



水産ゲノム研究戦略

独立行政法人水産総合研究センター
平成 22 年 3 月

目次

I. はじめに	1
II. 水産ゲノム研究に関する基本的認識	2
1. 研究環境の整備と水産生物の全ゲノム解析	2
1) ゲノム研究環境の整備	
2) 知的財産権の確保	
3) 水産生物の全ゲノム解析	
2. 水産物の安心・安全の確保技術	4
1) 種判別、産地判別	
2) 有毒生物	
3) 貝毒	
4) 有害化学物質	
5) 遺伝子組換え水産生物 (LMO)	
3. 水産資源の調査・管理技術	6
1) 資源調査技術	
2) 資源培養技術	
4. 海洋環境の調査・管理技術	7
1) 環境評価	
2) 海洋微生物	
5. 養殖生産技術	8
1) 育種 (形質別)	
2) 育種基盤技術	
<参考>ゲノム研究以外の育種基盤技術 (各魚種の状況)	
3) 病害防除技術	
6. 水産生物由来の新素材開発	11
1) 有用物質生産	
2) レアメタル回収	
3) その他	
III. 水産ゲノム研究の今後の取り組み	13
1. 水産ゲノム研究戦略の基本方針	13
1) 戦略の主旨	
2) ゲノム研究基盤の戦略的整備	
3) 戦略の骨子	
4) 国内外の連携	
2. 具体的な取り組み	14
1) 研究環境の整備と水産生物の全ゲノム解析 (水産生物の遺伝的な情報を知る)	
2) 水産物の安心・安全の確保技術 (安全で安心な水産物を供給する)	
3) 水産資源の調査・管理技術 (水産資源を持続的に利用する)	
4) 海洋環境の調査・管理技術 (水産生物の生育環境を守る)	
5) 養殖生産技術 (優良な性質を持った水産生物を育て自給率を向上する)	
<参考>ゲノム研究以外の育種基盤技術	
6) 水産生物由来の新素材開発 (海からの恵みで環境や健康を守る)	
IV. 参考文献	21
参考資料	24
水産ゲノム研究成果の利用マップ	24
水産ゲノム研究のロードマップ	25
用語集	27
水産ゲノム研究連絡会	29

外部委員（50音順）	
内部委員	
事務局.....	
ワーキングチーム.....	
本戦略に関する問い合わせ先.....	31

I. はじめに

21 世紀は生命科学の時代であるといわれるように、近年の分子生物学的な研究手法や遺伝子解析技術の進展には目覚ましいものがある。水産研究分野においても、水産資源管理、海洋環境保全、増養殖、水産物の安全・安心の確保など、ほぼ全ての研究分野でゲノム情報を活用した研究開発が進められている。最近、これまで膨大な時間と莫大な予算が必要とされていた生物の全ゲノム解読を、短時間かつ低コストで処理する次世代型高速シーケンサーが開発され、ゲノム情報を利用した生物資源研究がますます加速度的に進展することが予想されている。このように、水産分野においても、高度なゲノム情報を基盤とした研究開発の推進という新たな時代に突入したといえ、そこから生み出される成果は水産業の構造をも革新する可能性を秘めている。

一方、日本の水産業に目を向けてみると、漁業・養殖業ともに生産量の減少、経営対数の減少と高齢化、輸入水産物の急増と価格の低迷、燃油価格や魚粉価格の高騰による生産コストの増大による不安定な経営状況、養殖業を中心に新たな感染症の発生など、極めて厳しい状況が続いている。海洋環境についても、赤潮や有毒プランクトンの発生、地球温暖化の影響の顕在化、海洋汚染、大型クラゲに代表される有害生物の大量発生など、大きな問題が次々と起こっている。ノロウイルスや産地偽装など食の安全・安心を脅かす事件なども起こっており、水産物の安全性の確保についても国民の大きな関心事となっている。また、海洋は多様な環境に適応した様々な生物が生息する遺伝資源の宝庫でもあり、将来人類の暮らしを一層豊かにしてくれる新たな有用物質の発見や新産業の創出も期待されている。このような水産業を取り巻く様々な問題を解決するための一つのツールとして、今後ゲノム研究が大きな役割を果たすものと考えられる。また、水産資源は更新可能な食料資源であるとともに、世界に冠たる健康食品であり、先端的なゲノム解析技術の活用によって水産分野の研究開発の新たな展開を促進することは、平成 21 年 12 月に閣議決定された「新成長戦略（基本方針）」において、今後我が国が進むべき経済戦略として位置づけられた、グリーン・イノベーション、ライフ・イノベーション、「安全・安心」等の国際標準化、観光立国・地域活性化戦略などの政策推進に大いに貢献するものである。

このような情勢を受け、水産研究分野におけるゲノム研究を効果的かつ効率的に推進し、水産分野で必要とされる課題に的確に対応するため、平成 21 年 7 月水産総合研究センターは学識経験者及び行政担当者も交えた「水産ゲノム研究連絡会」を立ち上げるとともに、同年 8 月には東京においてシンポジウム「海洋ゲノム情報を活用した革新的食料生産技術の開発」を開催、12 月には沖縄において「マリンゲノム国際シンポジウム」を共催するなどし、水産ゲノム研究のあり方や進むべき方向についてゲノム研究分野の専門家から行政担当者、一般市民をも巻き込んで議論を尽くしてきた。そして、それらの検討結果を踏まえ、ここに「水産ゲノム研究戦略」をとりまとめるに至った。本戦略では、ゲノム情報を活用した水産研究に求められている、①研究環境の整備と水産生物の全ゲノム解析、②水産物の安心・安全の確保技術、③水産資源の調査・管理技術、④海洋環境の調査・管理技術、⑤養殖生産技術、⑥水産生物由来の新素材開発、の各分野における、水産総合研究センターを含む国内外の取り組み状況についての基本的認識と、今後の取り組み及びそのロードマップについて記載している。今後、この戦略の積極的な活用により、水産ゲノム研究を推進する研究機関間や他分野のゲノム研究機関との一層の連携促進と、世界に先駆けたこの研究分野の強力な進展が図られ、その研究成果によって我が国の水産業のさらなる発展がもたらされることが期待される。

なお、本戦略については、今後の社会情勢の変化やゲノム研究関連技術の進展状況を踏まえ、引き続き検討を深め、必要に応じて変更を加えていく所存である。

II. 水産ゲノム研究に関する基本的認識

1. 研究環境の整備と水産生物の全ゲノム解析

1)ゲノム研究環境の整備

①施設設備

国内外では、ワシントン大学、マサチューセッツ工科大学等、セレラ社（アメリカ）、サンガーセンター等（ヨーロッパ）、シンガポール分子細胞生物学研究所（IMCB）、国立遺伝学研究所、理化学研究所等（日本）、北京ゲノムセンター（中国）等で施設整備が進んでいる。水産総合研究センター（以下、「水研センター」）では、平成21年度に水産分野で日本初の次世代型高速シーケンサー（長鎖型と短鎖型）が整備された。

②バイオインフォマティクス

国内外でゲノムブラウザ（Ensemble）等の各種システムやツールが開発されており、日進月歩で進化している（xml等）（瀬々潤・池村2008）。魚類についてもアセンブラ（フグ Jazz、ミドリフグ Arachne、メダカ Ramen）が開発されている。

③データベース

ゼブラフィッシュ、トラフグ、メダカ、ホヤ類等で整備・公開中である。生物学全体では、GenBank、DDBJ、EMBLが網羅的データベースを各種整備している。これら3大国際DNAバンクは連携して運営されている。共同活動をしているデータベースには、10万種以上の生物から抽出されたDNA塩基配列が世界中の研究機関から登録されている。データは、指数関数的に増加しており（10ヵ月で2倍のペース）、2006年8月までに、6100万以上の塩基配列（核酸塩基数として、のべ約654億個）のデータが登録された。GenBank / DDBJ / EMBL国際塩基配列データベースでは、データはすべて無料で公開されており、BLASTなどによる類似性検索サービスなども行っている。データベースの検索は、キーワードによるテキスト全文検索や生物名や各項目の検索の他、DNA塩基配列やアミノ酸配列に対する相同性検索が可能である。また、Clustal Wによる系統樹の計算と作成が出来るサービスも行っている。近年は、ヒトゲノムや微生物ゲノムに限定した検索・閲覧サービスも提供している。

日本ではライフサイエンス総合データベースセンターも運用されている。水研センターでは、水産生物情報、DNA多型、DNA鑑定、メタゲノム、ノリ資源及び組換え体鑑定について、それぞれデータベースが整備済みあるいは整備されつつある。

2)知的財産権の確保

遺伝子に関する特許登録等の知的財産権を確保することは、発明機関、発明者の国内的、国際的な権利の保護を確立し、また品種やマーカー使用、有用物質に関しての使用制限や、ロイヤリティーの支払いを回避するという防衛的な観点からも重要である。

①遺伝子機能の知的財産権

遺伝子の塩基配列情報のみでは、特許申請の案件を十分満たしていない。当該配列部分に含まれる遺伝子情報に従って合成されるタンパク質の機能が特定されることによって、特許化が可能となる。水産生物は有用物質を産生する遺伝子の宝庫と言われており、機能性食品、医薬品等への応用を含めて、特許申請等の戦略的な知財の取得が望まれる。例えば、微細藻類や大型藻類の未知の遺伝子を探索、同定して、知的財産化することは重要である。

また、海洋細菌は、その棲息環境に応じて極めて多様性に富んでおり、例えば深海にお

ける温度や圧力などの極限環境耐性のものも数多くあり、有用な物質を産生するものが今後多く発見されることが見込まれる。水産動物に関しても、他動物に比較して驚異的な成長性を見せるクロマグロの成長因子や、低水温に対応した耐凍性タンパク（アンチフリージングプロテイン）などを産生する魚類など、新規の市場拡大につながる可能性を秘めた物質を産生するものも多く、有用遺伝子の探索、同定の研究は重要である。魚病分野では、マダイイリドウイルス病、ハタ類のウイルス性神経壊死症、クルマエビのホワイトスポット病等の病原体及びそれを利用したワクチンが、知的財産化されている。

②品種の知的財産権

養殖業においては、育種の進展に伴い、品種の確立が見込まれる。植物の場合は、水産生物であっても種苗法の対象であり、既にアマノリ類では、いくつかの品種登録が行われている。

③魚病診断や、系統、種の同定等のマーカー

水産物は多様性に富み、また切り身等加工品になった状態では種の判別すら困難なものが多いため、種に固有な DNA 塩基配列情報（種判別マーカー）により判別する技術が必要である。既に水研センターでは、いろいろな種において、種判別マーカーの開発を行ってきた。また、同じ生物種内においても系統判別に利用できるマーカー出来も開発されてきている。また、白化しやすいヒラメを判別するマーカー等についても知的財産化している。

食の安全・安心に寄与するトレーサビリティを担保する個体識別マーカー、品種の同定を可能とし、前述の品種の知的財産権確保に寄与する系統のマーカー、また雌雄差で経済価値に大きな差がある魚種においては、性判別のマーカー等を確保することも重要である。魚病関係では既に診断チップが作成されており、特許申請されている。

また、近年観賞魚においては遺伝子組換え体（以下、「LMO」）の作成が行われており、これらを判別する技術開発も重要である。ただし LMO の場合は開発者が既に判別可能部分の遺伝子領域についても知財確保している可能性が高いので、注意を要する。

3)水産生物の全ゲノム解析

①クロマグロ

中国で全ゲノム解析に着手との情報がある。日本における研究状況については、理化学研究所が 454 シーケンサーでクロマグロのマイクロサテライトマーカーを探索した事例がある (Tagami M. *et al.* 2008)。また、近畿大学がクロマグロ BAC ライブラリーを構築した (柳下直己 2006)。産業技術総合研究所が DNA ライブラリーの開発を進めているとの新聞報道がある。水研センターでは、東京大学及び九州大学と共同で太平洋クロマグロ全ゲノム解析を 2009 年に世界に先駆けて着手し、2010 年 3 月にその概要を解説した。

②その他の魚類

トラフグ、メダカ等で全ゲノム解析が完了している。テラピア、タイセイヨウサケ、タイセイヨウマダラ、エレファントシャーク等の 20 魚種で進行中 (完了を含む) であり、今後も他の魚介類での解析が予定されている。ヨーロッパでは、ヨーロッパウナギについて EU で全ゲノム解読と種苗生産技術開発を計画中である。日本では、ニホンウナギ (正式な種名は「ウナギ」であるが、ここでは「ヨーロッパウナギ」と区別するため、このように標記することとした) について、連鎖地図作成のためのマーカー開発が行われている。トラフグ以外の水産重要魚介類では、世界でも未だ全ゲノム解析は完了していない。

魚類で全ゲノムを解析中のもの (完了を含む) (20 種)

