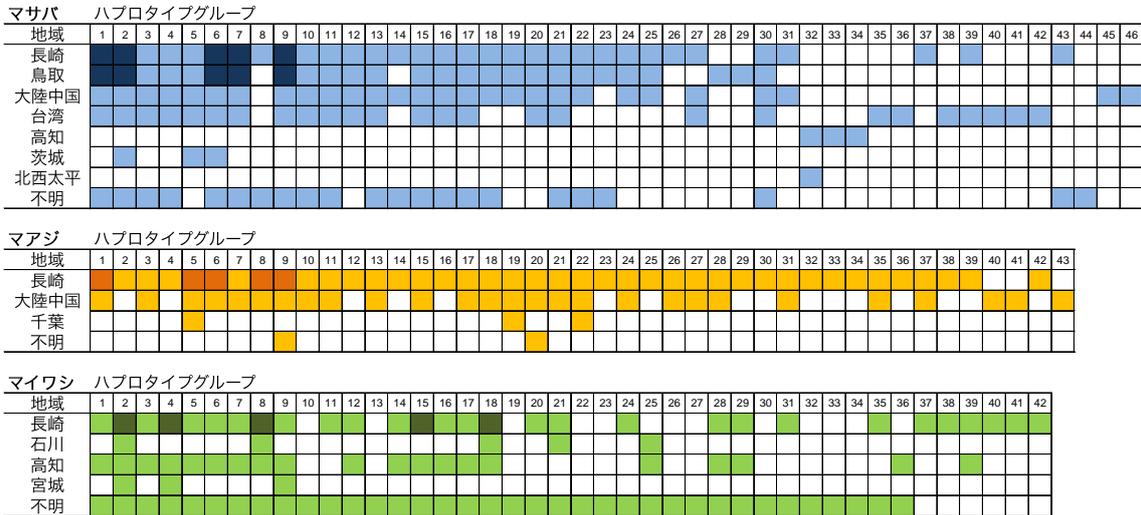


図 2. ハプロタイプグループの地域分布
 長崎および鳥取において濃い色で表されているハプロタイプグループは出現頻度が 5%以上のものを示している。

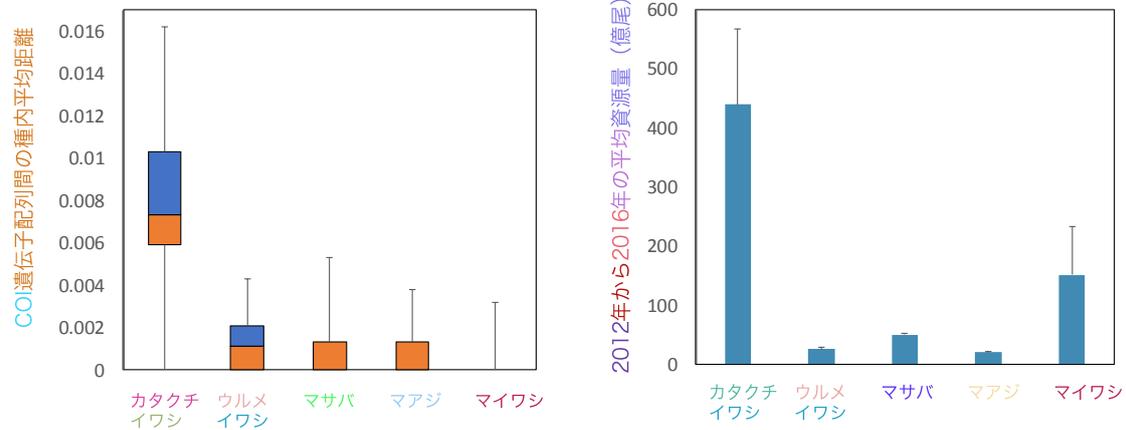


図 3. COI 遺伝子配列の多様性と集団サイズ
 COI 遺伝子配列の種内平均長の箱ヒゲ図は、最大値、第 3 四分位数、中央値、第 1 四分位数、最小値を示す。平均資源量は、資源量を重量から尾数に換算したものの平均値で、エラーバーは標準偏差を示す。

