

オ. 優良人工種苗作出のための親貝選抜技術の開発

水産研究・教育機構 水産資源研究所 生命情報解析部

關野正志・中道礼一郎・山本佑樹

水産研究・教育機構 水産技術研究所 養殖部門 生産技術部

山田充哉・前田雪

【目的】

タイラギ資源量は非常に低水準で厳しい状態が続いているため、安定した人工種苗生産や母貝団地造成などを目的とした栽培漁業技術開発が進められている。これらの技術開発に加え、遺伝的多様性が高い人工種苗を生産し、移植先の天然資源に対する遺伝的影響を小さくすることは、責任ある栽培漁業を推進する上で重要な課題である。

本課題では、核 DNA の一塩基多型 (SNP) マーカーを用いてタイラギ人工種苗の親子関係を決定し、種苗の生残・成長に関する家系間 (親間) の差異を検証することとした。このようなデータは、栽培漁業における人工種苗の遺伝的多様性損失リスクの有無に関する知見となる (図 1)。例えば家系間で成長に大きな差が認められる場合、移植用に成長の良い種苗を選択すると、特定の家系に偏った個体を選ぶことになるため、移植される種苗の遺伝的多様性は低下する。一方、家系間で成長に差が無い場合は、成長の良い種苗を選択しても特定の家系に偏ることはないため、人工種苗の遺伝的多様性の損失は避けられる。また家系間の生残・成長差の有無を明らかにしておくことは、将来の養殖用優良系統作出のための基礎的情報になる。

【研究方法】

1. 親子判別用の親候補および種苗サンプル

本課題では、百島庁舎において種苗生産 (2022 年度) に用いられた瀬戸内海産 (香川沖) の親候補とそれらの子供 (種苗生産第一ラウンド) を解析の対象とした。親候補は有鱗型の雌 15 個体および雄 12 個体であり、本報告書では、雌親個体については個体番号に “F”、雄親個体については “M” を付けて識別する (例えば 4F や 29M など)。6 月 1 日に採卵し、生じた D 型幼生を初期着底群 (6 日分)、中期着底群 (6 日分) および後期着底群 (6 日分) に分けて飼育した (図 2)。採卵から約 3 か月後の 8 月 28 日に一回目の種苗サンプリングを行った (表 1; 目視で殻長 1 cm 程度)。その後、種苗が殻長 3 cm 程度に成長した段階でサンプリングを計画していたが、一回目のサンプリング後に生じた大量斃死のため、二回目のサンプリングでは十分な数の種苗が得られなかった (表 1 の 9 月 25 日サンプリング; 初期着底群の種苗はサンプリング前に全滅)。なお、大量斃死により、二回目

のサンプリングで得られた種苗の数が極めて少なかったため、本課題では種苗の生残についての統計的評価は行わなかった。親候補については採卵前に採取した血リンパ液、人工種苗については軟体部全体あるいは一部から DNA を抽出した (Maxwell RSC Blood DNA Kit, Promega)。純粋な有鱗型 (補足資料) のミトコンドリア DNA (mtDNA) 系統は L2 (mt-L2 と表記)、無鱗型は L1 (mt-L1) である (Liu *et al.*, 2011 ; Hashimoto *et al.* 2021)。シトクローム *c* オキシダーゼサブユニット I 遺伝子 (mtDNA の COI 領域) を対象とした LAMP および塩基配列解析の結果に基づくと、すべての親候補が mt-L2 系統であった。

2. ハイブリッド検出のための SNP 解析

瀬戸内海は、有鱗型と無鱗型のハイブリッドが存在する交雑域とされている (横川, 1996 ; Sekino *et al.*, in press ; 補足資料参照)。ハイブリッドは、典型的には両者の中間的な貝殻形態を有するが、外見のみですべてのハイブリッドを特定することは不可能である。さらに母系遺伝する mtDNA マーカーでは、ハイブリッドを同定することはできない。そこで RADseq 法 (Restriction site-associated DNA sequencing ; Baird *et al.*, 2008) ^{*注1} による SNP 解析により、親候補中のハイブリッドの有無を調べた。RADseq 法は基本的に Sekino *et al.* (2016) に従った。得られた SNP マーカー型 (ジェノタイプ) に基づき、ソフトウェア Adegnet (Jombert, 2008) を用いて主成分分析 (PCA) を行い、ハイブリッドの存在を可視化した。

3. 親子判別のための SNP 解析

昨年度までに、MassARRAY システム (Agena Bioscience ; Gabriel *et al.*, 2009; Ellis & Ong, 2017) の使用を前提とした有鱗型タイラギの SNP マーカーを開発した。本課題では、開発したマーカーのうち 60 個を親子判別に使用した。親候補および種苗 DNA サンプルの PCR、PCR 産物の精製および一塩基伸長反応には、Comp iPLEX Gold Genotyping Set (Agena Bioscience) を用い、各実験ステップは Agena Bioscience から提供されているプロトコルに準拠した。得られたジェノタイプに基づき、ソフトウェア PARFEX (Sekino & Kakehi, 2012) を用いて親子判別を行った。親候補がすべてサンプリングされている閉鎖集団が対象であったため、最も単純かつ頑健な排除法 (Exclusion method) により親子関係を特定した。

【研究成果の概要】

1. ハイブリッドの検出

親候補 27 個体、福江島 (五島) の有鱗型 ($N=33$: mt-L2)、函館の無鱗型 ($N=45$; mt-

L1) および佐賀（有明海）の mt-L2 系統 ($N = 40$; 多くは有鱗型であったが、形態が不明瞭な個体も含まれていた) を対象として、RADseq 法で得られた 1,469 個の SNP マーカーに基づいて PCA により個体レベルのクラスタリングを行った (図 3)。福江島および函館産の個体はそれぞれ純粋な有鱗型と無鱗型であると考えられ (補足資料)、ハイブリッドは両者のグループの間に位置づけられる。この前提に基づくと、雌親 15 個体のうち 3 個体 (2F、4F および 12F)、雄親 12 個体のうち 1 個体 (40M) はハイブリッドであり、これらの個体のゲノム中には相当量の無鱗型 DNA が含まれていたと考えられる。

