

養殖場から逃げ出したマダイは天然集団に影響している ～全国調査で見えた遺伝的攪乱のホットスポット～

研究成果のポイント

- ・2019年から2024年にかけて、全国の主要なマダイ養殖産地周辺で、天然海域に生息するマダイの集団遺伝学的モニタリングを実施しました。
- ・高知県、愛媛県、長崎県で採集された天然マダイ集団では、他地域の天然集団とは異なる遺伝的特徴が認められました。
- ・これらの地域では、養殖場から逸出した養殖マダイとの交雑に起因すると考えられる遺伝的影響が相対的に強いことが示唆されました。

研究成果の概要

(背景)

マダイは、日本の海面養殖を代表する魚種の一つです。半世紀以上にわたり選抜育種が行われており、これまでに成長の早い系統や、特定のウイルス病に対する耐性を持つ系統などが開発され、養殖生産の向上に大きく貢献してきました。

一方で、長期間にわたる選抜育種や限られた親魚に由来する創始者効果などにより、養殖集団の遺伝的多様性は天然集団と比べて低下しています。また、天然魚と養殖魚の間には遺伝的な違いが蓄積しており、現在では両者を異なる管理単位として扱う必要があると考えられます。

このように天然魚とは遺伝的に異なる養殖マダイですが、台風などの自然災害や網生簀の破損により、自然界へ逸出することがあります。これまでの私たちの研究から、マダイ養殖の主要産地である愛媛県宇和海では、養殖マダイの逸出や天然個体との交雑が起こっていることが明らかになっていました

(Sawayama et al., 2019)。しかし、このような現象が他の養殖産地でも起こっているのかは、十分に分かっていませんでした。

そこで本研究では、日本の主要なマダイ養殖産地を対象として、自然界から採集されたマダイを用い、養殖魚由来の逸出個体の有無や、天然集団への遺伝

的影響を調べました。

(研究手法：サンプリング地点)

全国 8 地点から天然マダいのサンプルを収集しました (図 1A)。青森県 (Wild-1) と兵庫県 (Wild-2) は、周辺でマダイ養殖が行われていない地域として選定しました。一方、マダイ養殖が盛んな地域として、三重県 (Wild-3)、和歌山県 (Wild-4)、高知県 (Wild-5)、愛媛県 (Wild-6)、長崎県 (Wild-7)、熊本県 (Wild-8) のサンプルを用いました。

天然マダいのサンプルは、現地の漁業者から購入したもの、または研究チームが釣獲により採集したものです。解析対象地域における養殖マダいの生産量は、日本全体の生産量の大部分を占めており、全国の主要養殖産地を含む調査設計となっています (図 1B)。各集団については 48 個体以上を収集し、以降の集団遺伝解析に用いました。

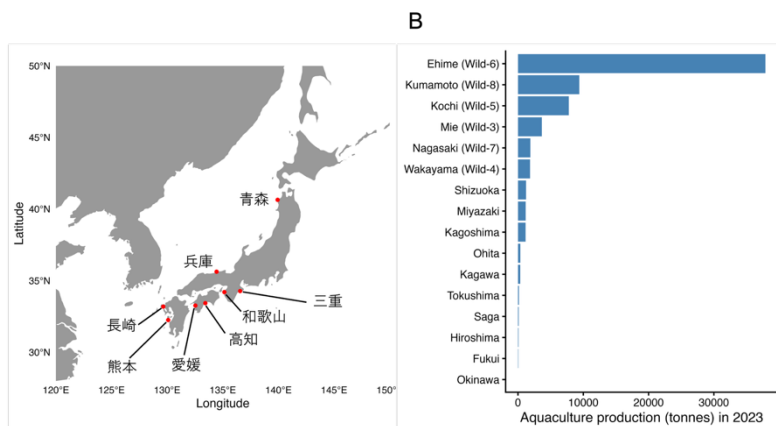


図1. サンプリング地点 (A) と各地域のマダイ養殖生産量 (B)

(研究手法：解析方法)

全国規模の集団遺伝解析を行うため、マダいの遺伝子型判別に特化した GT-seq パネルを開発しました。GT-seq は Genotyping-in-thousands by sequencing の略で、次世代シーケンサーを用いて多数の SNP (一塩基多型) を効率的に解析する手法です。魚類を含むさまざまな動物で、保全遺伝学、個体群モニタリング、資源管理などに利用されています。

本研究では、マダいの染色体上に配置された 249 個の SNP をターゲットとし (図 2)、そのうち良好なデータが得られた 203 個の SNP マーカーを集団遺伝解析に用いました。

