

令和 2 年 6 月 4 日現在

機関番号：82708

研究種目：基盤研究(C) (一般)

研究期間：2016～2019

課題番号：16K07859

研究課題名(和文) ゲノム情報に基づくタイラギの遺伝子攪乱リスクの評価

研究課題名(英文) Evaluation of risks of genetic pollution in the natural Pen shell resources

研究代表者

關野 正志 (Sekino, Masashi)

国立研究開発法人水産研究・教育機構・中央水産研究所・グループ長

研究者番号：90371799

交付決定額(研究期間全体)：(直接経費) 3,800,000円

研究成果の概要(和文)：大型二枚貝のタイラギは、貝殻表現型に基づき有鱗型と無鱗型に分けられる。しかし両種の同所分布域(瀬戸内海)では、形態が不明瞭な中間型個体が頻繁に観察される。このような個体は、種間交雑と、それに続く遺伝子浸透(雑種F1を介した種間の遺伝子交換)により生じていると考えられるが、十分な検証がなされていない。そこで本研究では、核DNAの一塩基多型解析により、有鱗型-無鱗型間の交雑・遺伝子浸透を調べた。その結果、両者が同所的に生息する瀬戸内海では、F1、F2、有鱗型への戻し交配個体および無鱗型への戻し交配個体が認められ、少なくとも瀬戸内海においては、交雑と双方向の遺伝子浸透が起こっていることが立証された。

研究成果の学術的意義や社会的意義

本課題により、瀬戸内海産タイラギの有鱗型と無鱗型間で、交雑と双方向の遺伝子浸透(雑種を介した一方の種から他方の種への遺伝子移入)が生じていることが示された。過去のアイソザイム研究では、両者の雑種第一世代F1が生じていることは推測されていたが、本課題では、さらにF2(F1間の子供)や、両種への戻し交配個体(F1-純種間の子供)も生じていることが明らかになった。これらの結果は、タイラギ類の分類学、進化生物学および分子生態学上の学術的価値が高いだけでなく、種苗生産・放流によるタイラギ増殖の遺伝的攪乱リスクの啓蒙と資源保全・増殖戦略の策定のための重要な知見となる。

研究成果の概要(英文)：The pen shell *Atrina pectinata* sensu lato distributed in Japan is classified into two forms according to the shell morphs, i.e., scaly (SC) and non-scaly (NS). The two forms are thought to be different species; however, individuals with ambiguous and/or intermediate shell morph have frequently been found in Seto Inland Sea, where both SC and NS occur in sympatry. We consider that such ambiguous shells are derived from hybridization/introgression between the two species. This issue, however, has not been studied in detail heretofore. Thus, we assessed the possible occurrence of hybridization/introgression between SC and NS based on single nucleotide polymorphisms. Our results evidenced ongoing hybridization/introgression in Stouchi Inland Sea, as F1s, F2s, and bi-directional backcrosses were detected there.

研究分野：応用集団遺伝学

キーワード：交雑 遺伝子浸透 集団遺伝学 集団ゲノム学 一塩基多型 遺伝子汚染 遺伝子移入

## 様式 C - 19、F - 19 - 1、Z - 19 (共通)

### 1. 研究開始当初の背景

大型二枚貝タイラギ *Atrina pectinata* sensu lato は、我が国において近年資源量が著しく低下している(漁獲量は 1980 年前後の 1/50)。このため準絶滅危惧種として緊急の資源保全を要し、国と九州 4 県で種苗生産技術開発事業が実施されるなど、漁獲量復活のニーズは高く、移殖による資源補強を図る要望もある。しかしタイラギ増殖のためには遺伝子攪乱(遺伝子汚染)への対策が必要である。

