

ニゴロブナの遺伝的多様性の評価				
<p>[要約]</p> <p>ニゴロブナの遺伝的多様性の解析には、<u>ミトコンドリア DNA 調節領域前半部分</u>を用いた<u>直接塩基配列決定法</u>が有効であることが分かった。<u>放流種苗</u>と<u>天然魚</u>について422塩基対を決定したところ、両群間の F_{ST} 値に有意差が認められ、遺伝的多様性に違いがある可能性が示唆された。</p>				
磯田能年（栽培技術担当）中山耕至（京大フィールド研セ）			[実施期間] 平成16年度	
[部会] 水産	[分野] 環境保全型技術	[予算区分] 県単	[成果分類]	研究

[背景・ねらい]

現在ニゴロブナの資源回復対策の一つとして種苗放流事業が行われているが、その一方で天然資源の遺伝的多様性減少などの影響を危惧する声も多い。しかし、これまで遺伝的多様性に関する調査・研究はほとんど行われていない。

そこで本研究ではニゴロブナの遺伝学的知見を集積・評価するため、進化速度が非常に大きく、変異が蓄積されやすいミトコンドリア DNA の調節領域を用いた分析手法を検討した。また、放流種苗と天然魚の遺伝的多様性を予備的に比較した。

[成果の内容・特徴]

- 1 ニゴロブナのミトコンドリア DNA 調節領域前半部分を含む領域を、ユニバーサルプライマーを用いてPCR法により増幅できることが確認された。
- 2 PCR産物の塩基配列を決定した結果多型が認められ、直接塩基配列決定法がニゴロブナの遺伝的多様性の解析に有効であることが分かった。
- 3 2004年7月放流の2cm種苗157個体と、2005年1月に安曇川沖で採集された天然魚95個体について、422塩基対を決定したところ、多型サイトは20個あり、12個のハプロタイプが確認された。（表1、図1）
- 4 遺伝的多様性の指標となるハプロタイプ多様度、塩基多様度は放流種苗でそれぞれ、0.5203、0.0105、天然魚では、0.7012、0.0079であった。（表2）
- 5 種苗と天然魚の F_{ST} 値に有意差が認められ ($P < 0.05$)、両群の遺伝的多様性に違いがある可能性が示唆された。

[成果の活用面・留意点]

放流による天然魚の遺伝的多様性への影響があるかどうかの問題で、そのためには天然魚の遺伝的多様性の経年変化を調べなければならない。

[具体的データ]

表1 ハプロタイプ間の多型サイト

ハプロタイプ	多型サイト																			
	73	122	129	173	183	185	194	206	228	235	265	309	310	342	343	351	358	378	385	398
hpt1	A	C	A	A	T	C	G	A	T	A	T	C	A	-	G	A	C	A	T	C
hpt2	G	.	.	.	A	T	A	.	.	G	.	.	.	A	.	.	T	.	.	.
hpt3	.	T	G	G	.	.	A	.	.	G	C	.	.	A	.	.	.	G	C	.
hpt4	A	-
hpt5	G	.	.	.	A	.	A	T	.	G	.	.	.	A	T
hpt6	A	G	-	A
hpt7	A	.	.	.	C	A	.	G	.	G	.	.
hpt8	G	.	.	.	A	.	A	.	.	G	.	.	.	A	T
hpt9	G	T	.	.	A	T	A	.	.	G	.	.	.	A	.	.	T	.	.	.
hpt10	.	T	G	G	.	.	A	C	.	A	C	.
hpt11	G	.	.	.	A	T	A	.	.	G	.	T	.	A	.	.	T	.	.	.
hpt12	G	.	.	.	A	T	A	.	.	G	.	.	.	A	.	.	T	.	.	T

・は最上段と同じ塩基を表す。-は挿入または欠失を表す。

図1 ハプロタイプ組成

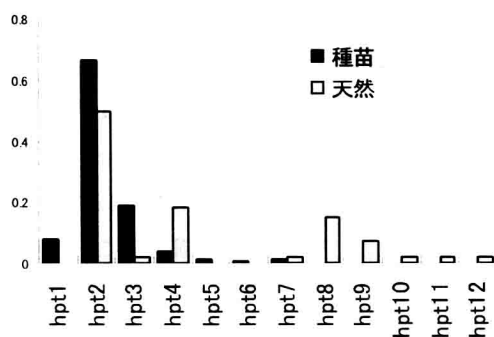


表2 ハプロタイプ多様度・塩基多様度

	種苗	天然魚
サンプル数	157	95
ハプロタイプ数	8	9
多型サイト数	18	17
転位サイト数	15	15
転換サイト数	2	1
挿入・欠失数	1	1
ハプロタイプ多様度	0.5203±0.0382	0.7012±0.0397
塩基多様度	0.0105±0.0086	0.0079±0.0045

[その他]

・研究課題名

大課題名：琵琶湖の水質・生態系保全に配慮した特色ある農林水産技術の開発

中課題名：安定的な水産資源の増殖技術の確立

・研究担当者名

磯田能年 (H16)

・その他特記事項