2. 人工種苗の親子判別

初期、中期および後期着底群それぞれについて親子判別を行った。種苗サンプルのうち、多くのマーカーで解析が困難であった個体およびコンタミネーションが疑われた個体は除外した (表 1)。各群において、親子関係が特定された種苗の全個体数に対する各親が残した子供の数の割合 (%) ; 以降、各親の“貢献度”と表記する) を算出した (図 4)。全群を通して、雌親候補 15 個体のうち 7 個体の子供は検出されなかった。子供を残した雌親のうち、12F の貢献度はどの群でも突出していた (60.0%–74.4%)。またいずれの群においても、90%以上の種苗は、貢献度が高い上位 3 個体の雌親 (2F、4F および 12F) に由来しており (3 個体の貢献度の総計 92.0%–97.8%)、これらの雌親はすべてハイブリッドであった (図 3)。貢献度が高かった 3 個体の雌親が偶然ハイブリッドであったということは考えにくいため、ハイブリッドの雌あるいはそれらの子供に対する何らかの生理的・遺伝的影響により、少なくとも成育初期の段階ではハイブリッドの子供が優占していたと考えられるが、そのメカニズムは不明である。一方、雄親候補については、貢献度に大きな偏りはあったものの、すべての雄親の子供が検出された。ハイブリッドの 40M も子供を残していたが、ハイブリッドの雌親と異なり、その貢献度は低かった (1.3%–3.5%)。

以降、“家系”をある親ペアに由来する子供のグループ、“ファミリーサイズ”を親子が特定された種苗の全個体数に対する各家系の子供の数の割合 (%) とする。各群における各家系のファミリーサイズを算出した (図 5 ; 個体数が多かった 8 月 28 日サンプリング分)。図 5 では、初期、中期および後期着底群のいずれの群でも 3 個体もしくはそれ以下の子供しか検出されなかった家系は除外してある。そのため、この図は貢献度が高かった雌親 2F、4F あるいは 12F のハーフシブ家系 (片親を共有する家系。この場合はそれぞれの雌親を共有する雄親違いの家系) のファミリーサイズを示すグラフである。群間でファミリーサイズの有意差は認められなかった (Wilcoxon の符号順位検定、 $P > 0.420$)。しかし個々の家系に注目すると、家系 12F $\times$ 29M (図 5 で矢印で示す) は、初期着底群では全

く検出されなかったが、中期および後期着底群では比較的高頻度で検出された（それぞれ 10.2%および 10.7%）。初期着底群の個体数が少なかったことを考慮する必要があるが、この結果は種苗の着底時期が遺伝的影響を受ける可能性があることを示唆する。

3. 人工種苗の成長の家系間差

人工種苗の殻長（最大殻長）に基づいて成長を評価した。ただしほとんどの種苗がハイブリッド由来であったことから、種苗の成長に関する遺伝的背景が複雑であり（同一家系内でも、無鱗型の遺伝子の影響を強く受けた個体と受けなかった個体が混在していた可能性がある）、結果の解釈には注意が必要である。

人工種苗の群ごとの殻長分布によると（図 6）、8 月 28 日サンプリング分については、着底後からの経過時間が長かった初期着底群ではやや大型の個体が多かったものの、群間で成長の有意差は認められなかった（二標本 t-test、 $P > 0.400$ ；殻長分布の正規性は確認済み）。また、9 月 25 日サンプリング分についても、成長の有意差は認められなかった（ $P = 0.738$ ）。個体数が多かった 8 月 28 日サンプリング分の人工種苗を対象として、家系間および親間で種苗の成長を比較した。初期、中期および後期着底群間でファミリーサイズと種苗の成長に有意差が認められなかったため、3 群をまとめた上で（種苗の総個体数 = 636）、子供の数が 10 個体以上の家系もしくは親のみを比較に用いた（図 7）。成長の有意差を、多重比較の補正（FDR；Benjamini & Hochberg, 1995）を行って検定したところ（FDR- q 値を算出）、雌親間および家系間では種苗の成長に有意差は認められなかった（FDR- $q > 0.270$ ；図 7A、7C）。一方雄親については、36 組合せのうち 10 で有意差が認められた（FDR- $q < 0.050$ ）。このうち 7 組合せは、明らかに種苗の成長が劣っていた 40M（図 7B）と 31M を除く他の雄親との組合せであった。残りの 3 組合せは、21M–25M、25M–26M および 26M–34M であり、これらの有意差は 21M と 26M 由来の種苗がやや低成長であったことに起因するが（図 7B）、M40 由来の種苗と比較すると、顕著な低成長ではなかった。なお、M40 はハイブリッドであり（図 3）、M40 由来の 19 個体の種苗のうち 13 個体はハイブリッドの雌親（2F、4F および 12F）との間の子供であったため、ハイブリッド同士の交配が、生じた種苗の低成長を導いた可能性は否定できない。

4. 成長に基づく選抜の遺伝的多様性への影響

種苗の成長に基づく選抜が遺伝的多様性に与える影響を調べた。この解析では、前記の 8 月 28 日サンプリング分の種苗（3 群をまとめた統合群）を対象にした。殻長について中央値（13.0mm）より大きい種苗を選抜し（選抜群； $N = 288$ 、殻長 14.0mm 以上）、さらに

同数をランダムに抽出した（ランダム抽出群；10 回試行）。各群に含まれる家系の数を調べたところ、統合群の家系数は 49、選抜群では 32、ランダム抽出群では 36～43（平均 ± 標準偏差 = 38.8 ± 2.8 ）であり、選抜群の家系数は、いずれのランダム抽出群の家系数よりも少なかった。選抜群における家系数の減少は、成長が劣っていた雄親 M40 の子供（ $N=19$ ）のうち、選抜群には 1 個体（殻長 18.0mm）しか含まれなかったこと、すなわち統合群に含まれていた M40 を共有するハーフシブ家系（5 家系）のうち 1 家系しか選ばれなかったことが主要因である。