日本産タイラギは、主として貝殻鱗棘突起の有無により、有鱗型(Scaly form, 以降 SC と略記)と無鱗型(Non-scaly form, NS)に分けられている。最近、これらとは別種と考えられる、ミトコンドリア DNA(mtDNA)の L6 タイプ(後述)を持つ個体群が発見されたが(Liu *et al.* 2011; 本課題)本種についてはここでは考慮しない NS と SC は別種であるとされている(横川 1996)。Liu *et al.* (2011) が定義している、西太平洋のタイラギ類(*A. pectinata* s.l.)における mtDNA の 6 タイプ(系統; L1 から L6)に従うと、NS が L1, SC が L2 という明らかに異なるタイプを持つことが多く、このことは別種説を支持する。しかし両者の同所的分布域では、貝殻形態が曖昧な中間型が頻繁に見つかる。さらに貝殻形態と mtDNA タイプが一致しない個体(例えば形態上典型的な SC が L1 を持つ)も存在する(Hahimoto *et al.* 2018)。中間型は NS と SC 間の交雑により生じた個体で、形態と mtDNA タイプの不一致は遺伝子浸透(雑種 F1 を介した種間の遺伝子流動)により生じたものと仮定できるが、科学的検証が進んでいない。

タイラギ増殖上、NS-SC 間で交雑・遺伝子移入が生じているのかを明らかにする必要がある。それは、前記仮定が真である時、交雑や遺伝子浸透のパターン(遺伝子浸透は一方向か双方向か)の情報無しに、一方の生息域へ他方の個体群が無分別に大量移植されることにより、人為的な交雑・遺伝子浸透(遺伝子攪乱)を通じた純種崩壊を導くおそれがあるためである。

### 2. 研究の目的

本課題では、核 DNA 上の一塩基多型(SNP)と mtDNA 解析を併用し、NS-SC 間の自然交雑・遺伝子浸透を検証する。

### 3. 研究の方法

#### 3-1. サンプル

日本各地から、タイラギの集団サンプルを収集した(図 1; 5 地点 382 個体)。このうち、函館と日間賀島では、現在、貝殻形態が典型的 NS しか見られず、五島と佐賀県(有明海)では SC しか見られない。ただし有明海については、地元の漁業従事者によると、かつては NS も見られたという情報がある。瀬戸内海では両者が同所的にみられる。

#### 3-2. ミトコンドリア DNA 解析

得られたサンプルからゲノム DNA を抽出し、無脊椎動物用のユニバーサル COI-PCR プライマー(Folmer *et al.* 1994)を用いて、すべての個体について mtDNA の COI 領域の部分塩基配列を決定した(611 塩基分)。

#### 3-3. 核 DNA の SNP 解析

SNP 解析法として、RADseq 法(Baird *et al.* 2008)を用いた。この方法では、ゲノム DNA を特定の塩基配列(RE 配列)を認識して消化する制限酵素で処理し、RE 配列の両側の短い領域(通常 70-150 塩基程度)の塩基配列を次世代型 DNA シーケンサーで決定することにより、それらの領域上の SNP サイトを同定する。本課題では、8 塩基の RE 配列(5'-CCTGCAGG-3')を認識する制限酵素 *SbfI* を用いた。なお未公表のタイラギ(NS)ドラフトゲノムに基づくと、そのゲノム上には 3,915 の *SbfI*-RE 配列が存在する。RADseq ライブラリーは、Sekino *et al.* (2016) の方法を改良して作製した。得られたシーケンスリードを 70 塩基分にトリムし、ソフトウェア BWA(Li and Durbin 2009)を用いてドラフトゲノムにマッピングした(ミスマッチ ≤ 4 塩基)。複数の領域にマッピングされたリードを除外し、ソフトウェア Stacks(Catchen *et al.* 2011)を用いて SNP サイトの同定およびアリルコールを行った。マイナーアリルの頻度が 0.05 を超えないサイトは、シーケンスエラー除去の目的で除外した。

後述のように、函館と日間賀島の全個体の mtDNA は、すべて NS が持つ L1、五島と佐賀のサンプルでは、すべて SC が持つ L2 であった。一方、香川のサンプルは、形態が NS と SC の個体および形態では分けられない個体が混在し、かつ両方の mtDNA タイプが見られた。そこで以降の解析では mtDNA タイプでグループ分けした(6 グループ: 函館-L1, 日間賀島-L1, 五島-L2, 佐賀-L2, 香川-L1, 香川-L2)。任意の個体のある SNP サイトについて、リードのカバ