Callorhinchus milii ゴウギンザメ
Danio rerio Tuebingen ゼブラフィッシュ

Gasterosteus aculeatus イトヨ
Labeotropheus fuelleborni Domwe Island アフリカンシクリッドの一種
Latimeria menadoensis Indonesian シーラカンス
Leucoraja erinacea ガンギエイ
Maylandia zebra Mazinzi Reef アフリカンシクリッドの一種
Mchenga conophoros Otter Point アフリカンシクリッドの一種
Melanochromis auratus Domwe Island アフリカンシクリッドの一種
Nothobranchius furzeri GRZ アフリカのメダカの一種
Nothobranchius furzeri MZM-0403 アフリカのメダカの一種
Nothobranchius kuhntae アフリカのメダカの一種
Oreochromis niloticus テラピア (イズミダイ)
Oryzias latipes HNI メダカ
Oryzias latipes Hd-rR メダカ
Paralabidochromis chilotes Lake Victoria アフリカンシクリッドの一種
Petromyzon marinus ヤツメウナギ
Rhamphochromis esox Otter Point アフリカンシクリッドの一種
Takifugu rubripes トラフグ
Tetraodon nigroviridis ミドリフグ

参考：ヒト（2003 終了）、イネ（2004 終了）、ブドウ（2007 終了）、ブタ（2009 Draft）、ウシ（2009 終了）、ニワトリ（2006 Draft）

③介類・藻類

甲殻類、輪形動物、脊索動物、軟体動物、藻類で報告がある。

甲殻類のゲノム解読は複数の国で取り組まれており、バナメイとウシエビでは全ゲノム解読が進められているとの情報がある。また、ウシエビについてはアメリカやタイ、オーストラリアで、クルマエビについては東京海洋大学で、EST 解析が行われている (<http://www.animalgenome.org/>, <http://pmonodon.biote.or.th/home.jsp>)。タイでは SNP マーカー解析も行われている。イセエビについては EST 解析 (脱皮・消化(水研センター)、生体防御 (東京海洋大学)) とミトコンドリアゲノム解読 (東京大学) が行われている。ワムシについてもアメリカ及び韓国で全ゲノム解析が開始されており、日本では長崎大学がゲノム研究で先行している (Suga *et al.* 2007, 2008)。

原索動物についてはナメクジウオ、カタユウレイボヤ、藻類については緑藻類のクラミドモナス、紅藻類のシアニディオシゾン等で全ゲノムが解読されている。カキ類 (Hedgecock *et al.* 2005) でも全ゲノム解析が進行中である。水研センターでは、スサビノリゲノムの概読を既に終了している。

2. 水産物の安心・安全の確保技術

1) 種判別、産地判別

近年、水産生物のトレーサビリティや正確な産地や種についての表示の必要性が世界的にも高まってきている (Maldini *et al.* 2006)。水産物として利用する生物種は種数も多いため、産地や種を偽装する事例等の違法取引が多数報告されている。偽装の対象は価格の高い水産物が多く、種の保全や資源管理規制の効果を損ねることから (Ogden 2008)、偽装を探知する科学的技術が求められてきた。また、そのため国内外でミトコンドリア DNA (mtDNA) の多型性の利用などによる、DNA を用いた判別技術が開発され、その適用事例が報告されている。

例えば、アメリカでは、偽装表示された種名申告により違法に輸出入されるチョウザメ・ズワイガニの実態を種判別技術により明らかにする試みが報告されている。サケ・マス類

の系群判別については報告が多いものの、産地判別への利用の有無は不明である。ヨーロッパでは主にチョウザメ（キャビア）の違法輸入、マテガイの偽装表示に対して遺伝学的手法（PCR 法等）で判別している。アジア（中国・タイ等）では、マガキ属に関する研究が多い。日本では、マグロ類・ニホンウナギ・アジ類・カキ類・ノリ類・シジミ類について、mtDNA 解析（16S-rRNA, PCR-RFLP 法）やマイクロサテライト DNA 解析を利用して種・産地判別が行われている。

日本では利用する水産物の種類が多く、偽装事例も多いため、多様な種で産地判別技術が確立されている（福田、渡部、中村 2006）。マグロ類等の魚類、二枚貝類、頭足類、カニ類、藻類等が主な研究対象である。さらに、日本は世界に先駆けて多数の魚類の mtDNA 全塩基配列を解読しており、種判別マーカー探索に貢献している。当該分野における水研センターの成果は多く、マグロ属魚類の種判別法、サバ属魚類の種判別法等が開発・公開され、農林水産消費安全技術センターによる鑑定業務に使用されている。また、西海区水産研究所の標本管理室には多くの標本の蓄積がある。後述の種の保全や持続可能な漁業という観点からも DNA 解析技術を用いた種・産地判別は極めて重要である。

2) 有毒生物

アメリカでは、イソギンチャクのペプチド毒と溶血毒、ダルマオコゼの刺毒で cDNA レベルの研究報告がある。ヨーロッパでは、イモガイ類のペプチド毒で cDNA レベルの研究例がある。オセアニアでは、オーストラリアのグループがクラゲの刺胞タンパク毒の精製に成功し、そのアミノ酸配列から、構造遺伝子の決定に成功している（Brinkman and Burnell 2009）。

日本では、カコボラ（Kawashima *et al.* 2003）、オニヒトデ（Shiomi *et al.* 2004, Ota *et al.* 2006）、ダルマオコゼ（Ueda *et al.* 2006）、コウイカ（Ueda *et al.* 2008）、アンドンクラゲ（Nagai *et al.* 2000）、ハブクラゲ（Nagai *et al.* 2002）などのタンパク毒について、そのアミノ酸配列から構造遺伝子を特定している。オニヒトデ、クラゲ、イソギンチャクのペプチド・タンパク毒については、日本の研究は世界的にトップレベルにある。フグ毒などの低分子の毒では、ゲノム研究については大きな進展は無い。今後の取り組みとして、水研センターでは水産物の安全性確保の観点から、フグ毒（テトロドトキシン）などの低分子の毒に関与する研究を推進することが望ましい。低分子の毒生産に関与する分子レベルの研究には、全ゲノム解析及び EST 解析などの発現遺伝子の網羅的な解析が必要となる。

3) 貝毒

アメリカでは麻痺性貝毒原因渦鞭毛藻 *Alexandrium*（Hackett *et al.* 2005, Erdner and Anderson 2006）、ドウモイ酸産生珪藻 *Pseudo-nitzschia* などの複数の種で EST による発現解析の報告例（Dyhrman 2008）がある。また、観測ブイに全自動のリアルタイム PCR 装置を搭載し、4 チャンネル（ドウモイ酸産生珪藻 *Pseudo-nitzschia* 属）が同時に検出定量出来、定期的にデータを陸上に送信するシステムが開発されている。分子同定技術として、サンドイッチハイブリダイゼーション（SHI）の手法が複数種で開発されている。ヨーロッパでは麻痺性貝毒原因渦鞭毛藻 *Alexandrium* 数種で、EST 解析・発現遺伝子解析などが進行中である。オーストラリアでは、サキシトキシンを産生するラン藻で毒生産に関与する遺伝子の解明が進んでいる（Kellmann *et al.* 2008）。アジア諸国では EST など発現遺伝子解析は報告が無いが、SHI などの手法を用いた種判別や分子同定は行われている。

日本では、FISH、LAMP 法、リアルタイム PCR、DNA チップなどによる分子同定技術及び集団遺伝学的解析（Nagai *et al.* 2009）は進んでいるが、EST などの発現遺伝子解析は海外の研究機関に大きく遅れを取っている。その他、アメリカでは、珪藻 4 種で全ゲノム解析が終了した（Armbrust *et al.* 2004）。貝毒原因プランクトンは珪藻や渦鞭毛藻であり、ゲノムサイズが大きく、毒生産に関わる遺伝子は未だ特定されていない。水研センタ

一では、集団遺伝学的研究を精力的に行い、分布拡大要因の解明に向けて全力を注いでいる。

4) 有害化学物質

アメリカでは、淡水魚 fathead minnow (*Pimephales promelas*) の農薬等有害化学物質に対する反応を、cDNA チップを用いて解析している (Wintz *et al.* 2006)。このような研究手法は、トキシコゲノミクスと呼ばれる。ヨーロッパでも、淡水甲殻類ミジンコの、農薬等有害化学物質に対する反応を、cDNA チップを用いて解析中である (Soetaert *et al.* 2007)。日本では、様々な有害化学物質の淡水ミジンコやメダカへの生殖毒性を cDNA チップを用いて解析中である (Watanabe *et al.* 2007)。水研センターでは、魚類に対する生殖毒性に関連したトキシコゲノミクス研究を開始しており、海産生物に対する有害化学物質の毒性データの集積を行っている。

5) 遺伝子組換え水産生物(LMO)

各国の状況については Kapuscinski (2005)により報告されている。「生物の多様性に関する条約」の枠組みにおける「カルタヘナ議定書」を批准していないアメリカやカナダでは、食用の成長ホルモン遺伝子組換えタイセイヨウサケや、観賞用の蛍光タンパク質遺伝子組換えゼブラフィッシュが作出され、既に商業利用されている。また、キューバ、イギリス、バングラディッシュでは、成長ホルモン遺伝子組換えテラピアが作出されている。中国では、コイβアクチンプロモーターとソウギョ成長ホルモン遺伝子をつなげて導入した遺伝子組換えコイが作出されている。台湾では蛍光タンパク質遺伝子組換えのゼブラフィッシュとメダカが観賞用に商業利用されている。韓国では、成長ホルモン遺伝子組換えドジョウが作出されている。

日本では、成長ホルモン遺伝子を導入した遺伝子組換えアマゴやテラピア、ホンモロコが作出されているが、商業利用はされていない。また、LMOの安全性確保のための研究が推進されており、LMOを監視するための蛍光タンパク質遺伝子組換え観賞魚や成長ホルモン遺伝子組換えサケ科魚類及びコイのLMO検知技術の開発が行われている。水研センターは、これらのLMO検知法では世界的トップレベルにある。

3. 水産資源の調査・管理技術

1) 資源調査技術

①種判別、系群判別、産地判別

種の保全（外来種探知を含む）や持続可能な漁業のための資源管理という観点から種毎の資源状況の把握だけでなく、系群毎の資源状況の把握が必要である場合も多く、形態的には判別が困難であるため、DNA解析技術を用いた種・系群・産地判別技術の確立は極めて重要である。種判別については、前頁で述べた通り、国内外で mtDNA の多型性を利用するなどの研究が進んでおり、mtDNA 多型、核 DNA 多型、特に、マイクロサテライト DNA 解析による研究報告が多数ある。水研センターからも、日本海のヒラメ系群の同定法やそれを用いた資源管理など、多くの報告がある。

マグロ類に関して大西洋クロマグロの漁獲量削減措置や同じく大西洋におけるメバチ漁獲量規制など、国際的な資源管理措置は厳しさを増しており、規制が強まれば今後違法に漁獲されたマグロ類が判別しにくい加工品の形態で日本に輸出される可能性もあるため、このようなものを正確・迅速に判別する技術が求められるであろう。

②胃内容物（食物連鎖）

国外では核リボソーム遺伝子（rDNA）分析によりオキアミやコペポダで、mtDNAによりスルメイカで、それぞれ食性解析が進められている。糞中に存在する異種生物の核 rDNA や mtDNA 分析による鰭脚類の食性解析も進行中である。日本ではヒラメの食性解析のために mtDNA 分析、イセエビ幼生の食性解析のために核 rDNA 分析が進行中であるが、外国に較べて研究報告例は少ない。

2) 資源培養技術

①多様性評価

国外ではサケ科魚類、タイセイヨウマダラ、ロブスター等について、天然魚と放流魚の遺伝的多様性が比較されている。絶滅危惧種（メコンオオナマズ）とその近縁種の遺伝的多様性も比較されている。日本では、マグロ類、ヒラメ、マダイ、アユ、アワビ類等多くの魚種について、遺伝的多様性の評価や有効集団サイズの推定が行われている。水研センターでは、ホシガレイやマダイ、クルマエビについて天然魚と放流魚の遺伝的多様性の比較や、種苗生産方法による種苗の遺伝的多様性の多寡等についてのデータの蓄積を進めている。

②放流効果評価

海外では目立った成果は無い。日本では、ヒラメ、クロダイ、クルマエビ、アワビ類等で DNA マーカーにより放流魚の識別や移動等を調査中である。ヒラメ、トラフグ、アワビ類では放流魚の再生産への貢献を推定している。

4. 海洋環境の調査・管理技術

1) 環境評価

米エネルギー省 (DOE) によるゲノミクス「GTL プロジェクト」では、バイオ燃料生産、環境修復技術、カーボンサイクルについて植物と微生物を対象とした研究を実施中である。サルガッソー海において、ショットガンシーケンスによるメタゲノム解析の報告があり (Venter *et al.* 2004)、2006 年より CAMERA プロジェクト (Sorcerer II, GOS 調査航海で世界中の海から採取した試料についてのメタゲノム解析を実施) として、海水中の微生物 (プランクトンを含む) についてメタゲノム解析を行い、そのデータベースを構築している (Seshadri *et al.* 2007)。ヨーロッパでは、2004 年より 16 カ国の 44 の機関が参加する Marine Genome Europe (MGE) が進行中、マリングゲノムやバイオフィルムに注目が集まっており、生物多様性、比較ゲノミクス、遺伝子機能解析、メタゲノム解析を軸に研究が進行中である。日本では、カイメン、サンゴ等の腔腸動物の共生微生物のメタゲノム解析と有用遺伝子の探索が製品評価技術基盤機構 (NITE)、東京農工大学などを中心に実施されている。海洋研究開発機構 (JAMSTEC) がシロウリガイ共生微生物や深海底泥微生物のメタゲノム解析を進行中である。水研センターでは、環境指標として微生物を用いた研究実績は少ない。世界的に見ても、漁場を対象としたメタゲノム解析を行った研究例は無い。