次に人工種苗の有効な親数（Effective number of breeders、 N_b ）^{*注2}を求めた。 N_b は、集団（この場合は人工種苗群）の遺伝的多様性に実質的に貢献した親の数とみなすことができる。このため N_b はその集団の遺伝的多様性の指標になり、集団の N_b が高いほど遺伝的多様性が高いと考えることができる。親が残す子供の数の偏りおよび性比の偏りにより、通常 N_b は実際の親の数よりも低くなり、少数の子供しか残せなかった親は、 N_b の値にわずかしき貢献しない。本課題では、Hedrick（2000）の式（6.10a–6.10c）に従って、子供の数の偏りおよび性比の偏りを考慮して N_b を算出した。統合群の N_b は 5.3、選抜群の N_b は 4.7、ランダム抽出群の N_b は 5.0～5.4（平均 ± 標準偏差 = 5.2 ± 0.1 ）であった。なお統合群よりもランダム抽出群の N_b が高いケースがあったが（統合群 $N_b=5.3$ 、ランダム抽出群 $N_b=5.4$ ）、これは子供の数の偏りがランダム抽出によってわずかながら変動したことによる誤差が原因であり、統合群と当該のランダム抽出群の N_b に差が無かったと解釈すべきである。ソースである統合群の N_b は、親が残した子供の数の大きな偏りのため 5.3 と非常に低い値であった。そのため選抜群とランダム抽出群の N_b も低く、両者の N_b の差はわずかではあるものの、選抜群の N_b はいずれのランダム抽出群の N_b よりも低かった。前記の選抜群における家系数の減少に関する説明と同様、選抜群とランダム抽出群の N_b の差は、M40 由来の種苗が選抜群にはほとんど含まれていなかったことが主要因である。

本課題で解析したサンプルでは、低成長であった M40 由来の子供の数が少なかったために、選抜が人工種苗の遺伝的多様性に与える影響は小さかったが、成長に基づく選抜により、種苗の遺伝的多様性が損なわれる可能性が示唆された。ただし前記のように、人工種苗の成長に無鱗型の遺伝子が関与している可能性があるため、ハイブリッドを除外した親貝を用いて生産された人工種苗を対象にして再検証する必要があると考えられる。

【次年度に向けた提言】

遺伝的多様性の高い人工種苗を移植に用いることは重要である。しかし、タイラギの栽培漁業を推進する上では、本課題の結果で示された、有鱗型と無鱗型のハイブリッドを親

として種苗生産を行うリスクを回避する技術を開発すること、すなわち核 DNA マーカーを用いたより簡便なハイブリッド検出技術を開発することが、最優先で取り組むべき課題ではないかと考える。

注 1 : ゲノム DNA 中の特定の塩基配列が存在する場所で DNA を消化（切断）する制限酵素を用いて DNA を断片化し、次世代型 DNA シーケンサーを用いて切断場所の両側の短い塩基配列中に生じている SNP を検出する方法。多くの SNP マーカーを利用できる反面、実験作業が煩雑であるとともに、得られたデータのコンピュータ処理に時間を要するため、大量サンプルの解析には向いていない。

注 2 : 集団の遺伝的多様性に実質的に貢献した親の数を、世代あたりで換算した値が有効集団サイズ (Effective population size; N_e) であり、単一コホート群が対象の場合に有効な親数 (N_b) という用語を用いる。

【引用文献】

- Baird NA, Etter PD, Atwood TS, Currey MC, Shiver AL, Lewis ZA, Selker EU, Cresko WA, Johnson EA (2008) Rapid SNP discovery and genetic mapping using sequenced RAD markers. *PLoS ONE* 3: e3376.
- Benjamini Y, Hochberg Y (1995) Controlling the false discovery rate: a practical and powerful approach to multiple testing. *Journal of the Royal Statistical Society Series B* 57: 289–300.
- Ellis JA, Ong B (2017) The MassARRAY® system for targeted SNP genotyping. In: White S, Cantsilieris S (eds) Genotyping. Methods in Molecular Biology volume 1492. Humana Press, NY
- Gabriel S, Ziaugra L, Tabbaa D (2009) SNP genotyping using the Sequenom MassARRAY iPLEX platform. *Current Protocols in Human Genetics* 60: 2.12.1–2.12.18.
- Hashimoto K, Yamada K, Sekino M, Kobayashi M, Sasaki T, Fujinami Y, Yamamoto M, Choi K-S, Henmi Y (2021) Population genetic structure of the pen shell *Atrina pectinata* sensu lato (Bivalvia: Pinnidae) throughout East Asia. *Regional Studies in Marine Science* 48: 102024.
- Hedrick PW (2000) Genetics of Populations, 2nd edition. Jones and Bartlett Publishers, Sudbury, MA.
- Jombart T (2008) adegenet: a R package for the multivariate analysis of genetic markers. *Bioinformatics* 24: 1403–1405.
- Liu J, Li Q, Kong L, Zheng X (2011) Cryptic diversity in the pen shell *Atrina pectinata* (Bivalvia: Pinnidae): high divergence and hybridization revealed by molecular and morphological data.

Molecular Ecology 20: 4332–4345.

Sekino M, Kakehi S (2012) PARFEX v1.0: an EXCELTM-based software package for parentage allocation. *Conservation Genetics Resources* 4: 275–278.

Sekino M, Nakamichi R, Iwasaki Y, Tanabe AS, Fujiwara A, Yasuike M, Shiraishi M, Saitoh K (2016) A new resource of single nucleotide polymorphisms in the Japanese eel *Anguilla japonica* derived from restriction site-associated DNA. *Ichthyological Research* 63: 496–504.

Sekino M, Hashimoto K, Nakamichi R, Yamamoto M, Fujinami Y, Sasaki T (in press) Introgressive hybridization in the west Pacific pen shells (genus *Atrina*): restricted interspecies gene flow within the genome. *Molecular Ecology*

横川浩治 (1996) タイラギ 2 型の遺伝的分化. 日本貝類学会誌 55: 25–39.

【図表】

表1. 親子判別用にサンプリングされた人工種苗の個体数

	8/28サンプリング	9/25サンプリング
初期着底群	83 (75)	--
中期着底群	290 (274)	46 (43)
後期着底群	299 (289)	46 (45)