レージが 30 未満の場合は、当該個体の当該 SNP サイトを欠損データとした。このフィルタリングの後、それぞれのグループの 10%以上の個体で欠損データのある SNP サイトは除外した。さらにシーケンスエラーの除去を主目的として、ハーディー・ワインベルグ平衡 (HWE) を満たさなかった SNP サイト ( $P < 0.05$ ) も除外した。種間で遺伝子浸透があれば、HWE を満たさない SNP サイトが頻発するのは当然であるため、このフィルタリングは純種の任意交配集団にしか適用できない。従って NS と SC が同所的に生息するために、交雑・遺伝子浸透の可能性がある瀬戸内海のサンプル (香川-L1 と-L2) には適用できない。また日間賀島と有明海 (佐賀) については、今回のサンプルではそれぞれ L1 と L2 しか見られなかったが、低頻度ながら貝殻形態と矛盾する mtDNA タイプが見つかったことから (日間賀島で L2, 佐賀で L1) (Hahimoto *et al.* 2018; Hashimoto *et al.* in prep.), 過去に交雑があった可能性を否定できない。一方、函館と五島産の貝殻形態はそれぞれ典型的な NS と SC であり、かつ本課題で得られたサンプルにおいて、mtDNA がそれぞれ形態と一致する L1 と L2 であった。従ってこの 2 グループの個体は純種である可能性が極めて高いと考えられたため、HWE フィルタリングを適用した。さらに物理的に連鎖している SNP サイトを除外するため、ドラフトゲノムの同一コンティグ上で 5 kb 以内に 2 個以上の SNP サイトが存在していた場合は、それらのサイトから 1 個だけをランダムに選択した。

上記のファイルタリングの後、ソフトウェア Arlequin (Excoffier and Lischer 2010) を用いて、グループ間の遺伝的異質性の指標として  $F_{ST}$  を求めた。各個体の遺伝的類縁関係を推定するため、SNP ジェノタイプに基づく主成分分析 (PCA) を行った (ソフトウェア ADEGENET; Jombart and Ahmed 2011)。各個体のゲノムにおける NS と SC の DNA の混合率を求めるため、ソフトウェア Structure (Pritchard *et al.* 2000) によるベジアンクラスタリングを行った (burn-in, 50,000; iterations, 250,000)。この解析では、グループ分けの事前情報なしに、最も尤度の高い分集団数  $K$  を求めた上で各個体のクラスタリングを行った。ソフトウェア EasyParallel (Zhao *et al.* 2020) と NewHybrids (Anderson and Thompson 2002) を使い、サンプル中の、最近の交雑の結果生じた個体、すなわち NS と SC の第一世代雑種 (F1)、第二世代雑種 (F2)、NS への戻し交配個体 (BC1-NS) および SC への戻し交配個体 (BC1-SC) の 4 つのクラス存在の有無を調べた (burn-in, 50,000; sweeps, 250,000)。この解析では、前記のように函館のサンプルを NS の純種、五島のサンプルを SC の純種と仮定した (NewHybrids の "z" オプション)。

## 4. 研究成果

### 4 - 1. ミトコンドリア DNA 解析

RADseq 法で十分なデータが取得できなかった個体は (函館 1 個体, 香川 16 個体), mtDNA 解析から除外した。その結果、五島 ( $N = 33$ ) と佐賀 ( $N = 40$ ) の全個体は L2 タイプ、函館 ( $N = 45$ ) と日間賀島 ( $N = 35$ ) の全個体は L1 タイプを有していた。香川では、L1 ( $N = 111$ ) と L2 ( $N = 75$ ) に加え、26 個体がこれまで大分県蒲江でしか確認されていない L6 を有していた。