2) 海洋微生物

アメリカで CAMERA 等 18 件、ヨーロッパで、METAFUNCTIONS (DNA 塩基配列情報と環境・生態情報を結ぶシステムを開発) 等 15 件のメタゲノム関係プロジェクトが進行中である (DeLong EF 2009, Christen 2008, Siezen and Wilson 2009)。オーストラリアでは、The Australian Genome Alliance が海洋細菌についてのメタゲノムプロジェクトを含

む様々なゲノム研究を行っている。アジアでは、韓国海洋研究所（KORDI）が微生物バイオテクノロジーの材料として、EU と共同して深海や熱水噴出孔などの極限環境下で生息する微生物のメタゲノム解析を行っている。日本では、JAMSTEC 等を中心に、深海底試料のメタゲノム解析、メタン資化細菌の全ゲノム解読等が行われている。

具体的には、16S rRNA による分類・識別に基づく群集構造解析が広く行われている。また gyrA、gyrB、rpoB（核酸合成）等による生理機能解析、nirS、nirK、nosZ（脱窒）、amoA（アンモニア酸化）、pmoA（メタン酸化）、nifH（窒素固定）、dsrA（硫酸還元）等による物質循環に関わる細菌群に関する研究が多くなされている。

一方生物あるいは環境中の全遺伝子を網羅的に解読するメタゲノム研究も進められている。Gold Genome Online Database (<http://www.genomesonline.org>; May 2009) によると、培養された海洋細菌株に関しては約 200 の全ゲノムが解読されている。環境から直接採取した DNA または RNA に対しては、35 件の海洋メタゲノム解析プロジェクトが行われ、登録されている全 167 件のプロジェクトの 5 分の 1 以上を海洋微生物関連が占めている。主要機関は北米と EU がそれぞれほぼ半数ずつを占めており、他の地域ではオセアニア、イスラエルでそれぞれ一件ずつとなっている。これらのメタゲノム解析から新規の酵素をコードする遺伝子類が多く発見され、また新しいタンパク質ファミリーの存在が示される等、海洋微生物の機能に多くの未知の領域があることが明らかにされた。また、酸素の発生を伴う光独立栄養では無いラン藻やアンモニア酸化古細菌など、生物地球科学的に重要な新たな微生物がメタゲノム解析から見つかっている。また、海洋ウイルスについては、まとまった研究体制で高いレベルの研究が行われている（Rohwer and Thurber 2009）。水研センターでは海洋細菌の研究者は数人しかおらず、各人が利用加工、食品衛生、環境等それぞれの分野で研究を行っている。

5. 養殖生産技術

養殖業の生産性を高めること等により経営状態を向上させるためには、餌飼料問題や生産環境・魚病発生のコントロール、などの諸問題の解決とともに、高成長や抗病性といった有用形質を有する品種の作出（育種）による解決に大きな期待が寄せられている。養殖用種苗のほとんどを天然種苗に依存している水産分野では、これまで農業畜産分野と比べ産業生物の遺伝学的研究の蓄積が極めて少なく、また人為的環境下でライフサイクルの完結が困難な魚種も少なくなかった（村田、1998）。しかし先人の努力により、多くの養殖魚種で種苗生産技術の開発が進み、卵が小さく、極めて未熟な段階でふ化する海産魚でも人為的環境下でのライフサイクルの完結が可能な魚種が増え、育種を本格的に行う環境が整いつつある。このことは近年盛んになってきた我が国のクロマグロ養殖についても同様である。

1) 育種(形質別)

①高成長

ニジマスやマダイで選抜育種系統が確立している。また、他魚種の成長ホルモン（GH）遺伝子を導入したサケ・マス類等が海外で作出済である。台湾では微細藻類に魚類の GH 遺伝子を導入して発現させ、これを餌料として与えることにより、魚類の高成長を誘導している（Chen *et al.* 2008）。水研センターでは、高成長形質ブリの選抜育種とマーカー開発を実施中である他、ベニザケの GH 遺伝子を導入したアマゴ等を作成済である（名古屋ら、2008）。

②高餌料効率

餌料（転換）効率に着目した育種研究は無いが、高成長に着目した選抜育種によって得られたマダイやギンザケなどの系統において、飼料効率が向上していることが報告されて

いる (Jörn *et al.* 1999, Kathleen 2008)。餌料効率、個体毎に求めることが容易では無いことから選抜の表現型としては不向きであり、高成長性に注目した方が効率的と考えられる。

③水温耐性

温暖化対策として、サケ・マス類の高温耐性、テラピアの低温耐性等の研究が進行中である (Somorjai 2003, Cnaani A *et al.* 2003, Moen 2004)。中国では同様の研究がカキ類等でも進行中である。水研センターは熱ショックタンパク遺伝子の研究では世界に先行している。細胞レベルの研究は高度に進んでいる一方、代謝の変化や耐性獲得のメカニズムの解明、高温耐性系統の育種は重要だが遅れている。平成 21 年度よりニジマス、ヒラメ、及びアマノリにおいて高温耐性のマーカー探索を事業化している。

④抗病性

日本ではヒラメのリンホシスチス症、マダイのイリドウイルス病で抗病性系統が市販済みである。他にも、世界各国で、ニジマスの IPN 耐性等の開発がいくつかの魚病について進行中である。水研センターは、ヒラメの連鎖球菌症耐性、ブリのハダムシ症抵抗性に対する育種技術開発や、ゲノム解析技術によるマーカー開発等の育種手法の高度化を推進している。

⑤産肉性

メダカとトラフグを用いて、養殖魚における突然変異育種技術の開発 (アマゴ、ヒラメも使用) が進められている (吉浦・岡本、2009)。本技術は世界に先駆けて水研センター主体で開発をリードしており、他魚種にも、あるいは他の優良形質にも応用可能であることから、効率的に優良品種の作出が可能となると考えられる。

2) 育種基盤技術

①健苗性評価技術

水研センターがヒラメのストレス判定のためのチップを開発中である。健苗性判定の指標となるペプチドやタンパク等のマーカーが見つければ、ゲノム解析の対象となる。

②性統御技術

国内では、基礎生物研究所等でメダカの性決定遺伝子 DMY が報告されている。しかし、他の魚種ではこの遺伝子は見つかっていない。水研センターでは、サケ科、ヒラメ、フグ類等の性決定に連鎖するマーカーを解析中である。

③ジーンバンク

交配に用いる系統あるいは配偶子を保存・管理する必要がある。多くの海産魚類では精子の凍結保存は比較的容易であるが、卵子の凍結保存には成功例が無い。そのため、有用な魚類の系統については、生体保存が行われており、施設の的にも人的にも大きな負担となっている。

<参考>ゲノム研究以外の育種基盤技術（各魚種の状況）#

一部の淡水魚を除けば、魚類養殖の歴史は浅く、養殖対象種は多いが、確立された品種数は極めて少ない。サケ科魚類、トラフグ、ヒラメなどいくつかの養殖魚種では種苗生産が比較的容易で、育種に必須な計画的な交配が可能であるが、ブリやニホンウナギについては人工種苗が安定的に生産出来ないことから、育種を進めるためには、まずその基盤となる種苗生産技術の確立が必要である。

①クロマグロ

アメリカでは、クロマグロの産卵に向けた取り組みを検討するグループを立ち上げた。(Hubbs-SeaWorld Research Institute の Paula Sylvania 氏からの私信)。ヨーロッパでは、EU の支援を受けてタイセイヨウクロマグロの繁殖プログラムである「SELFDOTT」、「ALLOTUNA」のプロジェクトが進行中である (FINAL REPORT FP 5, 2002)。いずれもホルモン催熟による産卵と種苗生産を目指している。前者プロジェクトでは、現在までの段階で産卵には至っていない。後者プロジェクトにおいては、昨年イタリアにおいて採卵に成功したが、ふ化後 59 日で全滅した。オーストラリアでは、Clean Seas Tuna Limited においてホルモン催熟によって陸上水槽での産卵に成功、約 1 ヶ月間で 3 千万尾のふ化仔魚を得た。生残数は不明だが稚魚までの育成にも成功している (<http://www.cleanseas.com.au/info/news-media.html>)。アジアでは韓国済州島でクロマグロ養殖が開始され、採卵型種苗生産にも取り組む予定である。

日本では、近畿大学が完全養殖に成功し、2009 年には人工ふ化第 3 世代から 4 万尾以上のヨコワ（クロマグロの若魚、沖だしサイズの稚魚では約 19 万尾）の生産に成功している（アクアネット 2009）。水研センターでも大量種苗生産に成功している。この他にもマルハニチロ、日本配合飼料、拓洋、日本水産、長崎県においても種苗生産技術開発を進められている。また、東海大学では民間会社（WHA）と共同で陸上養殖に取り組んでいる。

②ウナギ

ヨーロッパでは、EU で既にヨーロッパウナギの親魚を人為的に催熟させ、ふ化仔魚を得ることに成功している。ただし、ふ化仔魚の飼育は達成されていない。ニュージーランドでも、既に人為催熟とふ化仔魚作製に成功しているが、ふ化仔魚の飼育は未達成である。アジアでは、韓国、台湾（中国）もニホンウナギの種苗生産技術開発に着手しているが、種苗生産技術は日本が他国を圧倒しており、水研センターが中心的役割を果たしている。水研センターでは実験室レベルでの完全養殖は間近であり、日本以外にウナギの育種が現実的な段階に達している国は無い。

③クルマエビ、ウシエビ、バナメイ、イセエビ

甲殻類のゲノム解読は複数の国で取り組まれている。クルマエビ類では、特定の親から次世代をとる完全養殖技術は技術的には確立している。バナメイとウシエビでは高成長と抗病性の系統が開発されている。イセエビについては、オーストラリア、ニュージーランドで種苗生産技術を開発中である。本種は完全養殖が技術的には可能になったが、生残性が低く経済的には採算が合わない状態である（水研センター研究報告第 20 号）。

④アコヤガイ、マナマコ

両種共に、特定の親から次世代をとる完全養殖技術が確立しつつあるが、ゲノム研究は世界的に進んでいない。水研センターは、マナマコの産卵制御ホルモンの研

究などでリードしている。また、アコヤガイ属各種の遺伝的変異性と種判別等の研究を行っている。

⑤餌料生物

アルテミアのゲノム研究はヨーロッパが、シオミズツボワムシのゲノム研究は長崎大学が先行しているが、両種とも有用株の育種実績は無い。水研センターは、微細藻類で先行しており、高温耐性株の育種に成功している。また、シオミズツボワムシでは数株について特性を把握し、数十億個体単位での計画的な大量培養、栄養強化、冷蔵保存、高密度冷蔵輸送の技術開発を実施中である。

3) 病害防除技術

①魚類病原体

海外では、魚病関連細菌 8 株 (冷水病菌 (*Duchaud et al.* 2007)、せつそう病菌 *Aeromonas salmonicida*、細菌性腎臓壊死症菌 *Renibacterium salmoninarum*、エロモナス病菌 *Aeromonas hydrophila*、ヒブリオ病菌 *Vibrio splendidus*、*Vibrio harveyi*、*Vibrio parahaemolyticus*、連鎖球菌 *Streptococcus agalactiae*)、及び多数の魚病関連ウイルスの全ゲノムが決定されている。医学等では、2010 年 1 月現在、2,966 株のウイルス、1,381 株の細菌 (多くはヒト病原体関連) で全ゲノムが決定されており、その数は安価な次世代型高速シーケンサーの普及によって、急速に増え続けている。

水研センターは、主要病原体検出用 PCR プライマー及び診断用 DNA チップ 3 種類 (魚病細菌同定、ヒブリオ科種同定、魚病ウイルス種同定) を開発済みであり、東京海洋大学とともにマダイイリドウイルス、コイヘルペスウイルスなどの新しい病原体の全ゲノム塩基配列の決定及び解析を終了している。

②養殖魚の免疫の利用

ゼブラフィッシュ、メダカ、トラフグ (*Christoffels et al.* 2004) などの魚種の全ゲノム塩基配列が読まれており、とくに水産有用種であるトラフグやタイセイヨウマダラにおいても、全ゲノム解析や発現解析などが大規模に行われている。医学・理学の分野では、既に宿主としてのゲノム情報を積極的に利用しており、病原体やワクチン株については、かなり多くの種の全ゲノムが決定済みであり、病原体と宿主との関わりがゲノムレベルで解析されている。魚介類の免疫関連遺伝子についても国内外で盛んに研究が実施されている。