括弧内は親子判別可能であった個体の数

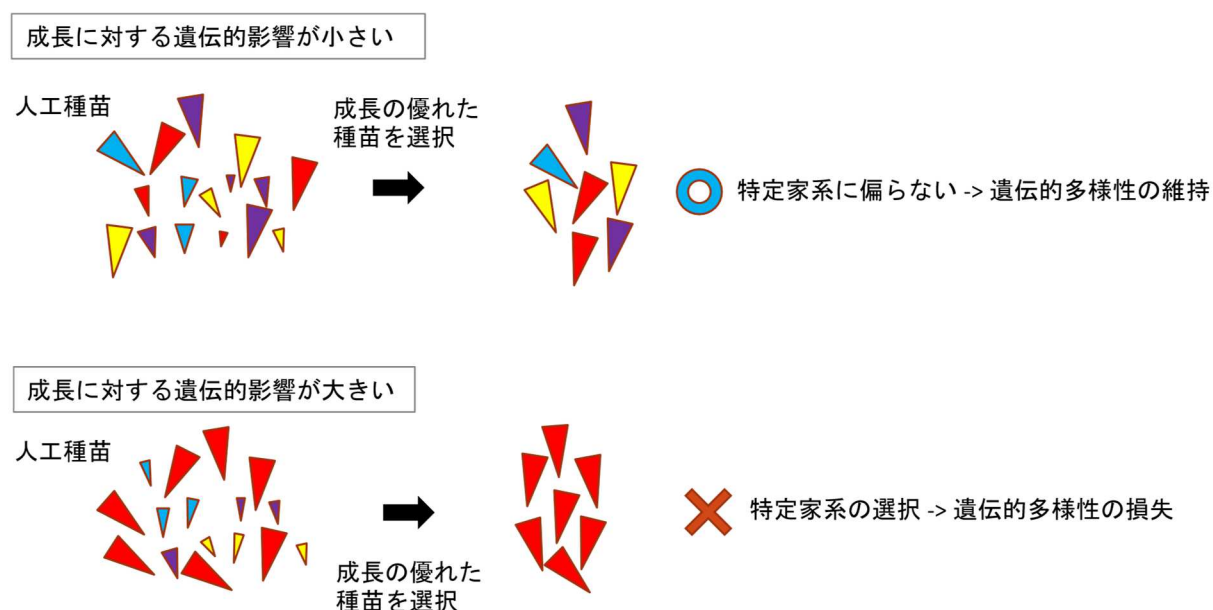


図 1. 高成長個体を選択することによる遺伝的多様性の損失の模式図

三角形はタイラギの人工種苗、各色は各家系を表す。成長に対する遺伝的影響が小さい場合（家系間で成長差が無い）、成長の優れた種苗を移植用に選抜しても、種苗は特定の家系に偏らないため、遺伝的多様性は維持される。一方、成長に対する遺伝的影響が大きい場合（家系間で成長差が大きい）、同じように成長の優れた種苗を選抜すると、特定の家系ばかりを選択することになり、遺伝的多様性の損失を導く。



図 2. 2022 年度人工種苗生産（百島庁舎）とサンプルング

6 月 1 日に採卵を行い、初期、中期および後期着底群に分けて飼育し、8 月 28 日に一回目の種苗サンプルングを行った。次のサンプルング前に種苗の大量斃死が起こり、9 月 25 日の二回目のサンプルングでは初期着底群のサンプルは得られず、中期着底群と後期着底群についても十分な数のサンプルは得られなかった（表 1）。



図 3. 主成分分析による親候補と天然タイラギの個体レベルのクラスタリング

種苗生産親候補 ($N=27$) のうち ♀3 個体と ♂1 個体は、有隣型と無隣型グループの間に位置づけられた。従ってこれらの 4 個体はハイブリッドであると考えられる（補足資料参照）。