### 4 - 2. 核 DNA の SNP 解析

香川で見られた mtDNA の L6 タイプを持つ個体について、RAD 法で得られたシーケンスリードをドラフトゲノムにマッピングしたところ、ドラフトゲノムとは大きな塩基配列の差異があり、マッピングされたリードが著しく少なかったため、以降の遺伝統計解析から除外した。SNP サイトのフィルタリングをパスしたのは 1,343 サイトであった。五島-L2 および佐賀-L2 グループと、函館-L1 および日間賀島-L1 グループの間では、アレルが完全置換しているサイトが 300 以上認められた。一方、香川-L1 と香川-L2 は、他のグループとの間で完全置換しているサイトは認められなかった。グループ間の  $F_{ST}$  値は、すべての組み合わせで有意であった。香川-L1 と他の L1 グループの  $F_{ST}$  値 (0.055 と 0.058) は、日間賀島-L1 と函館-L1 間の値 (0.003) よりも 20 倍程度高かった。また香川-L1 と L2 グループの値 (0.643-0.729) は、他の L1 グループと L2 グループ間の値 (0.761-0.890) よりも 0.1 以上低かった。香川-L2 については、L1 グループとの間の値は 0.643-0.769 であり、他の L2 グループと L1 グループとの間の値 (0.723-0.890) よりも 0.1 程度低かった。すなわち他の L1 および L2 グループと比べると、香川-L1 はより L2 グループに、香川-L2 はより L1 グループに近いと言える。五島-L2、佐賀-L2、函館-L1 および日間賀島-L1 グループの多型サイトは、全サイトのうち約 30-55% であったが、香川-L1 と香川-L2 ではほぼすべてのサイト (それぞれ 99.9% と 97.9%) で多型が認められた。ある二種において、アレルが完全置換している SNP サイト (両種でホモ接合) が存在する時、その異種間で交雑/遺伝子浸透があれば、片方の種に特異的なアレルが他方の種に浸透していくことにより、そのサイトは多型性を示すことになる。従って香川-L1 と-L2 で見られた多型サイト数の多さは、SC (L2) と NS (L1) の間での交雑/遺伝子浸透を仮定すれば説明できる。このことは、香川-L1 と-L2 は、他グループとすべてのサイトでアレルを共有していたことと、 $F_{ST}$  について、それぞれ L2 と L1 グループとの値がより低かったことから支持される。

個体間の遺伝的類縁関係を PCA プロットにより二次元平面状に表現した (図 2)。五島-L2 と佐賀-L2 グループのすべての個体は図の左方、函館-L1 と日間賀島-L1 グループのすべての個体は右方に明瞭にクラスタリングされた。それぞれをクラスター-SC および NS とすると、香川-L1 および-L2 グループの中には、両クラスターの間位置づけられる個体が認められた。また香川-L1 のうち 3 個体は、mtDNA が L1 タイプであるにも関わらず、クラスター-SC に含まれた。

