

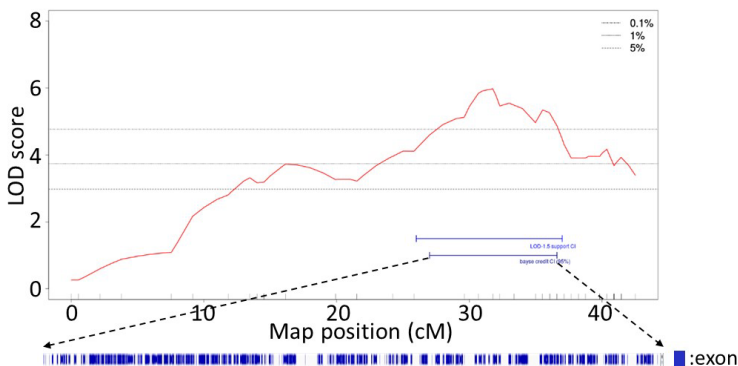
ブリのゲノム育種手法の開発

技術開発のねらい

ブリ類を養殖している生産者の多くは、種苗である「モジャコ」の多くを天然から採捕して利用しています。つまり一代限りの生産がほとんどで、継代して優れた形質を選び出して生産性を向上させるという遺伝育種の行為は含まれていませんでした。日本の養殖産業が成長産業となるためには、表現形質の改良によってブリ養殖の生産性を高めて国際競争力を強化することが不可欠です。本技術開発の目的はゲノム育種といわれる選抜手法である量的遺伝子座の特定とマーカーアシスト選抜法 (QTL-MAS 法) およびゲノム育種価予測・選抜法 (GP/GS 法) を行い、選抜手法の効率化と予測精度の検証、並びにブリの高成長系統の確立を行いました。さらに、優良系統確立後の保存技術の開発を行いました。

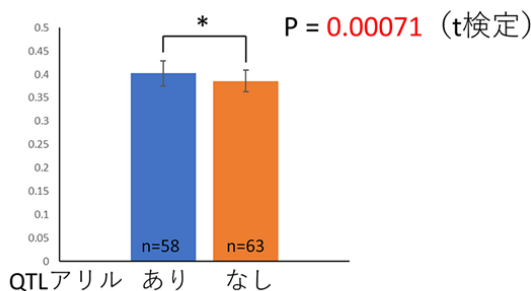
開発成果の特長：

高成長に関連する責任遺伝子を推定することを目的として、成長率に関連するゲノム領域に位置する遺伝子座 (QTL) を特定しました (図1)。それら遺伝子座の情報をもとにマーカーアシスト選抜を行ったところ、QTLの有無による成長差が確認できました (図2)。また、ゲノム育種価予測 (GBLUP) は、通常の家系情報による育種価を用いる予測 (PBLUP) よりも高い精度で優良個体を選抜できることを検証しました (図3)。



- ・ QTL領域内に位置する予測遺伝子：約350個
 - ・ 親魚の全ゲノムリシーケンスによって得られた新規SNPマーカー
- QTLの95%信頼区間に位置するSNP: 16,764
候補遺伝子の予測exonに位置するSNP: 637

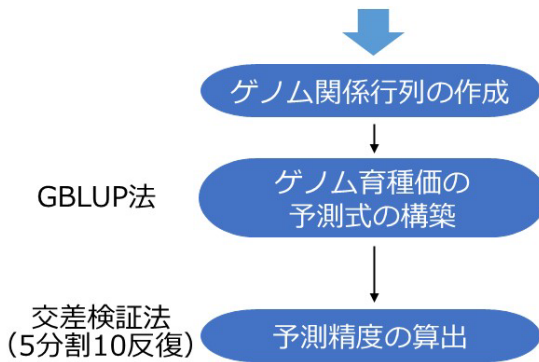
図1 成長率に関連する QTL 領域の詳細化



➡ MASの効果が出ている

図2 成長率に関連する QTL の有無による成長率の差

- ・ F₁個体974尾の成長に関する表現型データ
- ・ 6,303座のSNPデータ



成長形質	遺伝率	予測精度	
		PBLUP	GBLUP
T0体長	0.26	0.50	0.62
T0体重	0.30	0.39	0.57
T0体長/体重比	0.43	0.44	0.68
T2体長	0.41	0.44	0.59
T2体重	0.40	0.55	0.63
T2体長/体重比	0.20	0.57	0.58
T4体長	0.40	0.50	0.62
T4体重	0.46	0.53	0.62
T4体長/体重比	0.36	0.41	0.54
T5体長	0.39	0.49	0.61
T5体重	0.36	0.52	0.58
T5体長/体重比	0.21	0.54	0.54
成長率 全期間	0.23	0.47	0.52
成長率 冬期	0.13	0.59	0.65

ゲノム育種価の予測精度は0.52 - 0.68を示した

図3 ゲノム育種価の予測精度の検証

今後の展開方向・見込まれる波及効果等：

開発した QTL-MAS 法と GP/GS 法を民間企業と共同で行う育種事業において活用し、国内のブリ養殖用種苗の改良を継続的に行う予定です。具体的には選抜したブリ後代家系について実際の養殖場における成長の経時的測定を行い、天然種苗と比較します。また成長と相関する SNP の特定、高成長に関与する遺伝子の推定を行い、他の魚種にも応用可能な高成長遺伝子の情報を得ます。加えて開発したブリの生殖細胞の同定、分離及び凍結保存方法を技術移転し、ブリの家系保存等に活用する予定です。

研究担当機関名：（研）水産研究・教育機構、（国）東京海洋大学、マルハニチロ（株）、（株）アクアファーム

問い合わせ先：（研）水産研究・教育機構水産技術研究所南勢拠点
電話 0599-66-1830 E-mail suisinka-nria@ml.affrc.go.jp

執筆分担（研）水産研究・教育機構 水産技術研究所 尾崎照遵