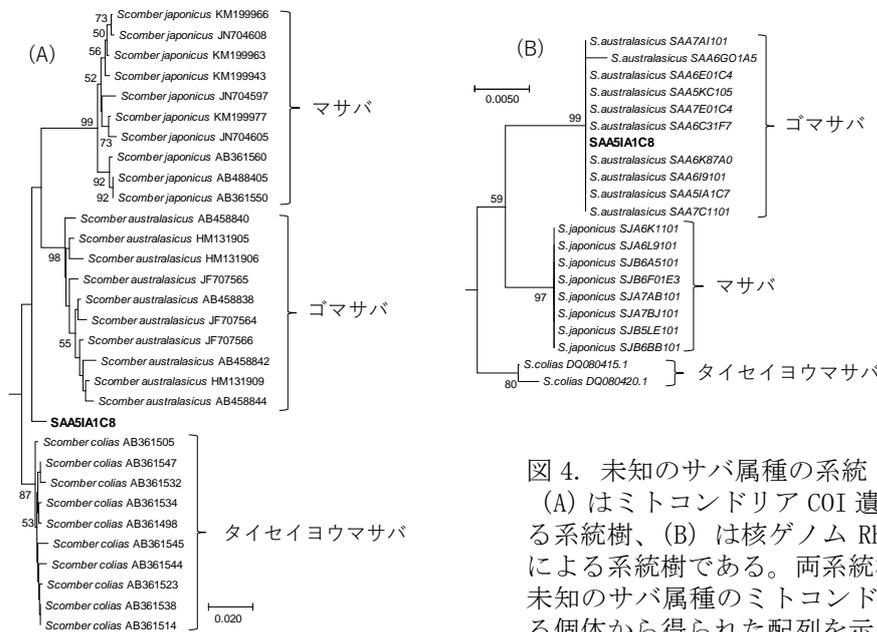


図 4. 未知のサバ属種の系統
 (A) はミトコンドリア COI 遺伝子の塩基配列による系統樹、(B) は核ゲノム Rho 遺伝子の塩基配列による系統樹である。両系統樹中の SAA5IA1C8 が未知のサバ属種のミトコンドリアを持つと思われる個体から得られた配列を示している。

<引用文献>

- ① Yan, S., Catanese, G., Brown, C.L., Wang, M. and Yang, T. (2015) Phylogeographic study on the chub mackerel (*Scomber japonicus*) in the Northwestern Pacific indicates the late Pleistocene population isolation. *Marine Ecology*, 36(3):753–765.

5. 主な発表論文等

[雑誌論文] (計2件)

- ① Yamada, A., Ikeda, N. and Ono, H. (2017) The complete mitochondrial genome of *Anisakis pegreffii* Campana-Rouget & Biocca, 1955, (Nematoda, Chromadorea, Rhabditida, Anisakidae); clarification of mitogenome sequences of the *Anisakis simplex* species complex. *Mitochondrial DNA Part B*, 2:1, 240-241. DOI: 10.1080/23802359.2017.1318678
- ② Yamada, A., Somiya, R., Ikeda, N. and Tamaki, A. (2017) The complete mitochondrial genome of the burrowing ghost shrimp, *Nihonotrypaea harmandi* (Bouvier, 1901), (Crustacea, Decapoda, Axiidea, Callianassidae); a validation of the genus and species classifications. *Mitochondrial DNA Part B*, 2:1, 238-239. DOI: 10.1080/23802359.2017.1318676

6. 研究組織

(1) 研究分担者

研究分担者氏名：本郷 裕一

ローマ字氏名：(HONGOH, Yuichi)

所属研究機関名：東京工業大学

部局名：生命理工学院

職名：教授

研究者番号 (8桁)：90392117

研究分担者氏名：村田 昌一

ローマ字氏名：(MURATA, Masakazu)

所属研究機関名：長崎大学

部局名：海洋未来イノベーション機構

職名：教授

研究者番号 (8桁)：70371846

(2) 研究協力者

研究協力者氏名：高橋 素光

ローマ字氏名：(TAKAHASHI, Motomitsu)

研究協力者氏名：福若 雅章

ローマ字氏名：(FUKUWAKA, Masa-aki)

研究協力者氏名：田中 秀一

ローマ字氏名：(TANAKA, Shuichi)

研究協力者氏名：青島 隆

ローマ字氏名：(AOSHIMA, Takashi)

研究協力者氏名：池田 夏紀

ローマ字氏名：(IKEDA, Natsuki)

研究協力者氏名：井上 和樹

ローマ字氏名：(INOUE, Kazuki)

研究協力者氏名：石川 信

ローマ字氏名：(ISHIKAWA, Makoto)

研究協力者氏名：鬼塚 みなみ

ローマ字氏名：(ONITSUKA, Minami)

研究協力者氏名：大野 花華
ローマ字氏名：(OHNO, Haruka)

研究協力者氏名：杉原 雄馬
ローマ字氏名：(SUGIHARA, Yuma)

研究協力者氏名：相良 遥香
ローマ字氏名：(SAGARA, Haruka)

研究協力者氏名：森 燎平
ローマ字氏名：(MORI, Ryohei)

※科研費による研究は、研究者の自覚と責任において実施するものです。そのため、研究の実施や研究成果の公表等については、国の要請等に基づくものではなく、その研究成果に関する見解や責任は、研究者個人に帰属されます。