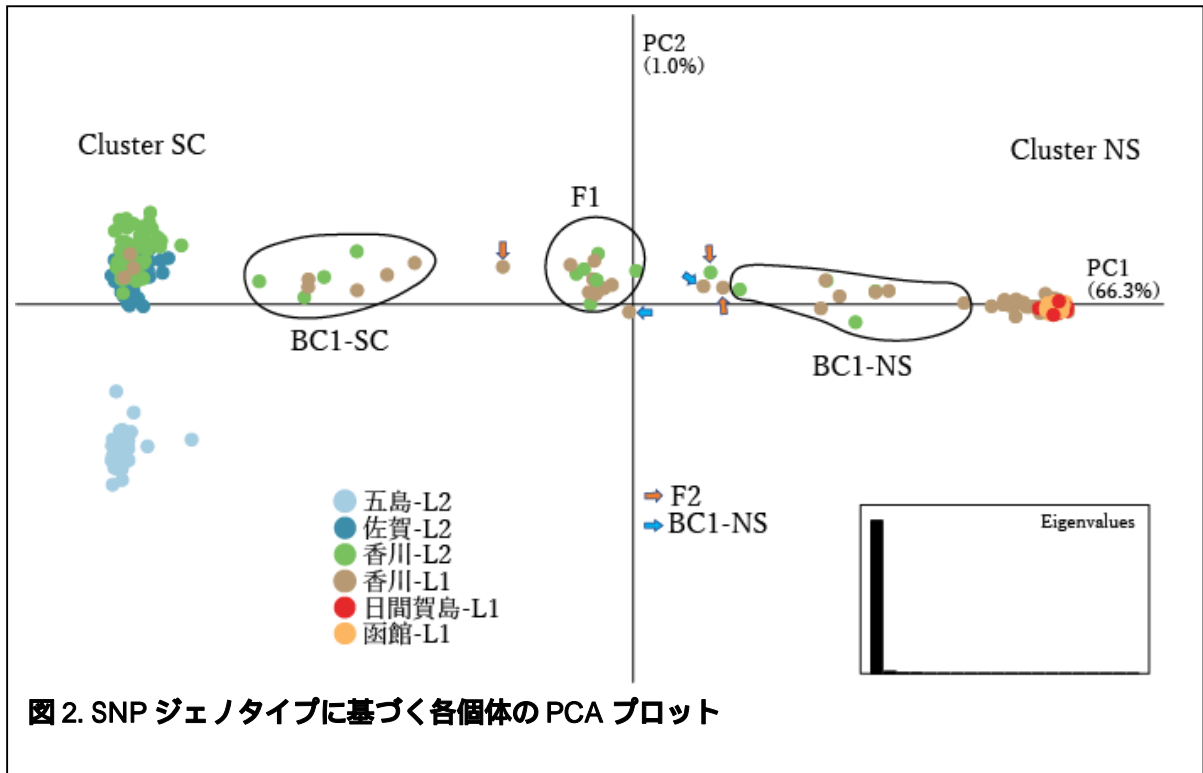


図 2. SNP ジェノタイプに基づく各個体の PCA プロット

EasyParallel/NewHybrids 解析によると(函館-L1 は NS, 五島-L2 グループは SC の純種と仮定), 日間賀島-L1 と佐賀-L2 の全個体は, 事後確率が 1.00 でそれぞれ NS と SC の純種とみなされた. 一方, 香川-L1 と-L2 では, 事後確率がほぼ 1.00 で (1 個体のみ 0.96) 14 個体が F1, 3 個体が F2, 12 個体が BC1-NS および 9 個体が BC1-SC と推定され, これらは PCA プロット上で, クラスタ SC と NS の間に位置づけられた個体であった(図 2). なお, BC1-NS と推定された個体の中には, F1 あるいは F2 との判別が困難な個体があった(図 2). これらの個体のクラス分けには曖昧さが残るものの, 少なくとも純種ではないと言える. また上記の mtDNA が L1 でクラスタ SC に位置づけられた 3 個体は, この解析では SC の純種とみなされた. この現象は, 過去の交雑の名残によるもので, 過去に SC に NS の DNA が流入したが, その後何世代にもわたる SC 内の交配により, 流入した NS の核 DNA の割合は検出できないほど低くなっているものと考えられる.

Structure 解析では, 指標  $\Delta K$  (Evanno *et al.* 2005) に基づき,  $K=2$  を適用してクラスタリングを行った(図 3). この図の縦軸は帰属係数  $q$  である. この値は, ある個体のゲノムがどの分集団(この場合は 2 つの分集団)由来であることを示す. 函館-L1 および日間賀島-L1 の全個体のゲノムは, 99.9% 以上が黄色の分集団由来の DNA で占められ, 五島-L2 および佐賀-L2 の全個体のゲノムは, 94.4% 以上が赤色の分集団由来の DNA で占められていた. したがって,  $q$  の赤色の部分が NS の DNA が占める割合, 黄色の部分が SC の DNA が占める割合と考えることができる. 香川-L1 と-L2 の個体の中には, 両者の DNA を持つ個体が高頻度に認められたことから, 交雑・遺伝子浸透が生じていることが示唆された.

