

養殖クロマグロ *Thunnus orientalis* の遺伝的多様性と家系判別

小林 徹¹, 阿川泰夫², 澤田好史²

(人工種苗グループ)

¹近畿大学大学院農学研究科,²近畿大学水産研究所

近畿大学のクロマグロ (*Thunnus orientalis*) 養殖では、現在 3 世代目が養成されており、衝突死防止など仔稚魚養成技術の改善がはかられつつあることからその飼育養成管理は今のところ順調に推移している。しかし、種苗供給のための採卵は比較的少数の系統から行われ、養成されているすべての親魚個体が産卵するかどうか疑問視されている。このような、限られた再生産集団の中で交配が繰り返されると、遺伝的多様性が低下し、環境適応力の低下、死亡率の上昇、および個体群サイズの縮小に繋がることから養殖クロマグロを市場に安定して供給できなくなるおそれがある。このため、現在養成中のクロマグロ系統の家系を判別し、産卵している親魚の数を知ることで、継代される系統の遺伝的多様性の推移を監視する必要がある。そこで本研究では ISSR (Inter-Simple Sequence Repeats) 法を用いて、天然マグロと完全養殖クロマグロの遺伝的多様度の比較を行った。

材料および方法

実験には近畿大学水産研究所奄美大島実験場で 1 回に産出された完全養殖クロマグロ仔魚 8 尾 (AM)、また近畿大学水産研究所串本・大島実験場で採捕された天然クロマグロ 28 尾 (ON) を用いた。各材料魚から抽出した粗全 DNA を用い、6 種類の ISSR プライマー 810(GA)8T、811(GA)8C、815(CT)8G、819(GT)8A、836(AG)8YA、

840(GA)8YT を用いた PCR を行った。増幅した

DNA は TBE Buffer 2% アガロースゲル電気泳動にかけ増幅断片を検出した。それらの泳動画像は電気泳動パターン解析ソフトウェア FPQuest を用いて解析し、遺伝的非類似度 (Genetic Dissimilarity) をピアソン積率相関係数を用いて算出して、それをもとに系統樹を作成した。

結果および考察

下表で示されるように、AM の ON に対する遺伝的非類似度の割合は ISSR840 において最小の 27.2% を示したが、ISSR815 においては AM の遺伝的非類似度は ON よりも高い値を示した。しかし、

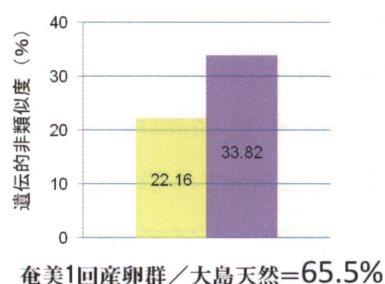


図 1. 5つのプライマーを用いたISSR分析による遺伝的非類似度の平均値

■ 奄美大島完全養殖クロマグロ ■ 串本・大島天然クロマグロ

全てのプライマーを統合した結果では両集団の遺伝的非類似度は AM が ON よりも低い値を示した。ISSR815 を除いた 5 種類のプライマーを用いた ISSR 分析による遺伝的非類似度の両集団の比較値は、ISSR810、ISSR811、ISSR819、ISSR836、ISSR840 でそれぞれ 63.8%、74.9%、31.3%、80.6%、および 27.2% であり、これらの平均

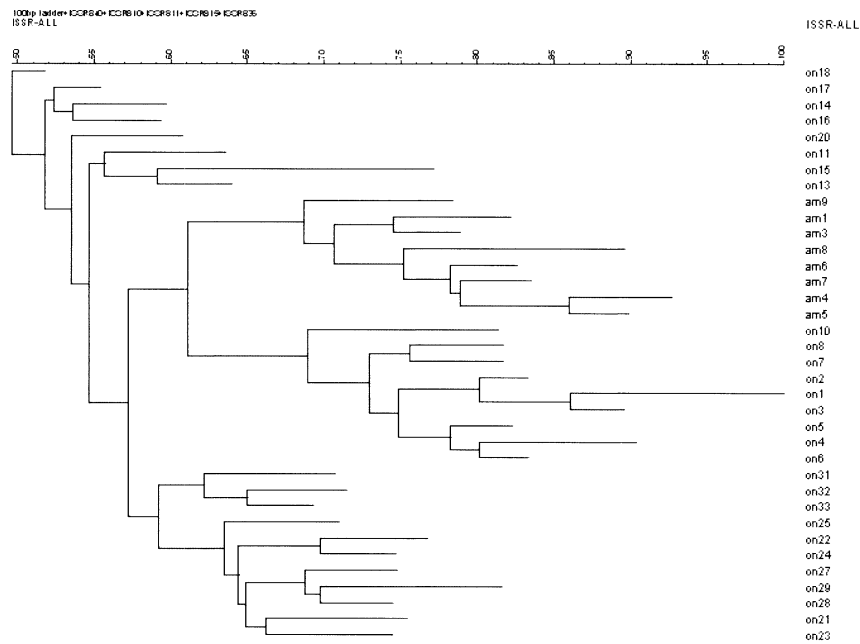


図2. すべてのプライマーから得たISSR多型データを統合した場合の奄美完全養殖1回産卵孵化仔魚8個体および串本大島天然クロマグロ28個体の系統関係を表す近隣接合法系統樹.

am: 奄美実験場親魚クロマグロ集団より1回の採卵で採取された個体
on: 串本大島沖で漁獲された天然クロマグロ個体

値は 65.5%であった(図1)。さらに 6 種類のプライマーによって作成した系統樹のうち、5 種類 (ISSR810、ISSR811、ISSR815、ISSR819、ISSR836)のプライマーを用いた場合、AM1 と AM9 の個体は全てのプライマーにおいて別のクラスターに属し(図2)、産卵群の 8 個体は少なくとも 3 家系によって構成されていることが示唆された。ISSR819, ISSR840 プライマーを用いて作成した系統樹から今回用いた 1 回分の産出卵由来の仔魚 8 個体は、少なくとも 2 つの家系によって構成されている可能性が考えられた。また、養殖個体間および天然個体間を比較したときの遺伝的非類似度は、天然個体間の 70%程度であることがわかった。また、養殖個体と天然個体の間では 51.7 ± 17.7 と天然個体間よりも大きな遺伝的距離

が観察された。

文 献

- Chevolot, M., J.R. Ellis, A.D. Rijnsdorp, W.T. Stam, and J.L. Olsen (2007): Multiple paternity analysis in the thornback ray *Raja clavata* L.. *Journal of Heredity* 98(7):712–715.
- Hu, J., M. Nakatani, A.G. Lalusin, T. Kuranouchi and T. Fujimura (2003): Genetic analysis of sweetpotato and wild relatives using inter-simple sequence repeats (ISSRs). *Breeding Science* 53: 297-304.
- 谷口順彦, 高木基裕(1997): DNA 多型と魚類集団の多様性解析, 魚類の DNA. 分子生物学的アプローチ(青木 宙, 隆島史夫, 平野哲也 編), 恒星社厚生閣(東京), pp.117-137.