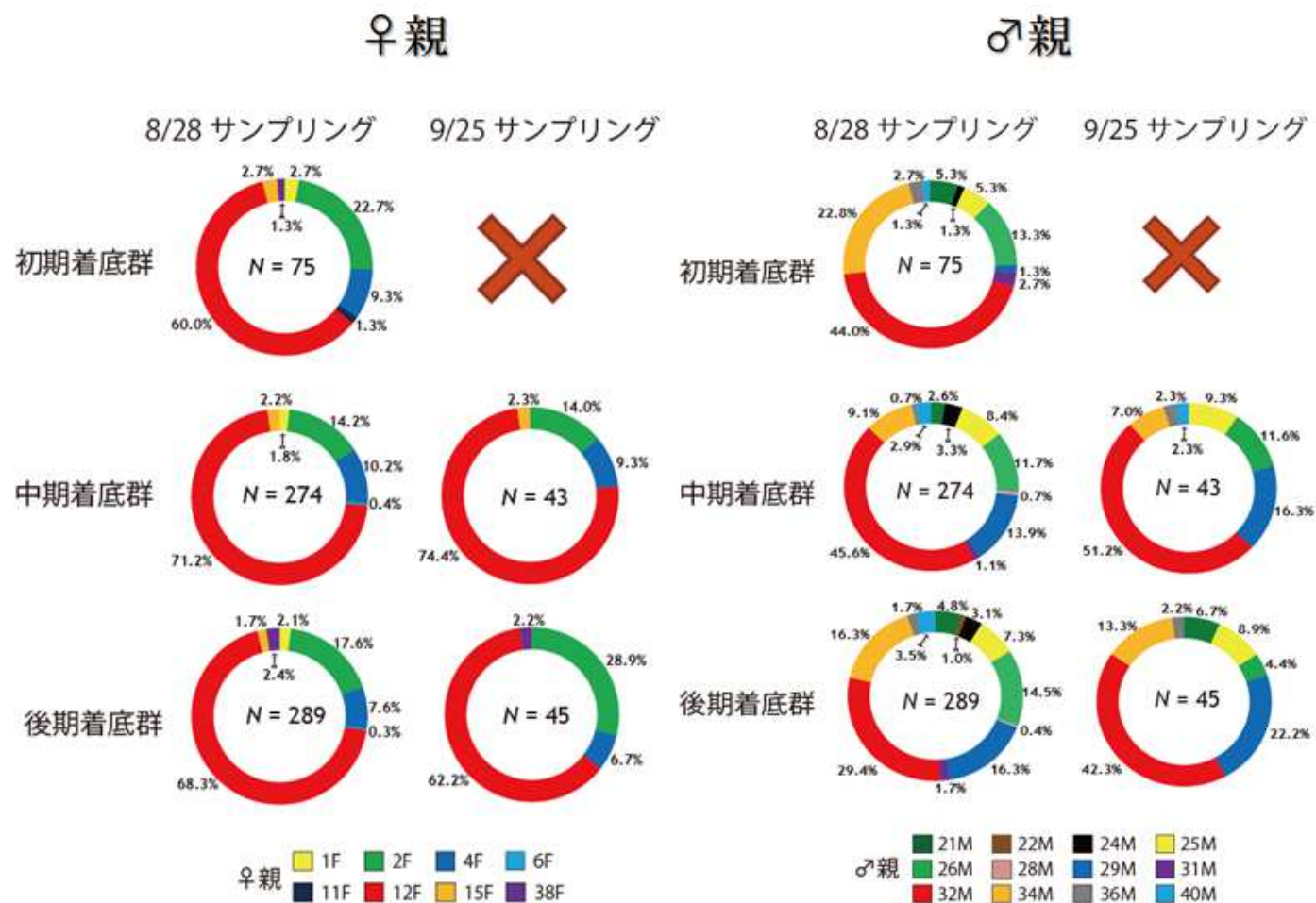


図 4. 初期、中期および後期着底群の種苗における各親の貢献度

親の貢献度：各群において、親子関係が特定された種苗の全個体数に対する各親が残した子供の数の割合（％）。

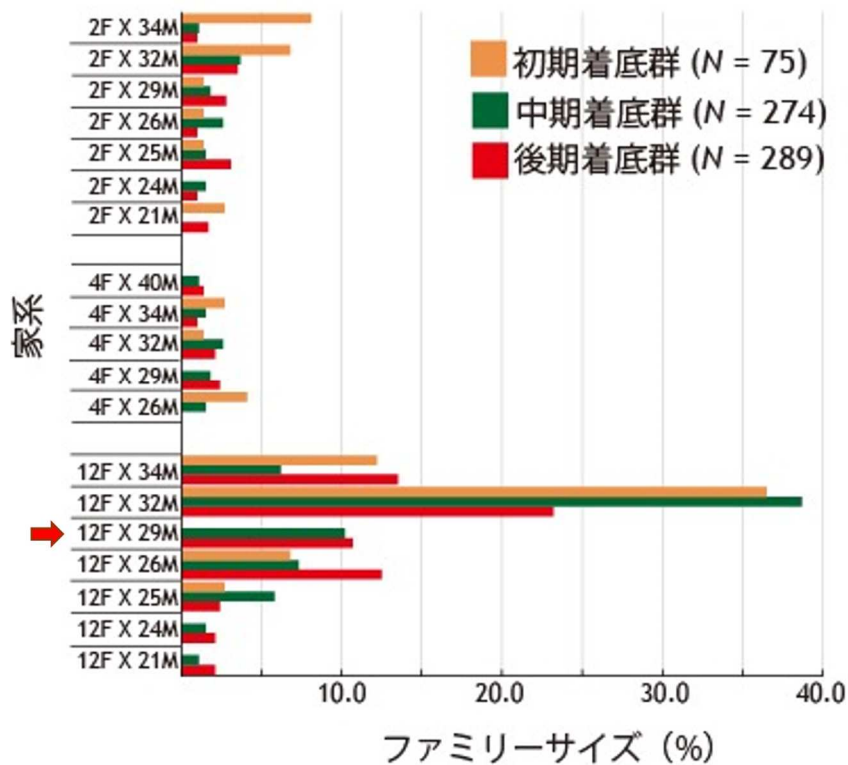


図 5. 初期着底群、中期着底群および後期着底群における各家系のファミリーサイズ

8月28日にサンプリングされた人工種苗についてのファミリーサイズ。ファミリーサイズは、親子関係が特定された種苗の全個体数に対する各家系の子供の数の割合(%)。いずれの群でも3個体以下の子供しか検出されなかった家系は除外してある。このため、貢献度が高かった雌親2F、4Fあるいは12Fを共有するハーフシブ家系のファミリーサイズが示してある。矢印で示した雌親12Fと雄親29Mの家系は、初期着底群(オレンジ)では検出されなかったが、中期着底群(緑)および後期着底群(赤)では比較的高いファミリーサイズ(10%以上)を示した。