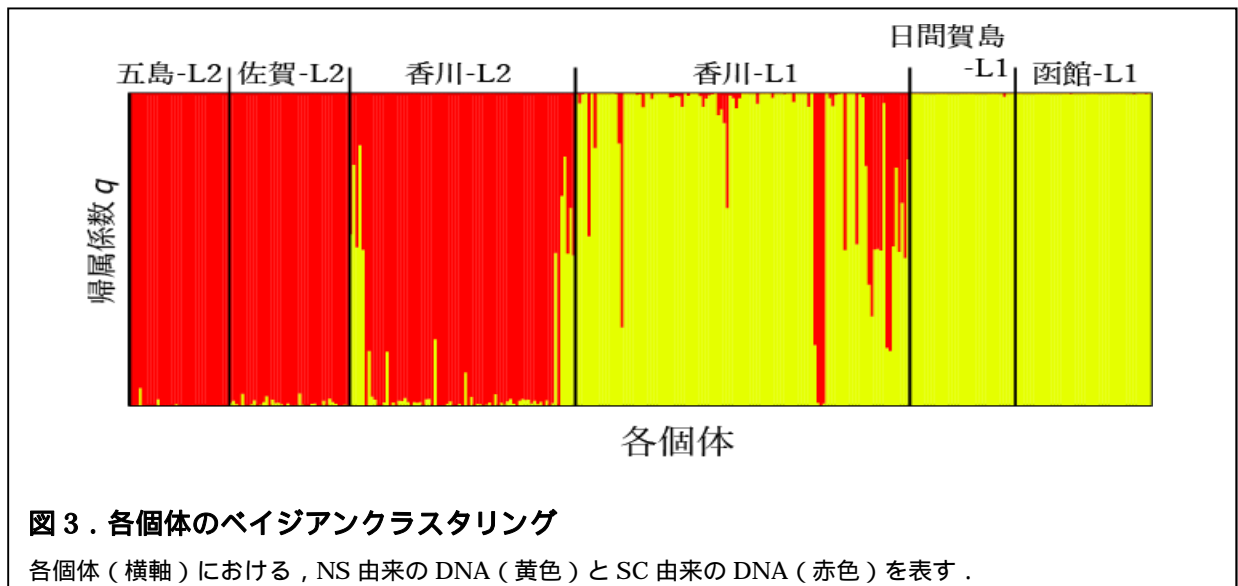


図 3. 各個体のベイジアンクラスタリング

各個体 (横軸) における, NS 由来の DNA (黄色) と SC 由来の DNA (赤色) を表す.

#### 4 - 3 . おわりに

以上の結果から、瀬戸内海のタイラギでは交雑・遺伝子浸透が起こっているが、NS と SC の間でランダム交配が行われているわけではなく、一定の隔離が維持される環境的・生物的メカニズムがあるものと考えられる。現時点でそのメカニズムが不明である以上、純種の維持・保全のためには、NC の生息地への SC の移植、あるいはその逆は、行うべきではない。また瀬戸内海においては、貝殻形態や mtDNA による種判別では、純粋な NS あるいは SC を同定することが困難であることが分かった。したがって、瀬戸内海産の個体を他の純種生息域へ移植することは避けるべきである。

#### <引用文献>

- Anderson EC, Thompson EA (2002) A model-based method for identifying species hybrids using multilocus genetic data. *Genetics* 160:1217–1229
- Baird NA, Etter PD, Atwood TS, Currey MC, Shiver AL, Lewis ZA, Selker EU, Cresko WA, Johnson EA (2008) Rapid SNP discovery and genetic mapping using sequenced RAD markers. *PLoS ONE* 3: e3376
- Catchen JM, Amores A, Hohenlohe P, Cresko W, Postlethwait JH (2011) Stacks: building and genotyping loci de novo from short-read sequences. *3G Genes/Genomes/Genetics* 1:171–182
- Evanno G, Regnaut S, Goudet J (2005) Detecting the number of clusters of individuals using the software STRUCTURE: a simulation study. *Molecular Ecology* 14:2611–2620
- Excoffier L, Lischer HEL (2010) Arlequin suite ver 3.5: A new series of programs to perform population genetics analyses under Linux and Windows. *Molecular Ecology Resources* 10:564–567
- Folmer O, Black M, Hoeh W, Lutz R, Vrijenhoek R (1994) DNA primers for amplification of mitochondrial cytochrome *c* oxidase subunit I from diverse metazoan invertebrate. *Molecular Marine Biology and Biotechnology* 3: 294–299.
- Jombart T and Ahmed I (2011) *adegenet 1.3-1*: new tools for the analysis of genome-wide SNP data. *Bioinformatics* 27: 3070–3071
- Li H and Durbin R (2009) Fast and accurate short read alignment with Burrows-Wheeler Transform. *Bioinformatics* 25:1754–1760
- 横川浩治 (1996) タイラギ 2 型の遺伝的分化 . *VENUS* 55:25–39
- Hashimoto K, Yamada K, Nagae A, Matsuyama Y (2018) Lineage specific detection of the scaly form of the pen shell *Atrina* spp. by a loop-mediated isothermal amplification method. *Fisheries Science* 84:837–848
- Liu J, Li Q, Kong L, Zheng X (2011) Cryptic diversity in the pen shell *Atrina pectinata* (Bivalvia: Pinnidae): high divergence and hybridization revealed by molecular and morphological data. *Molecular Ecology* 20:4332–4345
- Pritchard JK, Stephens M, Donnelly P (2000) Inference of population structure using multilocus genotype data. *Genetics* 155:945–959
- Sekino M, Nakamichi R, Iwasaki Y, Tanabe AS, Fujiwara A, Yasuie M, Shiraishi M, Saitoh K (2016) A new resource of single nucleotide polymorphisms in the Japanese eel *Anguilla japonica* derived from restriction site-associated DNA. *Ichthyological Research* 63:496–504
- Zhao H, Beck B, Fuller A, Peatman E (2020) EasyParallel: A GUI platform for parallelization of STRUCTURE and NEWHYBRIDS analyses. *PLoS ONE* 15: e0232110