6. 水産生物由来の新素材開発

1) 有用物質生産

NCBI は 891 株の微生物全ゲノム塩基配列を決定しており、そのうち水圏微生物は 147 株である。アメリカでは 106 件、ヨーロッパでは 16 件、アジアでは 7 件のプロジェクト (うち日本 6 件) が実施中である。日本では、カイメン共生細菌メタゲノム (早稲田大学)、好圧好冷性微生物の全ゲノム解析 (近畿大学)、メタゲノム、機能解析 (JAMSTEC 極限環境生物圏研究センター)。水産以外の分野では乳酸菌、酵母、バチルス (納豆菌)、麴、コリネ菌、土壌菌などの有用菌についてゲノム解析が進んでいる。現在では遺伝子や発現の比較解析が行われ、用途に応じた機能を持つ微生物の作出が可能となっている。また、新規遺伝子資源としてのメタゲノム解析も盛んに行われている。

2) レアメタル回収

水研センターでは、テクネチウムやストロンチウム、コバルトを蓄積する菌株を保有している。

3)その他

ノルウェーでは低温酵素の開発が行われている。日本では、ゼブラフィッシュ、メダカ、トラフグ等のゲノム塩基配列情報を利用する比較ゲノム解析によって、未同定の酵素・タンパク質の遺伝子群を解析する手法が可能となった。さらに、魚類培養細胞や養殖魚類系統等の研究材料を利用することによって、新規の酵素、タンパク質の特性の解析が可能である。魚類細胞からアポトーシス、オートファジー、ストレス誘導性リン酸化シグナル伝達経路の解明が進められている (Yamashita *et al.* 2003, Yabu *et al.* 2008)。マグロ類の低温酵素適応に関与する新規セレンアミノ酸の発見によって、これまで不明であった高等動物におけるセレンによる生体抗酸化作用機序が解明されつつある (Kryukov *et al.* 2003)。水研センターは、世界的にトップレベルの実績を有する。

Ⅲ. 水産ゲノム研究の今後の取り組み

1. 水産ゲノム研究戦略の基本方針#

1) 戦略の主旨

我が国は、かつて世界一の漁業生産量を誇る水産大国であった。しかし、遠洋漁業の衰退、沿岸資源の低迷、海洋環境の悪化などにより、漁業生産は減少の一途をたどっており、水産資源の多くが過剰利用や枯渇の状態にあるとの報告もあり、国際的な資源管理の強化や漁獲禁止等の提案もなされている。このような現状において、世界的な水産物需要を満たすために養殖生産への期待が高まっているが、ノルウェーや中国などの新興国に技術的にも追随され、世界的には生産量が急増しているにもかかわらず、かつてこの分野においてもトップランナーであった我が国の養殖生産も頭打ちの状況にある。また、消費者の間では食の安全性等への関心が高まってきており、原材料表示、産地表示の義務が広がりつつある反面、特に輸入品を中心に偽装表示事件も発生している。

しかしながら、水産研究基盤については、国、都道府県の各レベル、また大学など、全国にわたり水産関係研究機関が存在し、かつ基礎から応用まで極めて高度な研究が推進されているなど、資源研究、分析技術等の知見の蓄積が多く、技術的にはいまだ世界のトップレベルにあるといえる。このような、これまで我が国で培われた水産分野における科学技術や生産技術の上に、ゲノム情報の活用という新たな視点からの技術革新を誘導し、それらの技術の応用的展開を図り、我が国の水産産業を、国際競争力が高く、かつ安全・安心な水産物を安定的に供給する産業へ再興することが本戦略の目標である。

2) ゲノム研究基盤の戦略的整備

ゲノム解析技術は日進月歩の技術分野であり、ゲノム情報を活用した技術開発やその知的財産化について国際競争が加速することが予想される。そのため、水産ゲノム研究を効率的に推進する必要がある。超高速シーケンサー等の最新鋭機器の戦略的な整備、及び大量に生み出されるゲノム情報を迅速に処理する体制の整備、並びに得られたゲノム情報を研究現場や関連機関でも利活用出来る汎用的なデータベースの構築が必要である。将来的には、水産分野の長年の研究において蓄積された生物学的データ、海洋データ等の情報と統合化したデータベースの整備が、我が国の国際的な優位性を保持するためには不可欠である。また、ゲノムデータベースの構築には、既に整備されている国内外の公的データベースとの連携が不可欠であり、そのためには互換性のあるデータ整備に努めることが必要である。

3) 戦略の骨子

本戦略においては、水産ゲノム研究を推進するにあたり、特に、現在水産分野でその活用が求められている技術分野について重点的に取り上げた。具体的には、食に関する国民の最大の関心事項の一つである「水産物の安心・安全の確保技術」、水産資源を持続的に利用するための資源管理方針に重要な「水産資源の調査・管理技術」、温暖化影響や赤潮発生など海洋で生じる環境の変化を迅速に検知して対策を進めるための「海洋環境の調査・管理技術」、養殖に適した品種開発や病害防除などによって養殖生産の拡大を目指す「養殖生産技術」、海洋生物から新たな有用物質を探索し新産業の創出につなげる「水産生物由来の新素材開発」、の各分野におけるゲノム研究を戦略的に進めて行くための推進方向を示している。これらの研究課題への取り組みは、現行の研究開発の推進にゲノム情報をツールとして積極的に取り入れることにより、これまでの生物情報の不足に起因する技術開発上のボトルネックの解決を加速するという観点で進めることが肝要である。そのためには、既

存の研究施設や飼育施設の効率的な利活用も含め、これまで得られてきた研究成果や水産研究分野の有する研究資源を最大限活用しつつ、ゲノム解析分野との緊密な連携の下に研究開発を進めることが重要である。

4) 国内外の連携

本戦略の効率的な推進には、水産総合研究センター内部の連携にとどまらず、都道府県や大学等、関連する我が国の水産分野の研究機関との連携、及びバイオリソースの管理を行う基礎生物学分野や、ゲノム情報を利活用する農学、林学、生命工学など他分野の研究機関との連携を積極的に進める必要がある。また、ゲノム情報は生命科学における共通基盤であるため、諸外国との連携も必要であり、特に海洋環境に関する研究開発については我が国周辺海域に関連するアジア周辺各国との戦略的な連携が求められる。このような国際連携を進めるにあたり、育種品種開発や観測技術開発等にかかるゲノム情報については知的財産権の確保に努めることが必要条件である。

2. 具体的な取り組み#

1) 研究環境の整備と水産生物の全ゲノム解析(水産生物の遺伝的な情報を知る)

①ゲノム研究環境の整備

◆施設整備#

平成 21 年度に、中央水研水産遺伝子解析センターに整備された次世代型高速シーケンサー 2 台、従来型シーケンサーの大型機 1 台、解析用サーバー 3 台等を円滑に利用する。今後も、中央水研水産遺伝子解析センターに集中的に整備、更新を進め、水研センター全体の遺伝子解析業務を実施することとし、各研究所の施設は必要に応じて整備する。外部研究機関からの利用要請についても受け入れを検討する。

◆バイオインフォマティクス#

現在、水産分野には専門家が不在であり、大学の水産学系部門にも育成コースは無いため、早急に水産研究を理解した専門研究者を育成する。

◆データベース#

水産分野に特化した各種応用研究に利用可能なデータベースを整備する。具体的には、種、系統判別等の詳細なプロトコールを含めた手法、判別法、電気泳動像、シーケンス情報を統合したデータベースを整備する。その後もデータベースの構築と管理・活用を進める。また、ゲノム情報に基づく知的財産権の確保にも努める。なお、データの互換性と遺伝子資源の利用を考え、データベースを構築する。

②知的財産

◆遺伝子機能の知的財産権#

機能性物質、医薬品、バイオマスとして利用するため、大きな環境変異を持つ海洋・水域に生息する水産生物に特有な遺伝子機能について、知的財産化を進める。

◆品種の知的財産権#

藻類については積極的に種苗登録する。一方、種苗法の登録対象とはならない水産動物に関しては、有用な機能遺伝子領域を特定して特許でカバーするか、ブランド化を目指して、商標することにより権利を確保する。有用な系統は商標登録を含めて知的財産権を戦略的に確保する。さらに、将来を見越して LMO を含めたバイオテクノロジーを応用した品

種も積極的に知的財産権を確保していく。

◆魚病診断や、系統、種の同定等のマーカー#

食の安全・安心に寄与するトレーサビリティを担保する個体識別マーカー、品種の同定を可能とし前述の品種の知的財産権確保に寄与する系統のマーカー、また雌雄差で経済価値に大きな差がある魚種においては、性判別のマーカー等を知的財産化する。

近年観賞魚においては LMO の作成が行われているので、これらを判別する技術開発を知的財産化する。

③水産生物の全ゲノム解析

◆クロマグロ#

水研センターは、既にクロマグロの全ゲノム解析に着手しており、継続して全塩基配列の把握、DNA マーカー情報の蓄積、複数個体ゲノム部分分析、比較ゲノム解析を進める。また、蓄養や種苗生産時における死亡・生残個体や高成長個体の遺伝的背景を網羅的に分析し、生残や成長に関わる遺伝子領域を検索する。さらに、有用遺伝子の探索と機能解明を推進する。クロマグロが国際的にも重要魚種であり、各国が運営するゲノムセンターにおいて、魚類を含む各種有用生物のゲノム情報解析が行われている現状から、日本のクロマグロ養殖技術開発の優位性を確保するために、これらの研究開発の取り組みは喫緊の課題である。

◆その他の魚介類の全ゲノム解析#

水研センターは、スサビノリゲノムの概読を既に終了している。魚類についてはやや遅れているが、トラフグ以外の水産重要魚介類については、世界でもまだ全ゲノム解析は完了していない。既に終了したゲノム解析結果においても、精度の低いものについては塩基配列精度を向上させる必要がある。そこで、ニホンウナギ、ブリ、クルマエビ、餌生物のワムシ等の優先順位が高いいくつかの重要魚介類について戦略的にゲノム解析を行い、高い精度のゲノム情報を取得する。クロマグロを含めこれらの研究で得られた精度の高いゲノム情報を活用して、比較ゲノム解析を効率化させ、育種研究を加速させる。ニホンウナギについては、ゲノム情報を活用して連鎖地図を充実する。

2)水産物の安心・安全の確保技術(安全で安心な水産物を供給する)

①種判別、産地判別、証明・鑑定

日本は利用する水産物の種類が多く、偽装の事例も多い。効果的な種・産地判別技術を確立するためには、判別に有用なマーカー開発が鍵を握っている。そこで、水研センターの広範な生体サンプル収集能力と次世代型高速シーケンサー等の機器を活用して、精度の高い偽装検知技術を開発する。

②有毒生物

ペプチド・タンパク質毒の構造遺伝子及び発現調節機構の解明を推進する。フグ毒やシガテラ生産に関与する発現遺伝子群の解明を推進する。

③貝毒

貝毒プランクトンの全ゲノム解析を行う。また、貝毒原因プランクトンの毒生産に関与する遺伝子の探索、特定等を進める。有毒プランクトンのグローバル化要因と移入問題を解決するため、個体識別が可能な高分解能分子マーカーの探索・開発を推進する。赤潮・貝毒原因プランクトンの生理状況(増殖・衰退・種形成・発芽)をモニタリング出来るような発現遺伝子網羅解析を精力的に行う。また、麻痺性貝毒、下痢性貝毒、記憶喪失性貝

毒（ドウモイ酸）、シガテラ毒の生産に関与する遺伝子の探索や、貝毒原因プランクトンの有性生殖やシスト（種）形成及び発芽直後の葉緑体合成に関与する遺伝子を、次世代型高速シーケンサーを用いた EST 解析により探索する。

また、海水中に出現する植物プランクトンの多くは、形態で識別出来ない微細な種が多く存在するため、これらを網羅的に検出するための遺伝子データベースの充実や、それらを用いた赤潮・貝毒原因プランクトンの増殖生理状態のモニタリング技術開発を行う。また、プランクトンに感染し殺傷するウイルスのメタゲノム解析を行い、感染の機序を明らかにして、発生防除技術を開発する。

④有害化学物質

有害化学物質曝露個体の生殖腺において、差次的に発現する遺伝子を網羅的に解析する。また、これらの遺伝子について、毒性影響評価のためのバイオマーカーとしての有用性を検討すると共に、各遺伝子をコードするタンパク質の機能を解析することで、毒性発現機構を解明する。

魚種間あるいは同一魚種間によっても有害化学物質に対する感受性が異なる場合があり、感受性の違いをゲノム情報の利用により解析する。こうした遺伝情報の解析を化学物質汚染に強い品種の選抜につなげる。

これまでの毒性学では、低用量での有害物質の曝露影響を解析する手法に行き詰まっている。そこで、比較ゲノム解析及びメタボロミクス手法による魚介類の摂食によるメチル水銀、ヒ素化合物、ダイオキシン等の生物影響・健康影響を評価するためのバイオマーカーを開発する。

⑤遺伝子組換え水産生物

現在検知法が未確立で、今後輸入される可能性のある LMO の情報収集と検知法の開発を進めると共に、既存の LMO と在来種との交雑性評価手法の開発と DNA マーカーによる交雑後代確認手法の開発を進める。