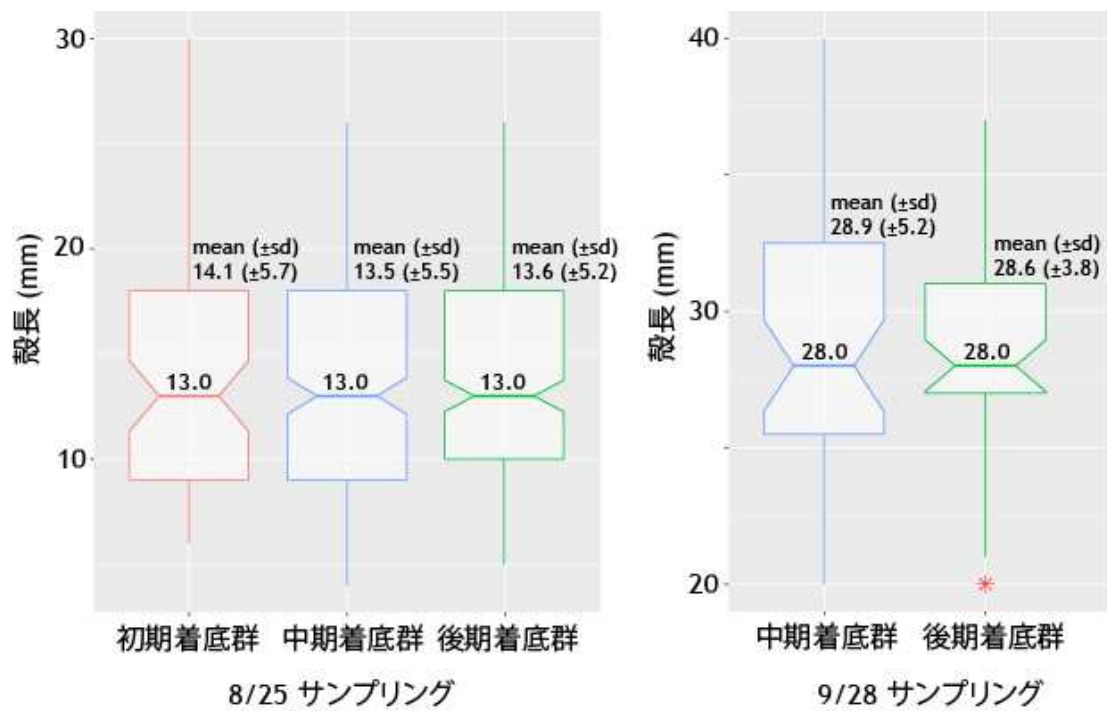


図 6. 各群の殻長分布を示す箱ヒゲ図

箱は第 1 四分位と第 3 四分位、箱中のバーと数値は中央値、ヒゲは外れ値以外の最小値および最大値、星印は外れ値。平均と標準偏差は各箱の上部に示してある。

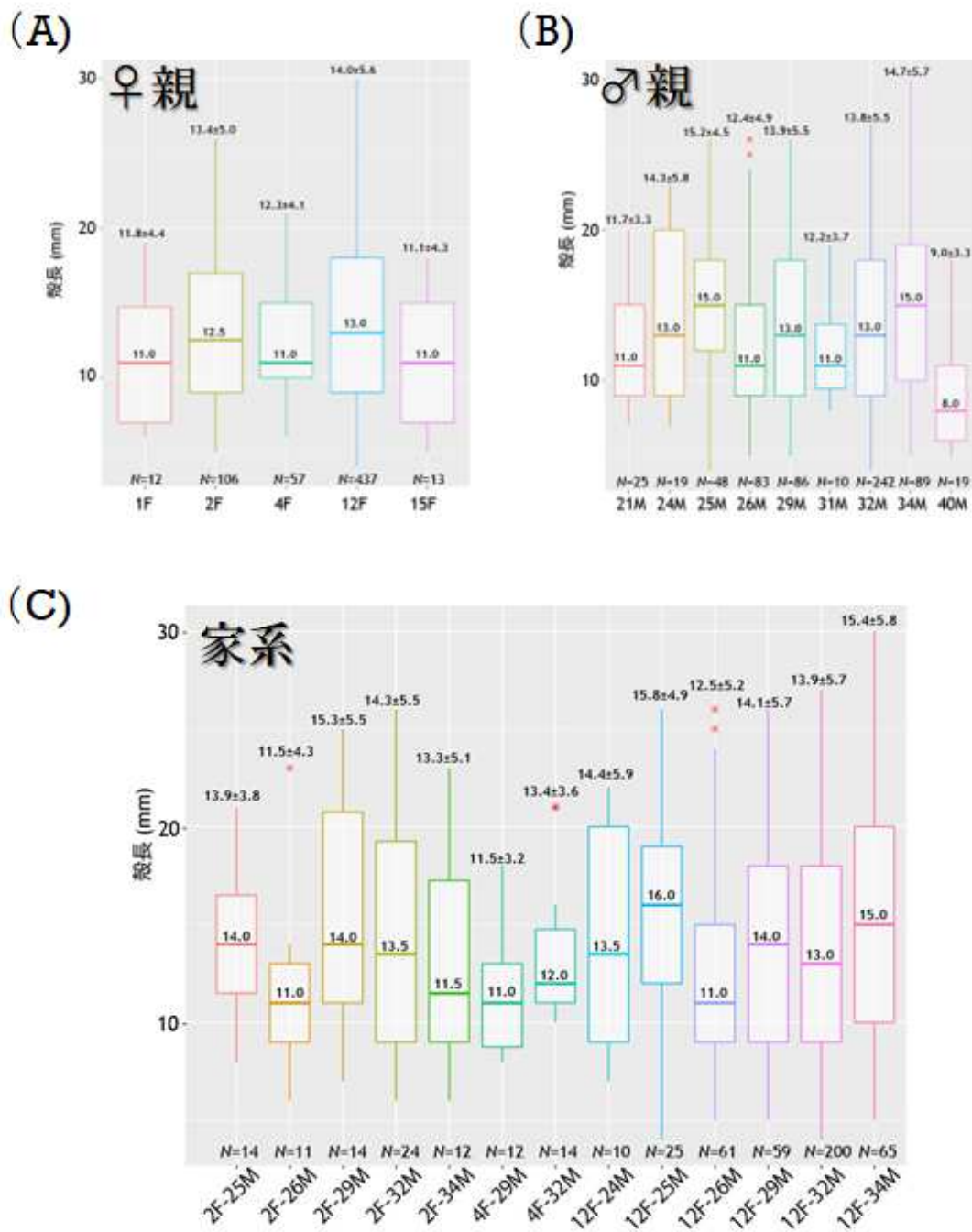
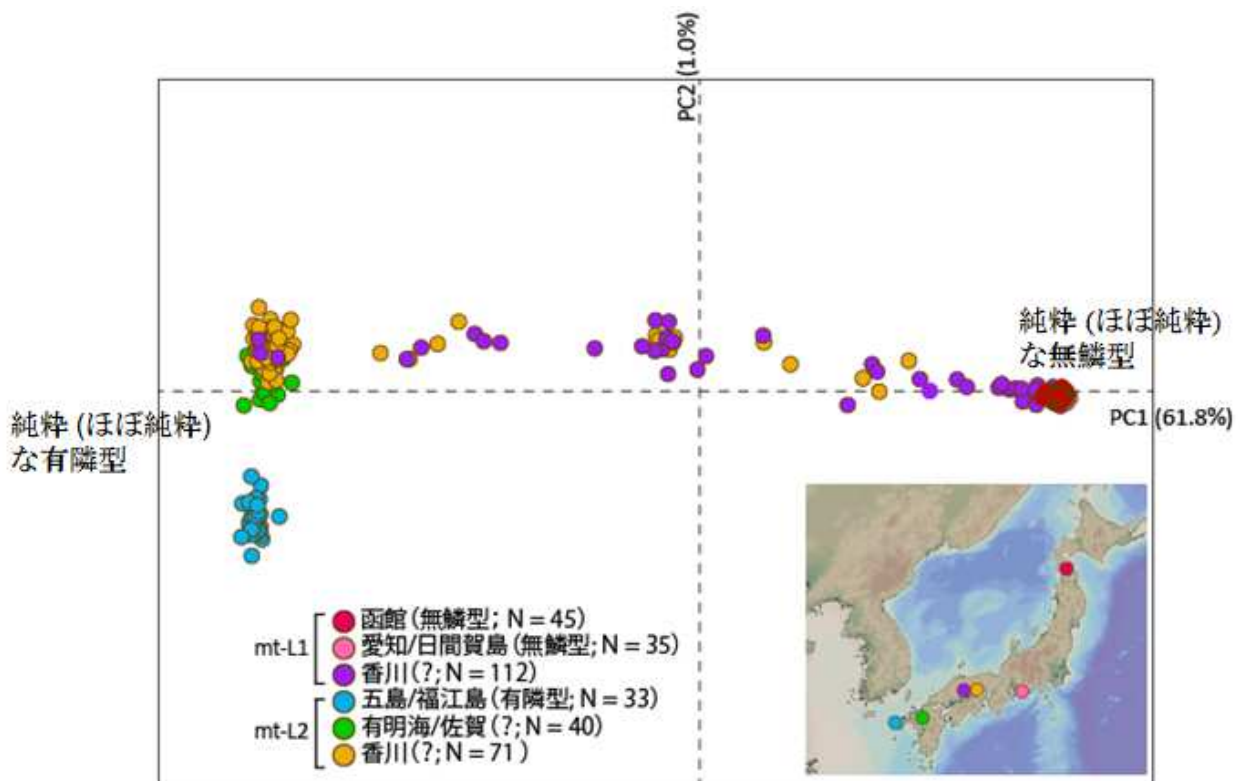