5. 主な発表論文等

〔雑誌論文〕 計6件（うち査読付論文 5件/うち国際共著 0件/うちオープンアクセス 2件）

1. 著者名 Hashimoto K, Yamada K, Nagae A, Matsuyama Y	4. 巻 84
2. 論文標題 Lineage specific detection of the scaly form of the pen shell <i>Atrina</i> spp. by a loop-mediated isothermal amplification method	5. 発行年 2018年
3. 雑誌名 Fisheries Science	6. 最初と最後の頁 837-848
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） <a href="https://doi.org/10.1007/s12562-018-1231-4">https://doi.org/10.1007/s12562-018-1231-4</a>	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 -

1. 著者名 Uchino T, Hosoda E, Nakamura Y, Yasuike M, Mekuchi M, Sekino M, Fujiwara A, Sugaya T, Tanaka Y, Kumon K, Agawa Y, Sawada Y, Sano M, Sakamoto T	4. 巻 49
2. 論文標題 Genotyping-by-sequencing for construction of a new genetic linkage map and QTL analysis of growth-related traits in Pacific bluefin tuna	5. 発行年 2018年
3. 雑誌名 Aquaculture Research	6. 最初と最後の頁 1293-1301
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） <a href="https://doi.org/10.1111/are.13584">https://doi.org/10.1111/are.13584</a>	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている（また、その予定である）	国際共著 -

1. 著者名 關野正志・藤原篤志・橋本和正・山田勝雅・佐々木猛智	4. 巻 15
2. 論文標題 DNA多型でみるタイラギ二種の違い	5. 発行年 2017年
3. 雑誌名 平成28年度中央水産研究所主要成果集「研究のうごき」	6. 最初と最後の頁 13-13
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） なし	査読の有無 無
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 -

1. 著者名 關野正志, 中道礼一郎・藤原篤志・西木一生・松原和純・岩崎裕貴・鈴木伸明	4. 巻 46
2. 論文標題 DNA親子判別における一塩基多型(SNPs)の有効性の検証	5. 発行年 2017年
3. 雑誌名 水産育種	6. 最初と最後の頁 79-85
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） なし	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 -

1. 著者名 Kurihara T, Nakano S, Matsuyama Y, Hashimoto K, Yamada K, Ito A, Kanematsu M	4. 巻 10
2. 論文標題 Survival time of juvenile pen shell <i>Atrina pectinata</i> (Bivalvia: Pinnidae) in hyposaline water	5. 発行年 2018年
3. 雑誌名 International Aquatic Research	6. 最初と最後の頁 1-11
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) <a href="https://doi.org/10.1007/s40071-017-0183-0">https://doi.org/10.1007/s40071-017-0183-0</a>	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 -

1. 著者名 Masashi Sekino, Reiichiro Nakamichi, Yuki Iwasaki (他5名)	4. 巻 63
2. 論文標題 A new resource of single nucleotide polymorphisms in the Japanese eel <i>Anguilla japonica</i> derived from restriction site-associated DNA	5. 発行年 2016年
3. 雑誌名 Ichthyological Research	6. 最初と最後の頁 496-504
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1007/s10228-016-0518-7	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 -