3)水産資源の調査・管理技術(水産資源を持続的に利用する)

①資源調査技術

◆種判別#

水研センターの成果は多く、その上、多くの標本の蓄積がある。資源・生態研究の観点だけでなく、公的機関として、種偽装、輸入規制違反の摘発に関する法的根拠となりうる結果の提供が重要であり、各種 mtDNA の解析に努めると共に、ゲノム情報を利用して引き続き商品・原材料管理技術の開発に反映させる。水研間、大学、民間等との共同研究も重要であり、保管施設の整備された水産生物標本のさらなる有効利用も図る。

◆系群判別#

資源管理を的確に行うためには、管理の最小単位としての系群毎に資源状況を把握することが必要である。形態からは系群判別は困難であるため、ゲノム情報を活用した系群判別技術が必要である。国際的重要種のマグロ類を始めとする産業上重要種の mtDNA 多型、マイクロサテライト多型等を利用した系群判別技術の確立と簡易判別手法の開発を行う。データの効率的利用のための体制の整備及び運用にも努める。

◆胃内容物#

捕食された生物のゲノム情報を利用した重要水産生物の胃内容物の分析手法の開発、研究事例の積み上げ、標本の収集と蓄積を行う。また、この結果を利用して天然ニホンウナギ仔稚魚の食性や、放流種苗の被食状況、放流種苗が利用している餌生物の探索等を行う。

②資源培養技術

◆多様性評価#

天然集団における遺伝的多様性と資源動態・資源特性との関連を明らかにする。環境への適応や成長・生殖等に関与する遺伝子領域の多様性を評価する。

◆放流効果評価#

引き続き、ゲノム研究による放流魚の識別や移動、再生産への貢献を定量的に評価する。分析技術の簡便化・効率化を図り、都道府県等への普及、技術移転を推し進める。

4)海洋環境の調査・管理技術(水産生物の生育環境を守る)

①環境評価

地球温暖化現象、オゾンホール拡大による紫外線量の増加現象、沖合・外洋域の富栄養化、沿岸の貧酸素化など、地球の環境変化を生物種多様性・優占種あるいは遺伝子発現などの面から評価出来る手法を開発する。そのために、世界の複数の沿岸域を中心に出現・分布する微生物種のメタゲノム解析、あるいはユニバーサルプライマー (Sherwood *et al.* 2008, Lin *et al.* 2009) を用いた塩基配列情報の蓄積 (可能な種は形態情報もセット) を行う。将来的には、日本沿岸域を中心として、メタゲノム解析や発現解析から得られる情報から、沿岸から沖合までの広い範囲における海洋環境の変動について、中・長期で判断・予測する技術を開発する。

②海洋微生物

メタゲノム解析等を利用して、漁場環境の変化を微生物群集の状態から評価すると共に、魚介類の生残、生育に対する環境微生物の影響を解明する。漁場環境の変化に対する微生物群集の応答に着目し、沿岸漁場における水質や水温等の環境変動と、微生物群集の組成変化や物質循環に関わる機能遺伝子の多様性や発現量等との関係を明らかにする。漁場環境の変化を微生物群集の状態から推測、警告する技術を開発する。また、魚介類の生残、生育に対する環境微生物の影響解明として、種苗生産や養殖の現場における飼育成績と飼育環境中の微生物群集との関係を明らかにし、それらを制御する技術を開発する。

5)養殖生産技術(優良な性質を持った水産生物を育て自給率を向上する)

①育種 (形質別)

◆高成長#

諸外国では、成長ホルモン遺伝子を導入した LMO が既に商業利用されており、我が国へも輸入される可能性があるため、当面は海外からの輸入 LMO に対応したリスク研究を主体に進める。加えて、ゲノム情報を利用して高成長に関連する DNA マーカーの探索を開始する。なお、飼料 (転換) 効率については個体毎に求めることが容易では無いことから選抜の表現型として不向きであり、高成長性に注目した方が効率的と考えられる。ただし、今後、ニーズが高まった場合には、取り組みが必要である。

◆高水温耐性#

地球温暖化による高水温化が懸念されており、高水温耐性品種の開発は急務である。代謝の変化や耐性獲得に関わる遺伝子群の解析を進め、それを利用した高温耐性系統を育種する。熱ショックタンパク群の単離、解析を進め、それを利用した温度耐性系統の選抜を行う。

◆抗病性#

養殖生産現場においては、常に感染症による大量へい死や生産阻害のリスクを抱えており、様々な病原体に対する抗病性を備えた育種品種の開発が喫緊の課題である。ヒラメ、ブリの全ゲノム解析を行い、ラディエーションハイブリッドパネルを利用して連鎖地図と物理地図の統合を図る。マーカーの高度化を推進して、ヒラメについては連鎖球菌症とエドワジエラ症抵抗性遺伝子領域、ブリにおいてはハダムシ抵抗性遺伝子領域を特定する。トラフグにおいては、VNN、口白症、ヘテロボツリウム症抗病性系統の作出を目標として、育種品種開発への基礎情報の提供を行う。

◆産肉性#

養殖経営において、生産物の付加価値を高め、かつコストの低減を図るためには、良質で多量の可食部（筋肉）を産する品種の開発が望まれている。そこで、メダカをモデルとして、優良形質突然変異体の形質を評価し、標的遺伝子を決定する。トラフグの突然変異体を作成し、その中から大量ゲノム解析技術等を利用して、標的遺伝子を指標に優良変異体の選抜を行い、優良育種素材の作製を行う。最終的には産肉性の高いトラフグ品種の作出を目指す。

②病害防除技術

◆魚類病原体#

主要病原体の全ゲノム解析、不明病患部のメタゲノム解析による病原体同定、メタゲノム解析による養殖場の病原体動態解明や生体内における細菌及びウイルスの動態解明を推進する。

◆魚類の免疫の利用#

免疫系細胞の網羅的 EST 解析を行うと共に全ゲノム解析を利用して主要魚介類の免疫機構を解明し、免疫機能測定法、ワクチン有効性評価法、健康診断法の開発を進めると共に、プロバイオティクスの利用等の可能性について検討する。また、各病原体の全ゲノム解析を利用して、宿主特異性、魚毒性、抗原性関連遺伝子を同定し、それらを利用した生ワクチン株の選定あるいは成分ワクチンの作製を進める。

③健苗性評価技術

人工種苗の健苗性評価技術と健苗性を有する放流用人工種苗生産技術の確立を目指して、モデル種を選定し、組織毎の EST 解析を行う。メタボローム解析を行い、他魚種への応用・拡大を目指す。

④性決定

ニホンウナギ、クロマグロ等の全ゲノム解析を通じて性決定遺伝子あるいはそのマーカーを特定し、成熟促進・採卵技術を開発する。

＜参考＞ゲノム研究以外の育種基盤技術#

育種は優れた性質を有する親またはその候補を選定し、これらについて計画的な交配を行って得られた子孫において親を凌ぐような優れた性質を発揮させ、これを活用する、あるいはさらに次代の親とすることである。そのため、優れた性質とは何かという基準が明確でなければ、親を決定することは出来ないし、親を選定出来たととしても交配が出来なければ育種は成り立たない。そのようなことから、養殖産業が成立し、ようやく種苗生産が出来るようになってきた段階であるマグロ類や、種苗生産そのものが開発途上のニホンウナギ等については、育種そのものよりもむしろ育種のための前提条件（a. ハンドリング：取り上げられないとその先の作業が出来ない。b. 成熟制御：交配のためには雌雄ともにタイミングを合わせた成熟が必要。凍結精子を使えば、雌の制御だけで受精可能。c. 人工授精：交配の管理のためには、一対一交配が基本。d. 養成管理技術：系統維持システム。精子凍結管理、胚凍結技術開発。）を解決する道筋を明らかにすることが、必要である。魚類では、集団としての遺伝的多様性に富んでいる（選抜が進んでいない）ことや、産仔数が多いことなど、育種を進める上での有利なことも多い。クロマグロ等人工種苗生産技術が未だ完成していない種については、そのようなことを踏まえ、育種に向けた準備を進める必要がある。

なお、育種のために克服すべき要素技術として以下のものが想定される。

- ①国レベルでの育種関連のプロジェクト研究や事業の確保
- ②家系・系統等の作出者の権利を保障・保護するための登録制度の確立
- ③家系・系統飼育の危険分散体制の確立
- ④有用・実験家系・系統を作出・維持するための支援制度の確立
- ⑤凍結保存、雌性発生等染色体操作技術、成長・抗病などに関連する遺伝マーカーの開発等、ゲノム育種関連基礎研究の推進
- ⑥産・官・学共同研究体制の確立
- ⑦最新の育種技術情報等を共有するための指導・研修体制の確立
- ⑧周年採卵法の確立

①クロマグロ

育種研究を効率的に進めるため、安定した採卵・仔稚魚の飼育技術、人工授精や優良形質を持った個体を選抜するためのハンドリング技術等の開発を進める。

②ニホンウナギ

ゲノム情報を活用して連鎖地図を充実すると共に、良質な卵の安定確保に向けた催熟技術の開発を進める。さらに全ゲノム解析を行う。

③介類（アコヤガイ、マナマコ）

アコヤガイ、マナマコ両種ともに、有用遺伝子（生理活性因子、高成長、抗病性、温度耐性、色や味など商品価値に関わる遺伝子）の同定及び育種に利用出来るマーカー開発のために、全ゲノム解析と EST 解析を行う。さらに、将来は、アコヤガイやマナマコの全ゲノム解析により、有用遺伝子の同定、利用法開発、抗病性、高成長、商品価値向上のための有用形質に関する育種を行い、養殖用品種の開発を目指す。

④餌料生物

初期種苗の安定供給のため餌料生物の育種は急務である。長崎大学等の大学及び民間企業等との共同研究により、代表的な餌料生物であるシオミズツボワムシ全ゲノム解析と EST 解析により有用種、株の判別技術を開発し、優良形質を備えた餌料生物の育種、品種確立を目指す。

6) 水産生物由来の新素材開発(海からの恵みで環境や健康を守る)

①有用物質生産

バイオ海藻構成多糖類を分解してエタノールなどの新エネルギー物質を生み出す微生物を探索して、ゲノム解析を行い、目的遺伝子のクローニングや発現解析、トランスクリプトーム解析を行い、特性を把握する。将来的には、実際の新エネルギーの産生実用化に向けて、微生物の遺伝子改変等を行い目的の機能を持つ微生物を作出する技術を実用化する。

②レアメタル回収

テクノチウム、ストロンチウム、コバルトなどのレアメタルを特異的に菌体に蓄積する微生物をスクリーニングし(マルチトレーサー法)、その蓄積に関わる遺伝子を特定する。タンパク質の構造解析などからこの特異性を生み出すメカニズムを解明し、特異性を有する吸着剤の開発等により、海水から効率的にレアメタルを回収する技術開発を推進する。

③その他

クロマグロゲノムデータベースを利用する比較ゲノム解析、及び遺伝子・蛋白質・代謝物の網羅的な解析によって、低温酵素、ストレスタンパク質、シャペロン、その他の新規酵素系遺伝子を特定する解析手法を開発する。クロマグロ、ブリ等魚類由来培養細胞遺伝子発現系を利用して、未同定の遺伝子群から新規物質生産系を確立する。特に、マグロ類由来新規セレン化合物は、ヒトを含む高等動物における抗酸化機能の本質を担う分子であるので、ヒト及び魚類におけるセレノプロテオミクスの解析手法を確立し、魚食によるセレンアミノ酸の摂取によるがん、生活習慣病、老化などの予防効果を解明し、長寿高齢化社会における魚食の有用性を検証する。