図 7. 各家系および各親由来の種苗の殻長分布

8月28日サンプリング分の初期、中期および後期着底群を統合した時の、(A) 各雌親由来の種苗、(B) 各雄親由来の種苗および (C) 各家系の種苗についての殻長分布。箱は第1四分位と第3四分位、箱中のバーと数値は中央値、ヒゲは外れ値以外の最小値および最大値、星印は外れ値。個体数は N で、平均と標準偏差は箱ひげ図の上部に示してある。子供の数が10個体以上の家系あるいは親のみについて示す。



補足資料. 主成分分析による天然タイラギの個体レベルのクラスタリング

RADseq 法で得られた 1,469 個の SNP マーカーに基づく (Sekino *et al.*, in press を改変)。五島の福江島 (水色) と函館 (赤色) では、それぞれ典型的な有鱗型かつ mt-L2 系統、無鱗型の mt-L1 系統しか生息が確認されていない。このため福江島のサンプルは純粋な有鱗型、函館のサンプルは純粋な無鱗型であると考えられる。日間賀島 (ピンク) では圧倒的に無鱗型 (mt-L1) が多いが、ごく稀に有鱗型 (mt-L2) が漁獲される (Hahimoto *et al.*, 2021)。佐賀 (有明海; 黄緑色) では、現在有鱗型が多いが、過去には無鱗型も比較的高頻度に見られ (古賀, 1992; 伊藤, 2004)、近年でも低頻度ながら mt-L1 系統が認められる (荒巻, 2013; Hashimoto *et al.*, 2018, 2021; ただし解析に用いたサンプルはすべて mt-L2 系統であった)。また有鱗型と無鱗型の中間形態を持つ個体も見られる (図中では“?”で表記)。香川 (瀬戸内海) には有鱗型と無鱗型が同所的に生息し、両者の中間型も頻繁に見られる。図中では香川の mt-L2 系統をオレンジで、mt-L1 系統を紫色で示してある。

福江島のサンプルが純粋な有鱗型、函館のサンプルが純粋な無鱗型とすれば、図の左の方に位置づけられている個体は、純粋かほぼ純粋な有鱗型、右の方に位置づけられている個体は、純粋かほぼ純粋な無鱗型とみなすことができる。有鱗型のグループには、福江島と佐賀の全サンプルおよび香川 mt-L2 系統の大多数のサンプルが含まれ、無鱗型のグループは、函館と日間賀島の全サンプルおよび香川 mt-L1 系統の大多数のサンプルで構成されていた (日間賀島のサンプルは函館サンプルの背後に点状にクラスタリングされている)。一方、香川の mt-L1 と mt-L2 系

統ともに、有鱗型と無鱗型グループの間に、スレッド状に位置づけられる個体が認められた。これらは無鱗型と有鱗型のハイブリッドと断定できる。

横川（1996）は、アイソザイム解析に基づき、香川には有鱗型と無鱗型のハイブリッドが存在するが、 F_1 は不妊であると推察している。横川の主張が正しければ、 F_1 は次世代を残すことができないため、遺伝子浸透（浸透性交雑）^{*注 15} は起こらないということになる。 F_1 が不妊であれば（つまり F_1 以降の世代のハイブリッドは存在しなければ）、ハイブリッドはスレッド状ではなく、有鱗型と無鱗型グループの中間付近に位置づけられるはずである。しかし境界が曖昧なスレッド状に位置づけられた個体が検出されたということは、 F_1 が再生産可能であるために遺伝子浸透が生じ、有鱗型と無鱗型の DNA を様々な割合で有している個体が存在することの証拠である。したがってこの結果は、 F_1 が不妊であるという横川の主張を否定する。また、香川の 3 個体は、mt-L1 系統であったのにも関わらず（紫）、核 DNA では純粋かほぼ純粋な有鱗型とみなされた。このことは遺伝子浸透が長い間続いているということを示唆する。

***注 15：** F_1 が不妊であれば、それぞれの種の遺伝子プールの独立性が維持される。一方、 F_1 が次世代を残すことができる場合、 F_1 と純種の交配を通して、片方の種の DNA が、もう片方の種の遺伝子プールに浸透していく。この現象を遺伝子浸透もしくは浸透性交雑と呼ぶ。

補足資料中の引用文献

- 荒巻 裕（2013）有明海産タイラギの DNA 分析による種判別. **佐有水研報** 26: 89–91.
- 伊藤史郎（2004）有明海における水産資源の現状と再生. **佐有水研報** 22: 69–80.
- Hashimoto K, Yamada K, Nagae A, Matsuyama Y (2018) Lineage specific detection of the scallop form of the pen shell *Atrina* spp. by a loop-mediated isothermal amplification method. **Fisheries Science** 84: 837–848.
- Hashimoto K, Yamada K, Sekino M, Kobayashi M, Sasaki T, Fujinami Y, Yamamoto M, Choi K-S, Henmi Y (2021) Population genetic structure of the pen shell *Atrina pectinata* sensu lato (Bivalvia: Pinnidae) throughout East Asia. **Regional Studies in Marine Science** 48: 102024.
- 古賀秀昭（1992）有明海産タイラギに関する研究—VI. 貝殻殻表の類別による形態の相違とその分布. **佐有水研報** 14: 9–24.
- Sekino M, Hashimoto K, Nakamichi R, Yamamoto M, Fujinami Y, Sasaki T (in press) Introgressive hybridization in the west Pacific pen shells (genus *Atrina*): restricted interspecies gene flow within the genome. **Molecular Ecology**

令和4年度さけ・ます等栽培対象資源対策事業
(新規栽培対象種のうち二枚貝) 第1回検討会 議事次第

日 時： 令和4年7月25日(月) 13:30～17:30 (タイラギ)
26日(火) 9:00～14:30 (ハマグリ)

場 所： RCC文化センター 700会議室(広島市中区橋本町5-11)
オンライン会議併催(Microsoft Teams)