〔学会発表〕 計10件 (うち招待講演 0件 / うち国際学会 3件)

1. 発表者名 栗原健夫, 松山幸彦, 橋本和正, 坂本達也, 長副聡, 岡村和磨, 中野昌次, 速水祐一, 山口創一
2. 発表標題 有明海におけるタイラギの移植適水域
3. 学会等名 2018年日本プランクトン学会・ベントス学会合同大会
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 4) 山田勝雅, 小森田智大, 宮本 康, 石松将武, Wachirah Jaingam, 堤 裕昭, 逸見泰久
2. 発表標題 貧酸素水塊の移入に対するベントス群集の応答: 群集形成パターンの評価
3. 学会等名 日本プランクトン学会・日本ベントス学会合同大会
4. 発表年 2018年



1. 発表者名 山田勝雅
2. 発表標題 汽水域の漁獲ベントスの時空間動態からメタ個体群動態を推定する
3. 学会等名 第130回汽水域懇談会
4. 発表年 2017年

1. 発表者名 Yamada K, Komorita T, Takenaka R, Morokuma T, Kuroki Y, Uchikawa J
2. 発表標題 Community structure of benthic infauna in relation to spatial scale resolutions at Midorikawa-River tidal flats of Ariake Bay, Kyusyu, Japan: focusing on nested community structure.
3. 学会等名 The 3rd Asian Marine Biology Symposium (国際学会)
4. 発表年 2017年

1. 発表者名 関野正志・藤原篤志・中村洋路(他9名)
2. 発表標題 RAD-SNPに基づく有鱗型・無鱗型タイラギ間の遺伝的差異
3. 学会等名 H29度日本水産学会春季大会
4. 発表年 2017年

1. 発表者名 Kazumasa Hashimoto, Katsumasa Yamada, Masashi Sekino, Takenori Sasaki (他4名)
2. 発表標題 Genotype identification of the pen shell <i>Atrina pectinata</i> by using LAMP method
3. 学会等名 The 7th World Fisheries Congress (国際学会)
4. 発表年 2016年



1. 発表者名 橋本和正・中野昌次・山田勝雅（他2名）
2. 発表標題 タイラギ外套膜から綿棒で採取できるDNA量の推定
3. 学会等名 H29度日本水産学会春季大会
4. 発表年 2017年

1. 発表者名 山田勝雅, 長田穰, 中野善, 岡村和麿
2. 発表標題 状態空間モデルによる個体群動態の推定：有明海の二枚貝資源量はなぜ減少したのか？
3. 学会等名 第64回日本生態学会
4. 発表年 2017年

1. 発表者名 Katsumasa Yamada, Kazumasa Hashimoto, Masashi Sekino, Takenori Sasaki
2. 発表標題 Shell morphs-variations among distinct genotypes of the pen shell <i>Atrina pectinata</i>
3. 学会等名 The 7th World Fisheries Congress (国際学会)
4. 発表年 2016年

1. 発表者名 橋本和正・永江 彬・中野昌次・山田勝雅・松山幸彦
2. 発表標題 タイラギ親貝の非破壊的遺伝子型判別手法の開発
3. 学会等名 H29度日本水産学会春季大会
4. 発表年 2017年

〔図書〕 計0件

〔産業財産権〕

〔その他〕

-

6. 研究組織

	氏名 (ローマ字氏名) (研究者番号)	所属研究機関・部局・職 (機関番号)	備考
研究分担者	藤原 篤志 (Fujiwara Atsushi)  (30443352)	国立研究開発法人水産研究・教育機構・中央水産研究所・主幹研究員  (82708)	
研究分担者	橋本 和正 (Hashimoto Kazumasa)  (40372007)	国立研究開発法人水産研究・教育機構・西海区水産研究所・主任研究員  (82708)	
研究分担者	佐々木 猛智 (Sasaki Takenori)  (70313195)	東京大学・総合研究博物館・准教授  (12601)	
研究分担者	山田 勝雅 (Yamada Katsumasa)  (80569195)	熊本大学・くまもと水循環・減災研究教育センター・特任助教  (17401)	