IV. 参考文献

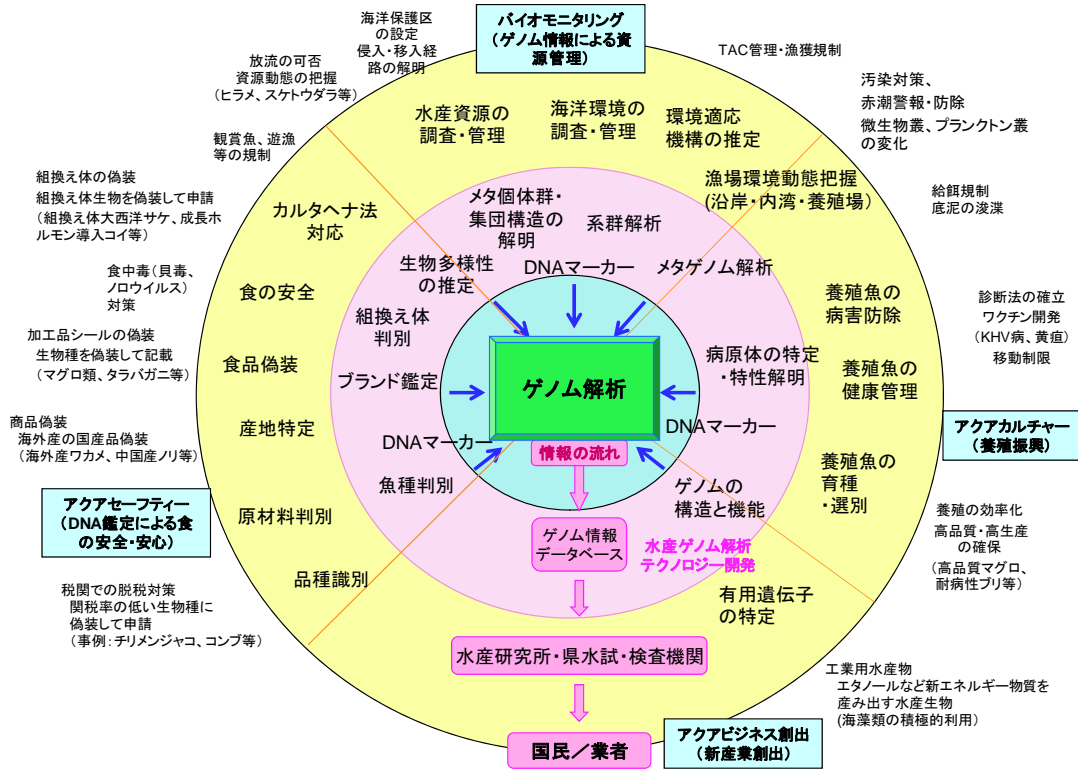
- Armbrust EV, Berges JA, Bowler C, Green BR, Martinez D, Putnam NH, Zhou SG, Allen AE, Apt KE, Bechner M, Brzezinski MA, Chaal BK, Chiovitti A, Davis AK, Demarest MS, Detter JC, Glavina T, Goodstein D, Hadi MZ, Hellsten U, Hildebrand M, Jenkins BD, Jurka J, Kapitonov VV, Kroger N, Lau WWY, Lane TW, Larimer FW, Lippmeier JC, Lucas S, Medina M, Montsant A, Obornik M, Parker MS, Palenik B, Pazour GJ, Richardson PM, Rynearson TA, Saito MA, Schwartz DC, Thamatrakoln K, Valentin K, Vardi A, Wilkerson FP, Rokhsar DS (2004). The genome of the diatom *Thalassiosira pseudonana*: ecology, evolution, and metabolism. *Science* **306**: 79–86.
- Brinkman DL, Burnell JN (2009) Biochemical and molecular characterization of cubozoan protein toxins. *Toxicon* **54**: 1162-1173.
- Chen HL, Li SS, Huang R and Tsai HJ (2008) Conditional production of a functional fish growth hormone in the transgenic line of *Nannochloropsis oculata* (eustigmatophyceae). *J. Phycol.* **44**, 768-776.
- Christen R (2008) Global sequencing: A review of current molecular data and new methods available to assess microbial diversity. *Microbes Environ* **23**: 253-268.
- Christoffels A, Esther G L, Koh JC, Sydney B, Samuel A, and Byrappa V (2004) Fugu Genome Analysis Provides Evidence for a Whole-Genome Duplication Early During the Evolution of Ray-Finned Fishes. *Mol. Biol. Evol.* **21(6)**: 1146-1151. DOI: 10.1093/molbev/msh114. (<http://www.aseanbiotechnology.info/Abstract/21024600.pdf>)
- Cnaani A, Hallerman EM, Ron M, Weller JI, Indelman M, Kashi Y, Gall GAE, Hulata G (2003) Detection of a chromosomal region with two quantitative trait loci, affecting cold tolerance and fish size, in an F-2 tilapia hybrid. *Aquaculture*, **223**:, 117-128.
- DeLong EF (2009) The microbial ocean from genomes to biomes, *Nature* **459**: 200-206.
- Duchaud E, Boussaha M, Loux V, Bernardet JF, Michel C, Kerouault B, Mondot S, Nicolas P, Bossy R, Caron C, Bessieres P, Gibrat JF, Claverol S, Dumetz F, Le Henaff M, Benmansour A (2007) Complete genome sequence of the fish pathogen *Flavobacterium psychrophilum*. *Nature Biotechnology* **25**: 763-769.
- Dyrhman ST. (2008). Molecular approaches to diagnosing nutritional physiology in harmful algae: Implications for studying the effects of eutrophication. *Harmful Algae* **8**: 167-174.
- Erdner DL, Anderson, DM (2006) Global transcriptional profiling of the toxic dinoflagellate *Alexandrium fundyense* using massively parallel signature sequencing. *BMC Genomics* **7**, doi:10.1186/147-12164-7-88.
- FINAL REPORT FP 5: Quality of Life and Management of Living Resources. Shared-cost RTD Project, Project full title: Reproduction of the Bluefin Tuna in Captivity -feasibility study for the domestication of *Thunnus thynnus*. *Project Acronym: REPRO-DOTT*, Contract number: Q5RS-2002-0153
- 福田、渡部、中村編 (2006) 水産物の原料・産地判別. 恒星社厚生閣
- Hackett JD, Scheetz TE, Yoon HS, Soares MB, Bonaldo MF, Casavant TL, Bhattacharya D. (2005) Insights into a dinoflagellate genome through expressed sequence tag analysis. *BMC Genomics* **6**: doi:10.1186/147-2164/6/80.
- Hedgecock D, Gaffney PM, Gouletquer P, Guo XM, Reece K, Warr GW (2005) The case for sequencing the Pacific Oyster genome. *J. Shellfish Res.* **24**: 429-441.
- Jørn T, Barbara GH, Ståle JH and Bjarne G (1999) Feed intake, growth and feed utilization of offspring from wild and selected Atlantic salmon (*Salmo salar*), *Aquaculture* **180**: 237-246.
- Kapuscinski AR (2005) Current scientific understanding of the environmental biosafety of transgenic fish and shellfish. *Rev. sci. tech. Off. int. Epiz.* **24(1)**: 309-322.

- Kathleen G, Neely, James M. Myersa, Jeffrey J. Harda and Karl D. Shearera, (2008) Comparison of growth, feed intake, and nutrient efficiency in a selected strain of coho salmon (*Oncorhynchus kisutch*) and its source stock. *Aquaculture* **283**: 134-140.
- Kawashima Y, Nagai H, Ishida M, Nagashima Y, Shiomi K (2003) Primary structure of echotoxin 2, an actinoporin-like hemolytic toxin from the salivary gland of the marine gastropod *Monoplex echo*. *Toxicon* **42**: 491-497.
- Kellmann R, Mihali TK, Jeon YJ, Pickford R, Pomati F, Neilan BA (2008) Biosynthetic intermediate analysis and functional homology reveal a saxitoxin gene cluster in cyanobacteria. *Applied And Environmental Microbiology* **74**: 4044-4053.
- Kryukov GV, Castellano S, Novoselov SV, Lobanov AV, Zehrab O, Guigo R, Gladyshev VN (2003) Characterization of mammalian selenoproteomes. *Science* **300**: 1439-1443.
- Lin S, Zhang H, Hou Y, Zhuang Y, Miranda L 2009 High-level diversity of dinoflagellates in the natural environment, revealed by assessment of mitochondrial *cox1* and *cob* genes for dinoflagellate DNA barcoding *Applied Environmental microbiology*, **75**: 1279-1290.
- Maldini M, Marzano FN, Fortes GG, Papa R, Gandolfi G Maldini M. *et al.* (2006) Fish and seafood traceability based on AFLP markers: Elaboration of a species database. *Aquaculture* **261**: 487-494.
- Moen T, Agresti JJ, Cnaani A, Moses H, Famula TR, Hulata G, Gall GAE, May B (2004) A genome scan of a four-way tilapia cross supports the existence of a quantitative trait locus for cold tolerance on linkage group 23. *Aquaculture Research* **35**, 893-904.
- 村田 修 (1998) 海産養殖魚の品種改良に関する研究、*近畿大学水産研究所報告* **6**: 1-101.
- Nagai H, Takuwa K, Nakao M, Ito E, Miyake M, Noda M, Nakajima M (2000) Novel proteinaceous toxins from the box Jellyfish (Sea Wasp) *Carybdea rastoni*. *Biochemical and Biophysical Research Communications* **275**: 582-588.
- Nagai H, Takuwa-Kuroda K, Nakao M, Oshiro N, Iwanaga S, Nakajima T (2002) A novel protein toxin from the deadly box jellyfish (Sea Wasp, Habu-kurage) *Chiropsalmus quadrigatus*. *Biosci. Biotechnol. Biochem.*, **66**: 97-102.
- Nagai S, Nishitani G, Sakamoto S, Sugaya T, Lee CK, Kim CH, Itakura S, Yamaguchi M (2009) Genetic structuring and transfer of marine dinoflagellate *Cochlodinium polykrikoides* in Japanese and Korean coastal waters revealed by microsatellites. *Molecular Ecology* **18**: 2337-2352.
- 名古屋、岡本、正岡他 (2008) 成長ホルモン遺伝子を導入した遺伝子組換えアマゴ *Oncorhynchus masou ishikawae* の作出。 *水産育種* **38**, 105-111.
- Ogden R. (2008) Fisheries forensics: the use of DNA tools for improving compliance, traceability and enforcement in the fishing industry. *Fish and Fisheries* **9**: 462-472.
- Ota E, Nagai H, Nagashima Y, Shiomi K (2006) Molecular cloning of two toxic phospholipases A2 from the crown-of-thorns star fish *Acanthaster planci* venom. *Comparative Biochemistry and Physiology, Part B* **143**: 54-60.
- リン酸化 CDC48 抗体及びそれを用いるリン酸化シグナル測定法, 特願 2007-295602,
- Rohwer F, Thurber RV (2009) Viruses manipulate the marine environment. *Nature*, **459**: 207-212.
- 瀬々潤、池村淑道 (2008) ライフサイエンスにおけるデータベース構築のための人材育成。 *蛋白質核酸酵素* **53(1)**: 87-93.
- Seshadri R, Kravitz SA, Smarr L, Gilna P, Frazier M (2007) CAMERA: a community resource for metagenomics. *PLoS Biology* **5**: e75.
- Sherwood AR, Chan YL, Presting GG (2008) Application of universally amplifying plastid primers to environmental sampling of a stream periphyton community.

- Mol. Ecol. Resources* **8**: 1011-1014.
- Shiomi K, Midorikawa S, Ishida M, Nagashima Y, Nagai H (2004) Plancitoxins, lethal factors from the crown-of-thorns star fish *Acanthaster planci*, are deoxyribonucleases II. *Toxicon* **44**: 499-506.
- Siezen RJ, Wilson G (2009) Genomics of deep-sea and sub-seafloor microbes, *Microb Biotech*, **2**: 157-163.
- Soetaert A, van der Ven K, Moens LN, Vandenbrouck T, van Remortel P, De Coen WM (2007) *Daphnia magna* and ecotoxicogenomics: gene expression profiles of the anti-ecdysteroidal fungicide fenarimol using energy-, molting- and life stage-related cDNA libraries. *Chemosphere* **67**: 60-71.
- Somorjai IML, Danzmann RG, Ferguson MM (2003) Distribution of temperature tolerance quantitative trait loci in Arctic charr (*Salvelinus alpinus*) and inferred homologies in rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*). *Genetics* **165**: 1443-56.
- Suga K, Tanaka Y, Sakakura Y, Hagiwara A (2007) Inheritance of mitochondrial DNA in the rotifer *Brachionus plicatilis*. *Hydrobiologia* **593**: 167-173.,
- Suga K, Welch DBM, Tanaka Y, Sakakura Y, Hagiwara A (2008) Two circular chromosomes of unequal copy number make up the mitochondrial genome of the rotifer *Brachionus plicatilis*. *Mol. Bio. Evol.* **25**(6): 1129-1137.,
- Tagami M. *et al.* (2008) Ultra-high throughput microsatellite marker development for linkage map construction by the next generation DNA sequencers. *5th World Fisheries Congress Program & Abstracts*, 373.
- Ueda A, Nagai H, Ishida M, Nagashima Y, Shiomi K (2008) Purification and molecular cloning of SE-cephalotoxin, a novel proteinaceous toxin from the posterior salivary gland of cuttle fish *Sepia esculenta*. *Toxicon* **52**: 574-581.
- Ueda A, Suzuki M, Honma T, Nagai H, Nagashima Y, Shiomi K (2006) Purification, properties and cDNA cloning of neoverrucotoxin (neoVTX), a hemolytic lethal factor from the stone fish *Synanceia verrucosa* venom. *Biochemica et Biophysica Acta* **1760**: 1713- 1722.
- Venter JC, Remington K, Heidelberg JF, Halpern AL, Rusch D, Eisen JA, Wu DY, Paulsen I, Nelson KE, Nelson W, Fouts DE, Levy S, Knap AH, Lomas MW, Nealson K, White O, Peterson J, Hoffman J, Parsons R, Baden-Tillson H, Pfannkoch C, Rogers YH, Smith (2004) Environmental genome shotgun sequencing of the Sargasso Sea. *Science*, **304**: 66-74.
- Watanabe H, Takahashi E, Nakamura Y, Oda S, Tatarazako N, Iguchi T (2007) Development of a *daphnia magna* DNA microarray for evaluating the toxicity of environmental chemicals. *Environmental Toxicology and Chemistry* **26**: 699-676.
- Wintz H, Yoo LJ, Loguinov A, Wu YY, Steevens JA, Holland RD, Beger RD, Perkins EJ, Hughes O, Vulpe CD (2006) Gene expression profiles in fathead minnow exposed to 2,4-dnt: correlation with toxicity in mammals. *Toxicol. Sci.* **94**: 71-82.
- Yabu T, Shimuzu A, Yamashita M (2008) A novel mitochondrial sphingomyelinase in zebrafish cells. *J. Biol. Chem.* **283**, 29971-29982.
- 柳下直己 (2006) クロマグロ BAC ライブラリーの構築、近畿大学第8回学内 COE セミナー http://www.21coe-kinkiuniv.jp/seminar/school_seminar18/seminar/index.html
- Yamashita M (2003) Apoptosis in zebrafish development. *Comp. Biochem. Physiol.*, **136B**: 731-742.
- 吉浦康寿、岡本裕之 (2009) 突然変異育種を利用した養殖魚の効率的な新品種作出技術の開発について。 *水産育種* **39**(1): 1-7.