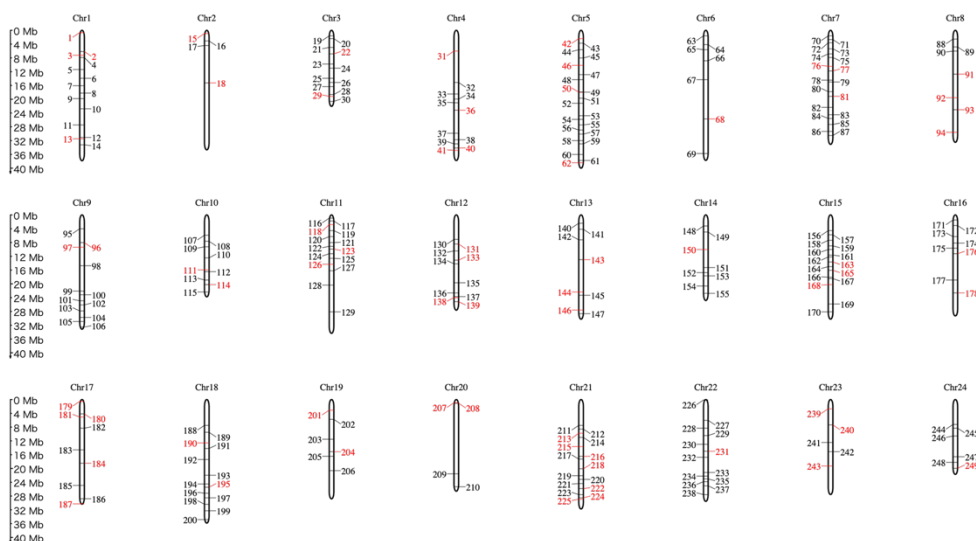


図2. 集団遺伝学的解析に用いたマダイ GT-seq SNP パネル

(研究結果：集団間の遺伝的異質性)

得られた SNP 情報を用いて、集団間の遺伝的異質性を評価するペアワイズ F_{ST} 解析を行いました (図 3)。その結果、養殖集団間には統計的に有意な遺伝的分化が認められました。この結果は、ゲノムワイド SNP 情報を用いた過去の研究 (Sawayama et al., 2025) と一致しており、種苗生産会社ごとに異なる養殖系統が維持されていることを示しています。

また、養殖集団と天然集団の間にも有意な遺伝的分化が認められました。このことから、養殖集団と天然集団は遺伝的に異なる集団であり、両者を区別して管理する必要があることが改めて示されました。

一方、天然集団間の遺伝的分化については、これまでマイクロサテライト DNA マーカーを用いた研究から、地域間の明瞭な遺伝的分化は弱いと考えられてきました (Blanco Gonzalez et al., 2015)。本研究でも、地理的に離れた青森県と熊本県の集団間では明確な遺伝的分化は認められませんでした。しかし、高知県、愛媛県、長崎県の 3 地点では、他地域の天然集団とは異なる遺伝的特徴が認められました。

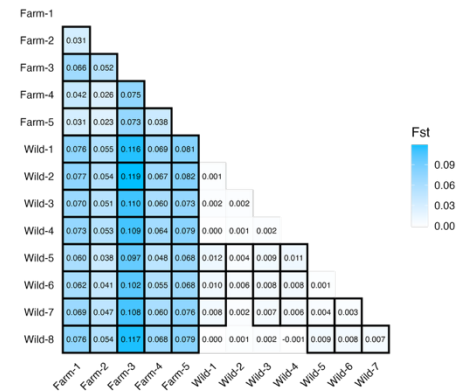


図3. 養殖5集団と天然8集団のペアワイズ F_{ST} 解析

(研究結果：遺伝的集団構造)

次に、各個体の遺伝的構成を推定するため、ADMIXTURE 解析を行いました (図 4)。その結果、高知県と愛媛県の集団では、養殖集団に由来すると考えられる遺伝的特徴を強く示す個体が複数確認されました。これは、愛媛県宇和海で養殖マダイの逸出が起こっていることを示した既報 (Sawayama et al., 2019) の結果と一致しており、異なる調査年においても同様の傾向が確認されたこととなります (図 4A)。

さらに、天然集団だけを用いて同様の解析を行ったところ、高知県、愛媛県、長崎県の集団では、他地域の天然集団とはわずかに異なる遺伝的構成が認められました。この結果は、ペアワイズ F_{ST} 解析で示された遺伝的分化の結果を支持するものです (図 4B)。

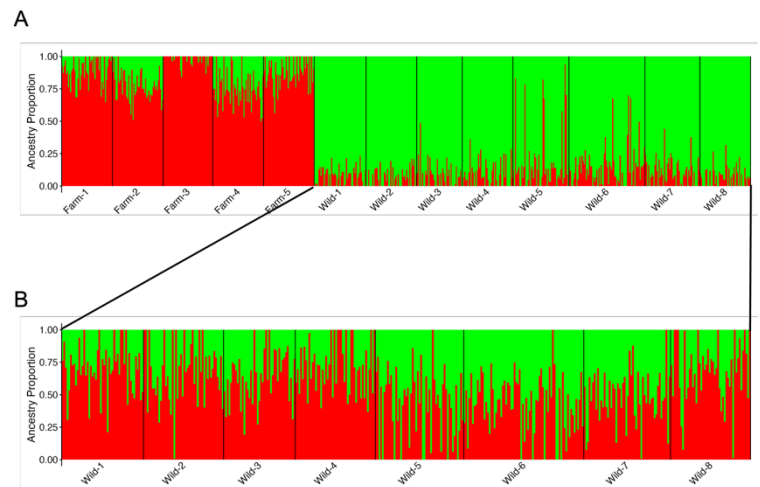


図4. 養殖-天然全集団を用いたADMIXTURE解析 (A) と天然集団のみを用いたADMIXTURE解析 (B) による遺伝的組成の可視化

(研究結果：養殖魚との交雑の影響)

