

アオザメの遺伝的集団構造の解明

メタデータ	言語: Japanese
	出版者: 水産研究・教育機構
	公開日: 2024-07-17
	キーワード (Ja):
	キーワード (En):
	作成者:
	メールアドレス:
	所属:
URL	https://fra.repo.nii.ac.jp/records/2009912

This work is licensed under a Creative Commons Attribution 4.0 International License.



アオザメの遺伝的集団構造の解明

水産資源研究所 水産資源研究センター 広域性資源部 まぐろ第4グループ

研究の背景・目的

1. アオザメ (*Isurus oxyrinchus*) は、商業価値が高く、日本では練り製品、欧米ではステーキとしてなじみの深い水産資源です。世界中の大洋に分布する本種は、外洋～沿岸の表層域を水平・鉛直方向に活発に遊泳することが知られています。大西洋で行われた標識放流調査では、季節的に長距離を回遊するものの、赤道を超える規模の移動は確認されていません。
2. 本種は主にまぐろはえ縄漁業で捕獲され(図1)、大



図1. はえ縄漁業で漁獲されるアオザメ

西洋では他の海域に比べて昔から水揚量が多く(図2)、日本も加盟する大西洋まぐろ類保存国際委員会 (ICCAT) による2017年の資源評価では、特に北大西洋のアオザメは「過剰漁獲であり、乱獲状態である*1」とされました。

3. 大西洋のアオザメ資源の管理が世界的な注目を集めるなかで、資源管理の指針を策定するには、まずは「アオザメの実態」をしっかりと理解しなければなりません。個体の再生産や移動などの「生態の実態」に加えて「地域間の遺伝的交流の実態」を調べることで、つまり「遺伝的集団構造の知見」が、効果的な管理を考えるうえで、基礎情報のひとつとなります。これまでの遺伝的集団構造の研究では、ミトコンドリアゲノム(ミトゲノム)約16,000塩基のうちの、ほんの一部(約1,000塩基)のDNA分析が行われてきましたが、データ量の不足から、明確な答えが得られず、「大西

洋におけるアオザメの遺伝的集団構造の解明」が急務となっていました。

4. そこで本研究では、「アオザメのミトゲノムのすべてのDNA分析を行い」、従来よりも大規模なデータに基づいて「大西洋のアオザメの遺伝的集団構造の解明」に挑みました。

研究成果

1. まず初めに、より多くの試料からミトゲノムデータを取得する準備を整えました。大量のDNA配列を一度に解析可能な、次世代シーケンサーを活用して、低コストでミトゲノムの全塩基配列を決定できる方法を確立しました。
2. この方法を、ICCATの加盟漁業国からの国際協力により、大西洋の各地から収集された、多くの試料に適用して、ミトゲノム分析を実施しました。
3. 分析の結果、大西洋のアオザメは、遺伝的に大きく異なるミトゲノム2系統からなることが判明しました(図3)。この2系統の出現頻度は大西洋の南北で大きく異なり、2系統の地理的な異質性をこれまで以上に鮮明に捉えることに成功しました。成果の一部は、ICCATの会合にて、会議文書として提出されました。

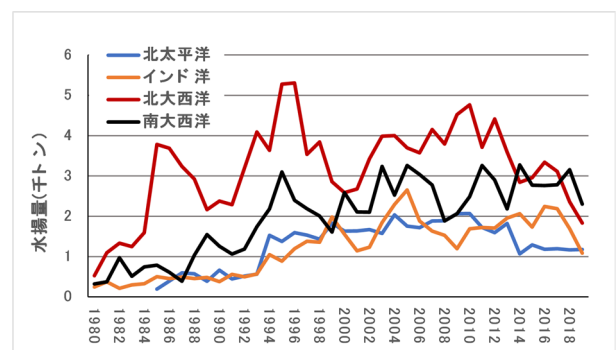


図2. 各大洋におけるアオザメの水揚量 (ICCAT等の各海域のかつお・まぐろ類の地域漁業管理機関が公表する統計量をもとに作成)

波及効果

1. 次世代シーケンサーによる低コスト・ミトゲノム決定法をアオザメで確立し、世界各国と共同で資源評価・管理の高度化のための基礎的知見を得ることがで

*1:過剰漁獲とは、「ある資源に掛かる漁獲圧力が、適切と考えられる水準よりも高くなること」、乱獲とは「漁獲が続くことにより、これ以下では資源状態が適切ではない、と考えられる資源量を下回った状況」をさす。

きました。

2. 大西洋のアオザメのミトゲノム2系統の地理的な異質性が鮮明になったことから、それぞれの地域の中で再生産が行われている可能性が示唆されました。資源状態の悪化が懸念されている北大西洋のアオザメを効果的に保全するためには、大西洋を南北に分けるといった地域ベースの資源管理が必要になるものと考えられます。
3. 本研究の成果は、大西洋のアオザメに関する国際的な資源管理の枠組みの議論において、本種の保全・管理措置の議論の拠り所(科学的根拠)として直接的に貢献することが期待されます。

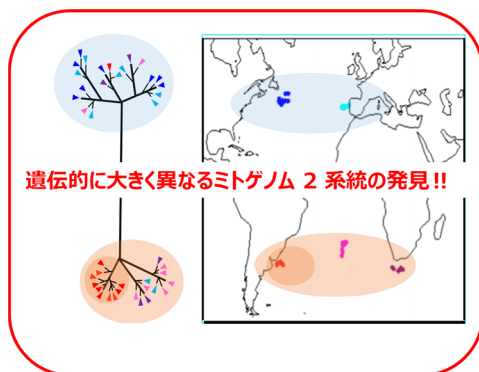


図3. 各個体のミトゲノムデータに基づく樹形図(左)と採集地点(右)