参考資料

水産ゲノム研究成果の利用マップ#



#

水産ゲノム研究のロードマップ#

水産ゲノム研究の各重点項目のロードマップ												
水研センター 中期計画 年度(平成)	第2期		第3期					第4期		成果の波及		
	21	22	23	24	25	26	27	28	29			
研究環境の整備と水産生物の全ゲノム解析	設備・機器	次世代型シーケンサー2台、従来型シーケンサー1台、解析用サーバー3台購入・整備		第3世代シーケンサーの整備 データベース用大型サーバーの整備							水産ゲノム研究の革新的進展	
	バイオインフォマティクス	若手研究者の育成									水産ゲノム研究の革新的進展	
	ゲノムデータベース	データベースのハード及びソフトの整備		データベースの構築と管理・運営							水産ゲノム研究の革新的進展	
	マグロゲノム	全塩基配列の解読/死亡/生残個体や高成長個体の収		複数個体のゲノム		有用遺伝子の探索と機能解明					優良形質を備えた育種品種・系群・個体判別技術	
	その他の魚類		ブリ全ゲノム解読		ウナギ全ゲノム							優良形質を備えた育種品種・系群・個体判別技術
	介類		ヒラメ全ゲノム		ワムシ全ゲノム							
水産物の安心・安全の確保技術	産地証明・産種判別・鑑定(下記)	偽装検知技術開発										産地偽装鑑定・防止技術
	有毒生物		複数種のペプチド・タンパク毒の構造遺伝子の解明			フグ毒・シガテラ等の生産に関する発現遺伝子群の解明					水産物の毒化防止技術	
	貝毒	貝毒プランクトンの全ゲノム解析		貝毒プランクトンの毒関連遺伝子の機能解明		毒関連遺伝子の発現調節技術の開発				高度貝毒検査技術 貝毒発生防止技術		
		新規移入を防止するための貝毒プランクトンの個		日本沿岸の微細藻類の遺伝子データベースの作製		全自動貝毒プランクトン自動観測 デバイ開発				貝毒発生予測技術		
	有害化学物質	有害化学物質に暴露した個体の生殖腺に発現する遺伝子の解析と応用				毒性発現機構の解明				有害物質の次世代影響解明 と環境基準値の改善		
		毒性影響評価指標遺伝子候補の探索		有害化学物質耐性遺伝子の検索と機能解明					高感度環境影響評価技術			
	遺伝子組換え水産生物	成長ホルモン組換えサケ検知法の開発	輸入される可能性のあるLMOへの対応									遺伝子組換え魚のリスク管理手法
	遺伝子組換え魚類と在来種との交雑性・競合性評価手法開発											
水産資源の調査・管理	種判別	主要1200魚介類の種判別技術を開発									水産生物の種判別技術	
	系群判別	系群判別を行うべき産業上重要種の選定		系群判別手法の開発		水産資源管理方策の策定と提案				高度資源管理技術 水産物トレーサビリティ		
	胃内容物	試料調整方法の確立		メタゲノム解析による被食物び細菌叢評価法の開発						高度水産資源管理技術		
	多様性評価	環境適応、成長、生残、生殖等に関わる遺伝子領域の特定			同領域を用いた多様性評価手法の開発		適正な種苗生産・資源管理手法の策定		生物多様性に配慮した高度種苗放流技術			

水研センター 中期計画 年度(平成)	第2期		第3期				第4期		成果の波及	
	21	22	23	24	25	26	27	28		29
海洋環境の調査・管理技術	環境評価	日本海(固有水)や黒潮流軸域についてメタゲノム解析による微生物叢に関するデータの蓄積	深海微生体の未知機能の解明	深海底層海底土コア中のメタゲノム解析および深海へ輸送される降下物のメタゲノム解析			水平および鉛直方向への微生物輸送機構の解明と定量化		高度海洋環境変動モニタリング技術 漁場形成予測技術	
		特定の自然現象・環境指標となる微生物あるいは微生物叢の特定	飼育生物の生残、成長率と関連して出現する微生物遺伝子の抽出	特定した微生物の簡易検出法の開発	微生物叢の特徴から環境変化(温暖化・汚染・富栄養化)をリアルタイムにモニタリングする技術開発				温暖化影響評価技術 富栄養化・汚染等の環境影響評価技術	
		注:上記「微生物」にはプランクトンを含む。								
海洋微生物		メタゲノム解析から新規有用酵素やタンパク質ファミリーをコードする新規遺伝子群の探索、海洋微生物の未知機能の解明	各遺伝子の機能解析				現場環境変動に対する微生物群集の機能解明		高度海洋微生物モニタリング技術 未知の海洋微生物利用技術	
		飼育水槽中の微生物群集の遺伝子組成の把握	飼育生物の生残、成長率と関連して出現する微生物遺伝子の抽出	抽出した遺伝子の検出法の開発と飼育生物の成長・生残率との関係の検証			飼育環境中の微生物相の制御技術の開発		微生物による養殖環境制御技術	
養殖生産技術	高成長	LMO魚についてのリスク研究	DNAマーカーの探索と活用						遺伝子組換え技術の導入検討	
	高温耐性	高温耐性関連遺伝子群の単離、解析	温度耐性系統の選抜						温暖化に適応した育種品種	
	耐病性系統		ヒラメ全ゲノム解析						ヒラメの連鎖球菌症、エドワジエラ症抵抗性遺伝子領域の特定	
			ブリ全ゲノム解析						ブリのハダダム抵抗性遺伝子領域の特定	
		バックライブラリー作製	ラディエーションハイブリッドパネルの作製	連鎖地図と物理地図との統合と検証					耐病性育種品種開発への基盤情報提供	
				トラフグ優良形質突然変異体を用いた耐病性系統の作出					トラフグの口白症、ヘテロボツリウム症耐病性系統の作出	
	産肉性	メダカ優良形質突然変異体の評価							肉質が高品質なトラフグ品種の作製	
		トラフグ優良形質突然変異体の作出技術と評価技術の確立	トラフグ優良品種の作製							
	健苗性評価技術	モデル種の選定	組織毎のEST解析	他魚種への応用・拡大					人工種苗の健苗性評価技術と健苗性を有する放流人工種苗生産技術	
			メタボローム解析							
	餌料生物		ワムシ全ゲノム解析	ゲノム遺伝子によるワムシ有用特性の検証						優良形質を備えた餌料生物の育種品種
				種・株の判別技術の開発						
				各系統の管理・保存						
			ワムシ体内のメタゲノム解析(共生菌等の把握)							
	無脊椎動物養殖		全ゲノム解析	有用遺伝子の同定				有用遺伝子の利用		養殖用品種開発
			耐病性、高成長、商品価値向上など有用形質に対する育種							
性決定			ウナギ・マグロ等ゲノム解析による性決定遺伝子の同定						性制御が困難な魚類の成熟促進・採卵技術	
病原体毒性		ワクチン作製が困難な主要病原体の全ゲノム解析	主要病原体の全ゲノム解析						効果的魚類ワクチン作製技術	
		メタゲノム解析による不明病の解明	株間の比較による宿主特異性遺伝子等の解明						原因不明病の診断技術	
			メタゲノム解析による養殖環境中の主要病原体の動態把握						感染症の防疫技術	
健康管理		免疫系細胞の網羅的EST解析	迅速免疫機能評価法の開発						ワクチン評価技術 ワクチン作製	
			新世代ワクチンの作製							
新素材	有用物質生産	エネルギーの選定	候補生物の収集とゲノム解析	微生物操作(遺伝子組換え体による有用物質の物質生産)					海洋バイオエネルギー生産技術	
	レアメタル回収	レアメタルを特異的に菌体に蓄積する微生物の探索	蓄積に関わる遺伝子の特定	蓄積メカニズムの解明と吸着剤の開発					汚染重金属除去技術 海洋有用微量金属回収技術	
	その他	代謝経路酵素群の遺伝子同定	生物種間での比較ゲノム解析						海洋生物に特異的な有用機能性物質の利用技術	
		マグロ培養細胞系の確立	リコンビナント酵素・タンパク質の製造技術開発 酵素の利用法開発						海洋生物に特異的な新たな酵素の利用技術	
		マグロ等ゲノム解析に基づくセレノプロテオミクスの開発				魚食の健康機能性、とくに生活習慣病の予防効果、長寿命への効果解明		海洋生物由来の新薬開発		
育種基盤技術(参考)	マグロ完全養殖	親魚ハンドリング技術開発、人工授精	ハンドリング技術、人工授精技術の高度化(予算未定)						大量人工種苗生産技術 人為交配技術	
		種苗生産技術の実用化								
		人工種苗の親養成	完全養殖達成	人工第2世代養成	F2産卵	F3養成		育種家系の継代飼育 優良親魚群の確保		
ウナギ完全養殖	良質親魚の生産、良質卵の安定的確保のための成熟技術の開発	良質な配偶子を生産する優良親魚の選抜とその系統化								

用語集#

アセンブラ (フグ Jazz、ミドリフグ Arachne、メダカ Ramen) : 従来型や次世代型の高速度シーケンサーで取得した短い DNA 塩基配列を、相互に重複させながら連結し、長い一連の配列として再構築するためのソフトウェア。真核生物のゲノムを 1 度に取り扱うような大規模なアセンブルに専用のソフトウェアがいくつかの研究グループにより開発された。Jazz, Arachne, Ramen などではそれらの代表例である。

EST 解析 : EST は expressed sequence tag (発現配列タグ) の略。ある生物の伝令 RNA (メッセンジャー RNA : mRNA) から作製した相補的 DNA (cDNA) の断片配列を解析し、その生物で実際に発現している遺伝子を網羅的に解析すること。

遺伝子組換え体 : ある生物のゲノムに、他の生物由来の遺伝子の一部を挿入して機能させることにより、その生物に新しい形質を付与させる等の改変がなされたものを言う。生物多様性条約では GMO (Genetically Modified Organism) の用語が、カルタヘナ議定書では特に「生きているもの」を指して LMO (Living Modified Organism) の用語が使用されている。

遺伝的多様性 : ある生物集団の遺伝的背景が同一ではなく、ゲノム毎に構造と機能に差のある多くの遺伝子の組から構成されていること。遺伝的に多くの変異体が存在すること。

SNPs (single nucleotide polymorphisms) : 一塩基多型。一塩基の置換 (点突然変異) によって生じた多型である。ゲノム中に高頻度に分布し多型性が失われることが少ないため、連鎖解析や関連解析に用いられている。

ゲノムブラウザ (Ensemble) : ゲノム解析の結果をビジュアルに、俯瞰的に表示するソフトウェア。遺伝子や DNA 塩基配列情報のゲノム上の位置や、その周辺の構造や特性を調べることなどに利用される。

交雑性 : 一般的には、1 つの魚種が他の魚種と交配して次世代 (F1) を作れるかどうかと言うこと。カルタヘナ議定書関係で交雑性影響評価と言う場合は、遺伝子組換え魚 (例えばゼブラフィッシュや大西洋サケ) が日本で飼育され自然界に逃亡したことを想定し、遺伝子導入の宿主となった魚種と在来種との間で交雑試験を行い、得られた後代が雑種であることを DNA マーカーを用いて証明し、実際に得られた交雑後代が交雑種であることを証明することによって交雑の可能性を検討し、国内の生物多様性に及ぼす影響を評価すること。

サキトキシン (Saxitoxin, STX) : 主にアレクサンドリウム属 (*Alexandrium tamarense* など) の貝毒原因渦鞭毛藻が作る毒物の一種。その藻類を食べることで、通常は毒を持たない貝類などが毒化することがある。また、水の華を形成するシアノバクテリア (*Anabaena circinalis*) や淡水性ラン藻 (*Aphanizomenon flosaquae*) などが生産するシアノトキシン的一种でもあるが、生合成経路は未解明である。サキトキシンには約 30 種の同族体が存在する。

サンドイッチハイブリダイゼーション : 標的とする DNA 塩基配列に相補的な核酸断片を少なくとも二つ使用し、一つは固相に結合させ、もう一つは標識して検出に用いることにより、核酸分子を正確に同定する技術。