議 事

1. 開会挨拶

2. タイラギ

- (1) タイラギ親貝の養成と採卵技術の開発 水産技術研究所
- (2) タイラギ人工種苗生産技術の開発 水産技術研究所
- (3) 人工種苗から成貝までのタイラギ育成技術の開発
 - ① 瀬戸内海東部海域におけるタイラギ育成技術の開発 香川県水産試験場
 - ② 瀬戸内海西部海域におけるタイラギ育成技術の開発
山口県水産研究センター
- (4) タイラギ母貝団地造成技術の開発
 - ① 瀬戸内海西部海域におけるタイラギの母貝団地造成技術の開発
山口県水産研究センター
 - ② 大分県北部海域におけるタイラギの母貝団地造成技術の開発
大分県農林水産研究指導センター水産研究部
- (5) 優良人工種苗作出のための親貝選抜技術の開発 水産資源研究所

3. ハマグリ

- (1) ハマグリ親貝の養成と採卵技術の開発
熊本県水産研究センター・水産技術研究所・三重県水産振興事業団
- (2) ハマグリ人工種苗生産技術の開発
千葉県水産総合研究センター・愛知県水産試験場・三重県水産振興事業団
- (3) 人工種苗から成貝までの育成技術の開発
 - ① 東京湾におけるハマグリ育成技術開発 千葉県水産総合研究センター

② 伊勢湾におけるハマグリ育成技術開発 三重県水産研究所

③ 餌料源分析を通じたハマグリ育成技術の開発 水産技術研究所

(4) 母貝団地造成技術の開発

① 三河湾におけるハマグリの母貝団地造成技術 愛知県水産試験場

② 伊勢湾におけるハマグリの母貝団地造成技術 三重県水産研究所

③ 餌料源分析を通じたハマグリの母貝団地造成技術の開発 水産技術研究所

4. 総合討論

5. その他

令和4年度さけ・ます等栽培対象資源対策事業
(新規栽培対象種のうち二枚貝) 第2回検討会 議事次第

日 時： 令和5年3月 9日(木) 13:30～17:30 (タイラギ)
10日(金) 9:00～14:30 (ハマグリ)

場 所： RCC文化センター 610会議室(広島市中区橋本町5-11)
オンライン会議併催(Microsoft Teams)

議 事

1. 開会挨拶

2. タイラギ

- (1) タイラギ親貝の養成と採卵技術の開発 水産技術研究所
- (2) タイラギ人工種苗生産技術の開発 水産技術研究所
- (3) 人工種苗から成貝までのタイラギ育成技術の開発
 - ① 瀬戸内海東部海域におけるタイラギ育成技術の開発 香川県水産試験場
 - ② 瀬戸内海西部海域におけるタイラギ育成技術の開発
山口県水産研究センター
- (4) タイラギ母貝団地造成技術の開発
 - ① 瀬戸内海西部海域におけるタイラギの母貝団地造成技術の開発
山口県水産研究センター
 - ② 大分県北部海域におけるタイラギの母貝団地造成技術の開発
大分県農林水産研究指導センター水産研究部
- (5) 優良人工種苗作出のための親貝選抜技術の開発* 水産資源研究所
(* メール会議の予定)

3. ハマグリ

- (1) ハマグリ親貝の養成と採卵技術の開発
熊本県水産研究センター・水産技術研究所・三重県水産振興事業団
- (2) ハマグリ人工種苗生産技術の開発
千葉県水産総合研究センター・愛知県水産試験場・三重県水産振興事業団
- (3) 人工種苗から成貝までの育成技術の開発
 - ① 東京湾におけるハマグリ育成技術開発 千葉県水産総合研究センター
 - ② 伊勢湾におけるハマグリ育成技術開発 三重県水産研究所
 - ③ 餌料源分析を通じたハマグリ育成技術の開発 水産技術研究所

(4) 母貝団地造成技術の開発

- ① 三河湾におけるハマグリ之母貝団地造成技術 愛知県水産試験場
- ② 伊勢湾におけるハマグリ之母貝団地造成技術 三重県水産研究所
- ③ 餌料源分析を通じたハマグリ之母貝団地造成技術の開発 水産技術研究所

4. 総合討論

5. その他

令和4年度さけ・ます等栽培対象資源対策事業
(新規栽培対象種のうち二枚貝) 貝種別検討会 (ハマグリ) 議事次第

日 時： 令和5年1月19日(木) 13:00～17:30

場 所： 志摩市商工会館カルチャー教室 (三重県志摩市阿児町鶴方 5012 番地)
オンライン会議併催 (Microsoft Teams)

議 事

1. 開会挨拶

2. ハマグリ

(1) ハマグリ親貝の養成と採卵技術の開発

熊本県水産研究センター・水産技術研究所・三重県水産振興事業団

(2) ハマグリ人工種苗生産技術の開発

千葉県水産総合研究センター・愛知県水産試験場・三重県水産振興事業団

(3) 人工種苗から成貝までの育成技術の開発

① 東京湾におけるハマグリ育成技術開発 千葉県水産総合研究センター

② 伊勢湾におけるハマグリ育成技術開発 三重県水産研究所

③ 餌料源分析を通じたハマグリ育成技術の開発 水産技術研究所

(4) 母貝団地造成技術の開発

① 三河湾におけるハマグリの母貝団地造成技術 愛知県水産試験場

② 伊勢湾におけるハマグリの母貝団地造成技術 三重県水産研究所

③ 餌料源分析を通じたハマグリの母貝団地造成技術の開発 水産技術研究所

3. 総合討論

4. その他

令和4年度さけ・ます等栽培対象資源対策事業
(新規栽培対象種のうち二枚貝) 貝種別検討会 (タイラギ) 議事次第

日 時： 令和5年1月23日(月) 13:00～18:00

場 所： RCC文化センター 605会議室(広島市中区橋本町5-11)
オンライン会議併催(Microsoft Teams)

議 事

1. 開会挨拶

2. タイラギ

- (1) タイラギ親貝の養成と採卵技術の開発 水産技術研究所
- (2) タイラギ人工種苗生産技術の開発 水産技術研究所
- (3) 人工種苗から成貝までのタイラギ育成技術の開発
 - ① 瀬戸内海東部海域におけるタイラギ育成技術の開発 香川県水産試験場
 - ② 瀬戸内海西部海域におけるタイラギ育成技術の開発
山口県水産研究センター
- (4) タイラギ母貝団地造成技術の開発
 - ① 瀬戸内海西部海域におけるタイラギの母貝団地造成技術の開発
山口県水産研究センター
 - ② 大分県北部海域におけるタイラギの母貝団地造成技術の開発
大分県農林水産研究指導センター水産研究部
- (5) 優良人工種苗作出のための親貝選抜技術の開発 水産資源研究所

3. 総合討論

4. その他