

7. 遺伝標識技術による閉鎖性海域資源増殖推進事業

鈴木洋行・松本尚之・戸澤隆

遺伝標識 (DNA) による親子判別技術を導入し、標識が困難なナマコの放流技術開発と資源水準が危機的なホシガレイの放流魚による再生産効果の把握により、種苗放流と資源管理を組み合わせさせた効率的な資源増殖手法を検討する。

I. ナマコ

1. ミトコンドリア DNA (mtDNA) 分析

方法

ナマコの地域間の遺伝的な偏りを検討するため、県内各地で漁獲されたナマコの mtDNA 内 16Sar 領域 613-616 塩基と ColeR 領域 730 塩基の配列 (合計 1343-1346 塩基) の特定を行った。

結果

塩基配列が特定できた合計 108 個体 (大村湾海域 81 個体, 壱岐海域 9 個体, 西彼海域 10 個体, 伊万里湾海域 3 個体, 橘湾海域 5 個体) の漁獲ナマコを使って検討したが, 今回特定した mtDNA 塩基配列領域内では漁獲された地域間の遺伝的偏りは確認されなかった。

2. マイクロサテライト DNA (MSDNA) 分析

方法

ナマコの親子判別技術を検討するため, 漁獲サンプル 114 個体を用いて Psj2463, Psj2844, Psj2889, Psj2969, Psj1828, Psj2031, Psj2172, Psj2575, Psj368, Psj3072, Psj3088 の合計 11 マーカーの特性を確認した。

結果

上記マーカーの特徴 (アレル数, ヘテロ接合体率, 多型情報含有率, 識別率) は表 1 のとおりであった。

11 マーカーによる偶然一致確率は 1.28×10^{-9} であった。

表1 各マーカーの特徴

マーカー名	Psj2463	Psj2844	Psj2889	Psj2969	Psj1828	Psj2031
サンプル数	114					
アレル数	10	2	12	7	16	27
ヘテロ接合体率 (観察値)	0.412	0.105	0.728	0.526	0.649	0.719
ヘテロ接合体率 (期待値)	0.447	0.116	0.849	0.779	0.702	0.938
多型情報含有値	0.433	0.109	0.828	0.741	0.861	0.93
識別率	0.331	0.7961	0.0436	0.0888	0.1348	0.0202

マーカー名	Psj2172	Psj2575	Psj2368	Psj3072	Psj3088
サンプル数	114				
アレル数	7	6	11	19	4
ヘテロ接合体率 (観察値)	0.395	0.491	0.316	0.789	0.246
ヘテロ接合体率 (期待値)	0.578	0.472	0.849	0.849	0.261
多型情報含有値	0.542	0.433	0.615	0.833	0.236
識別率	0.2556	0.3232	0.2273	0.0431	0.5728

3. 標識放流

方法

漁業公社にて生産親が特定された状態で種苗生産された 2 群を用いて, 種苗放流を行った。

結果

表 2 のとおり放流を行った。なお, 生産親及び放流種苗については, 現在 MSDNA 分析中。

表 2 標識放流概要

放流日	生産親	放流場所	体長(mm)	放流尾数	放流水深
H28.8.8	♀ 2尾	釜川内地先	30.0	3000尾	1.8m
	♂ 1尾				
H28.11.14	♀ 2尾	釜川内地先	27.9	13000尾	1.8m
	♂ 1尾				

3. 追跡調査

方法

H27.11 に大村市地先 2 箇所 (釜川内地先, 東浦漁港沖防波堤) へ種苗放流以降, 各放流場所周辺の潜水追跡調査で得られたナマコを上記の MSDNA マーカーを用いて 2 マーカーミスマッチ許容で親子判別し, 放流ナマコ選出を試みた。

結果

全 11 マーカーでアレル検出に成功した 200 検体のうち, 放流ナマコと判断されたものは 89 検体で, それらの再捕時体長, 体重の推移は図 1, 2 のとおりであった。

成長は個体差が大きく明瞭な結果ではないが, 放流後春季には最大体長 101mm, 体重 19.68g まで成長したものの, 夏季に向けてやや小型化する傾向が伺えた。

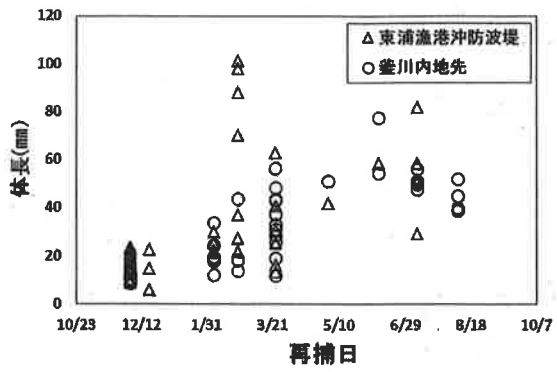


図1 放流ナマコ再捕時全長の推移

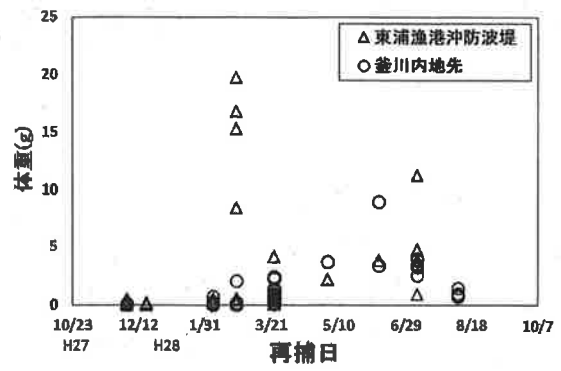


図2 放流ナマコ再捕時体重の推移

(担当：鈴木)