高知県、愛媛県、長崎県の 3 地点で他地域とは異なる遺伝的特徴が認められたことから、その要因を調べるため、養殖魚との交雑の影響を評価しました。解析には、交雑の程度をベイズ法により推定する *gghybrid* を使い、各個体の

hybrid index（交雑指標）を算出しました（図5）。

その結果、高知県、愛媛県、長崎県の集団では、他地域と比べて hybrid index が有意に高く、養殖集団由来の遺伝的影響が相対的に強いことが示されました。また、これらの地域では、養殖魚と天然魚の遺伝的混合を示すカテゴリーに分類される個体の割合が 30～40%程度に達しました。

ただし、本研究で用いた SNP パネルでは、F1、F2、戻し交雑といった交雑世代を厳密に区別することには限界があります。そのため、これらの値は「特定の交雑世代の個体が 30～40%存在する」ことを意味するものではなく、「養殖集団由来の遺伝的影響を受けた個体が相対的に多い」ことを示す結果として解釈する必要があります。

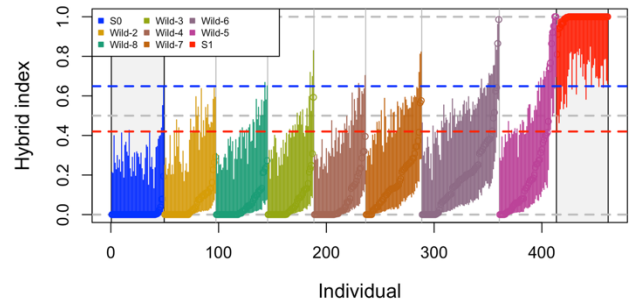


図5. 青森集団と養殖#3集団を基準集団とした、推定交雑個体の評価

（まとめ）

本研究により、マダイ養殖が盛んな高知県、愛媛県、長崎県の天然マダイ集団では、養殖集団由来の遺伝的影響が他地域よりも強く認められることが示されました。これらの地域では、逸出した養殖マダイとの交雑、またはその後の遺伝的混合が、天然集団の遺伝的構造に影響している可能性があります。

養殖魚の逸出に伴う遺伝的影響は、これまで主にアトランティックサーモンで詳しく研究されてきました。本研究は、日本の主要養殖魚種であるマダイにおいて、養殖集団由来の遺伝的影響が地域的に蓄積している可能性を示した重要な事例です。

また、本研究で開発した GT-seq パネルは、マダイにおける養殖魚の逸出や天然集団への遺伝的影響を継続的に監視するための実用的なツールとして利用できます。今後、このような遺伝的モニタリングを継続することで、養殖魚の逸出が天然資源に与える影響を定量的に把握し、持続的な養殖業と天然資源の保全に資する管理方策の検討につながることを期待されます。

今後は、なぜ高知県、愛媛県、長崎県の3地点で養殖集団由来の遺伝的影響が強く認められたのかを明らかにするため、より細かな空間スケールでのサンプリングを進める予定です。また、天然魚と養殖魚の交雑が成長、生残、繁殖などの表現型にどのような影響を及ぼすのかについても検討していきます。これらの研究を継続することで、天然魚と養殖魚の交雑が天然集団の進化や資源維持に与える影響を明らかにし、養殖業と天然資源の持続的な管理に資する知見を蓄積していきたいと考えています。

発表論文の概要

研究論文名

Influence of farm escapees on genetics of red sea bream *Pagrus major* revealed by GT-seq SNP panel

著者

澤山英太郎（日本大学生物資源科学部海洋生物学科 准教授）
藤原成晴（日本大学生物資源科学部（令和4年度卒業））
富永海翔（日本大学生物資源科学部（令和5年度卒業））
田内哲平（日本大学生物資源科学部（令和3年度卒業））
瀧田海生（日本大学大学院生物資源科学研究科（令和7年度修了））
山崎藤子（日本大学生物資源科学部（令和3年度卒業））
高木基裕（愛媛大学南予水産研究センター 教授）

公表雑誌

Aquaculture

<https://doi.org/10.1016/j.aquaculture.2025.743029>

公表日：2026年6月1日

お問い合わせ先

日本大学生物資源科学部海洋生物学科 海洋生物生理学研究室
准教授 澤山英太郎（さわやま えいたろう）
TEL 0466(84)3724 E-mail: sawayama.eitaro@nihon-u.ac.jp

文責：澤山英太郎