産肉性 : 畜産用語の一つで、効率的に肉を生産する性質。ブタでは産肉能力として、日平均増体重、飼料要求

率やロース断面積、皮下脂肪厚などの各測定項目が設定されている。

cDNA : mRNA を鋳型として逆転写酵素で合成した DNA。「相補的」を意味する英語、complementary の頭文字をとって、cDNA と省略される。

次世代型高速シーケンサー (長鎖型と短鎖型) : DNA 塩基配列を無作為に同時並行的に解読する装置。狙った配列を逐次的に解読する従来型とは違って、大量の配列データを高速に取得することが出来る。数百塩基程の比較的長い塩基配列を同時に 100 万個程度取得出来る長鎖型と、数十塩基程度の短い配列を 1 億個程度取得出来る短鎖型があり、目的に応じて使い分け利用されている。前者の代表例が LaRoche 社の 454 であり、後者の代表例がイルミナ社製のものである。

ショットガンシーケンス : 解読する領域の DNA を短く切断し、各断片の塩基配列を読み取り、アセンブラにより再構築する技術。組換え DNA 技術を利用しないため比較的安価に行うことが出来、最近では多用されている。

GenBank, DDBJ, EMBL : 国際 DNA データベースの、世界における 3 つの核となる拠点。GenBank は米国が、DDBJ は日本が、EMBL はヨーロッパがそれぞれ運営している。相互に連絡を取り合い、DNA 情報を共有している。最近ではゲノム情報などの大量データにも対応している。

全ゲノム解析 : 生物が持つ遺伝情報の全体を解析すること。DNA シーケンサーによる塩基配列解読、アセンブラによる塩基配列の再構築、ゲノムブラウザなどの、各種バイオインフォマティクス技術を総動員して行われる。

多型性 : 生物の集団に見られる形質の個体差。個体差のうち、あるものは遺伝子による支配を受けている。または DNA 塩基配列そのものの個体差を指すこともあり、この場合には、塩基配列に見られる差異と形質との対応が不明なものも含まれる。遺伝子または DNA 塩基配列の多型の程度を遺伝的多様性という。

DNA チップ : ガラスや樹脂などの基板 (チップ) 上に数千から数万種類の DNA 断片を高密度に固定したもの。この上に蛍光標識した DNA をハイブリダイズさせることにより、目的とする遺伝子の発現の有無や量的な変化を解析出来る。

ドウモイ酸 : 海産珪藻シュードニッチャ属の数種が産生する神経毒であり、神経系に作用して記憶障害等を起こす。この藻類を餌として摂食した魚の筋肉中にドウモイ酸が蓄積するため、人間がドウモイ酸を蓄積した魚介類を食べると記憶障害等が起きる。魚を大量に食べる海獣類、海鳥、鯨などが、これにより死亡する例が報告されている。

トランスクリプトーム : 一樣の分化状態の細胞中に存在する全ての mRNA (ないしは一次転写産物、transcripts) の全体。

バイオインフォマティクス (Bioinformatics) : 応用数学、統計学、コンピューター技術などを活用し、生命現象を情報科学として取り扱う学問分野。主な対象分野は、DNA やアミノ酸配列、ゲノム構造の解析、進化モデル分析。

バイオフィーム (Biofilm) : 微生物 (細菌、微細藻類、原生動物等) が岩石等の表面に形成する薄い皮膜のことをさす。水中でよく発達し、基質の種類や環境によって様々な特徴を持った生物群集が形成される。バイオフィーム内では一般に生物活性が高く、

物質分解等の微生物機能面からも重要視されている。

BAC ライブラリー：BAC は bacterial artificial chromosome (バクテリア人工染色体) の略。この BAC にゲノム DNA 断片を挿入して大腸菌に導入する。このようにして作製された、ある生物の全ゲノム DNA 断片を含む BAC の集合体を BAC ライブラリーという。

FISH：fluorescence *in situ* hybridization (蛍光 *in situ* ハイブリダイゼーション) の略。蛍光物質で標識した核酸断片を用いて標的とする DNA や RNA とハイブリッド (二本鎖核酸分子) を形成させ、染色体上や細胞内における標的核酸の存在場所を蛍光顕微鏡で検出する技術。

比較ゲノミクス：異なる生物の間でゲノム DNA の塩基配列やタンパク質の構造を比較することにより、それらの進化上の関係や進化の過程を推定したり、未知の遺伝子の機能を予測したりする学問領域。

PCR 法 (ポリメラーゼ連鎖反応)：DNA を増幅するための手法で、ヒトのゲノムのような非常に長大な DNA 分子の中から、自分の望んだ特定の DNA 断片 (数百から数千塩基対) だけを選択的に増幅させることができる。極めて微量な DNA 溶液で目的を達成出来ると共に、増幅に要する時間が 2 時間程度と短く、プロセスが単純で全自動の卓上用装置で増幅出来る。

β アクチンプロモーター：筋原線維タンパク質の一つであり、細胞骨格の成分として広く各組織に分布する。この遺伝子の発現を制御するゲノム DNA 上の領域 (プロモーター) に目的遺伝子を連結して細胞内に導入すると、その遺伝子を定常的に発現させることが出来る。

放射線雑種細胞 (ラディエーションハイブリッド)：放射線照射により分断された染色体を有する対象種と、増殖能の高い別種の培養細胞を細胞融合することによって作製した雑種細胞のこと。この雑種細胞中で、ゲノム地図の作製に利用する分断染色体を維持・増幅を行う。

ホルモン催熟：人工催熟の方が一般的な名称で、魚に人為的にホルモンを投与することにより、成熟の最後の段階を促進して精子や卵を採取すること。クロマグロの育種で言う場合は、人工交配を可能にするため、成熟したクロマグロにホルモン投与をして、卵や精子を採取すること。

マイクロサテライトマーカー：ゲノム DNA の中で、2 塩基から 5 塩基程度の塩基配列の単純な繰り返しからなる部分を言う。繰り返し回数が非常に多型性に富むため、親子鑑定等に用いられる。有用遺伝子の染色体上の位置情報を決定するためにも利用される。

麻痺性貝毒：海産渦鞭毛藻や淡水性ラン藻などの植物プランクトンがサキシトキシン、ゴニオトキシン、あるいはその類縁体を産生し、二枚貝がこれら有毒プランクトンを餌として摂取した結果、体内に毒が蓄積される。毒が蓄積した貝を人が食べることで麻痺

を起こす。その薬理作用はフグ毒のテトロドトキシンと同じで、神経細胞のナトリウムチャンネルをブロックして細胞外からのナトリウムイオンの流入を阻害するため、まず始めに運動神経麻痺が起こり、それが次第に全身へと広がって最終的には呼吸麻痺により死に至る。

ミトコンドリア DNA (mtDNA)：細胞内小器官であるミトコンドリアの内部にある DNA のこと。形態は環状で、母系遺伝する。動物の mtDNA は約 16,000 塩基の配列からなる。mtDNA に載っている遺伝子は動物界でほぼ共通しており、その進化速度が核ゲノム DNA に比べて 10 倍程度速いので、近縁生物の種判別や系統解析に多用される。

mtDNA 解析 (16S-rRNA、PCR-RFLP 法)：mtDNA を用いて種判別や系統解析を行う際、進化的に遠い動物同士を比較する場合、16S-rRNA が多用される。この遺伝子は mtDNA の中では比較的進化速度が遅く、また全ての動物に適用可能なユニバーサルプライマーが設計されている。別の解析法として、PCR で特定の領域を増幅して塩基配列を直接比較する方法、制限酵素で PCR 産物を切断してそのパターンを比較 (PCR-RFLP、PCR-制限酵素切断長多型) する方法も一般的である。

メタゲノム解析：「高次」という意味の「メタ」と「ゲノム」から作られた造語。自然界の多種多様な微生物集団から直接ゲノム DNA を調製し、そのまま塩基配列を決定してゲノム情報を取得することにより、構成菌種や遺伝子組成等を解析すること。

メタン酸化細菌：メタンを唯一の炭素源として生育する微生物。化学的に安定なメタンを酸化分解する能力を持つことから、メタンからのメタノール合成反応や、揮発性有機塩素化合物汚染の微生物浄化などに利用されている。

ラディエーションハイブリッドパネル：放射線雑種細胞を使い、ゲノム物理地図を作製する際に使用する通常 100 程度の放射線雑種細胞のクローン集団あるいはその DNA 集団のこと。放射線雑種細胞中に含まれる対象種の分断された染色体集団 (パネル) を用いて算出した各遺伝子間の分断頻度を、物理的距離に換算し、物理地図の作製を行う。この方法の特徴は、多型の有無にかかわらずすべての DNA マーカーが地図作製に利用できる。

LAMP 法：loop-mediated isothermal amplification の略で、栄研化学株式会社が開発した DNA 増幅法。標的遺伝子の 6 つの領域に対して 4 種類のプライマーを設定し、鎖置換反応を利用して一定温度で反応させることにより、DNA の増幅から検出までの工程を 1 ステップで行うことが出来る技術。

リアルタイム PCR：ポリメラーゼ連鎖反応 (PCR) 法により目的とする DNA 断片を増幅し、その産物をリアルタイムで検出することにより鋳型となる DNA を定量する技術。

連鎖地図：染色体上の遺伝子の位置情報を示す遺伝子地図の一種。交配後の遺伝子組み換え率や交差率から求めた遺伝子間の距離を基に作成する。

水産ゲノム研究連絡会#

外部委員(50音順)

岡本 信明	東京海洋大学海洋科学部 海洋生物資源学科教授
久原 哲	九州大学大学院 農学研究院遺伝子資源工学部門遺伝子制御学講座教授
五條堀 孝	国立遺伝学研究所 副所長・教授
武井 篤	水産庁 増殖推進部 研究指導課長
服部 正平	東京大学大学院 新領域創成科学研究科オーミクス情報センター教授
平井 光行	水産庁 増殖推進部 参事官
渡部 終五	東京大学大学院 農学生命科学研究科・農学部教授

内部委員

井上 潔	水産総合研究センター 理事
和田 時夫	水産総合研究センター 研究推進部 部長
内田 卓志	水産総合研究センター 中央水産研究所 所長
飯田 貴次	水産総合研究センター 養殖研究所 所長
丸山 敬悟	水産総合研究センター 研究推進部 次長

事務局

中島 員洋	水産総合研究センター 中央水産研究所 水産遺伝子解析センター長
大原 一郎	水産総合研究センター中央水産研究所水産遺伝子解析センター上席研究員
岡崎 登志夫	水産総合研究センター中央水産研究所水産遺伝子解析センター主任研究員
斉藤 憲治	水産総合研究センター中央水産研究所水産遺伝子解析センター主任研究員
小林 敬典	水産総合研究センター中央水産研究所水産遺伝子解析センター主任研究員
尾島 信彦	水産総合研究センター中央水産研究所水産遺伝子解析センター主任研究員
菅谷 琢磨	水産総合研究センター中央水産研究所水産遺伝子解析センター主任技術開発員
生田 和正	水産総合研究センター 研究推進部 チーフ研究開発コーディネーター
乙竹 充	水産総合研究センター 研究推進部 研究開発コーディネーター

ワーキングチーム

安藤 忠	水産総合研究センター北海道区水産研究所 海区水産業研究部 室長
岡本 裕之	水産総合研究センター養殖研究所 生産技術部 主任研究員
加藤 雅也	水産総合研究センター西海区水産研究所 業務推進部 課長
釜石 隆	水産総合研究センター養殖研究所 病害防除部 主任研究員

黒川 忠英	水産総合研究センター東北区水産研究所海区水産業研究部 室長
坂見 知子	水産総合研究センター東北区水産研究所海区水産業研究部 室長
山下 倫明	水産総合研究センター中央水産研究所 利用加工部 室長
升間 主計	水産総合研究センター栽培漁業センター 宮津栽培漁業センター場長
小林 正裕	水産総合研究センター西海区水産研究所 浅海増養殖研究科 科長
松嶋 良次	水産総合研究センター中央水産研究所 利用加工部 研究員
仙波 靖子	水産総合研究センター遠洋水産研究所 熱帯性まぐろ資源部 研究員
中山 一郎	水産総合研究センター水産工学研究所 水産土木工学部長
張 成年	水産総合研究センター中央水産研究所 浅海増殖部 室長
長井 敏	水産総合研究センター瀬戸内海区水産研究所 赤潮環境部 主任研究員
藤井 徹生	水産総合研究センター日本海区水産研究所 海区水産業研究部 室長
藤本 賢	水産総合研究センター中央水産研究所 海洋生産部 研究員
名古屋 博之	水産総合研究センターさけますセンター サケマス研究部 室長
矢田 崇	水産総合研究センター中央水産研究所 内水面利用部 室長
柳本 卓	水産総合研究センター遠洋水産研究所温帯性まぐろ資源部 主任研究員

本戦略に関する問い合わせ先#

〒236-8648 横浜市金沢区福浦 2-12-4

水産総合研究センター 中央水産研究所 水産遺伝子解析センター

TEL : 045-788-7615 (代) FAX : 045-788-5001 ダイヤルイン : 045-788-7667