

学位論文審査の結果の要旨

氏名	Winnie Naa Adjorkor Sowah
審査委員	主査 關 伸吾 副査 高木 基裕 副査 益本 俊郎 副査 松本 由樹 副査 中村 洋平

論文名

A study on the genetic structure and diversities of tilapia from Ghana and Japan
(ガーナと日本におけるティラピアの遺伝的集団構造と遺伝的多様性)

審査結果の要旨

ティラピアは世界の水産養殖業において非常に重要な魚種であり、アフリカ原産の魚でありながら多くの国々に導入され養殖が行われている。本論文はこのティラピア類に着目し、その遺伝的構造と遺伝的多様性について明らかにしようとしたものである。本論文では、ミトコンドリア DNA 調節領域の部分配列を遺伝標識として用い、ティラピア類の種間関係および種内の遺伝的多様性についての解析を行なっている。まず、ガーナにおけるティラピア類の多様性および種間関係の検討を行った。次に、ガーナと日本のティラピア類の比較および日本に定着しているティラピア類の種の確認を行った。最後に、日本各地の水域で野生化し繁殖しているティラピア類の由来とその遺伝的多様性を明らかにしようとしている。日本にすでに定着しているティラピア類を今後の養殖や実験魚として活用していくためには、それらの遺伝的構成や由来を明らかにすることは非常に重要な課題である。

(1) ミトコンドリア DNA 多型からみたガーナの種の多様性と種内の遺伝的多様性

ガーナの5地点よりティラピア類を採集し、遺伝的集団構造の解析を行なった。その結果から、ガーナにおいて今回ティラピア類5種を確認し、それらの生息域、地理的分化の有無を把握した。また、地域によって種の多様性の高い地域、低い地域のあることが明らかとなった。沿岸の水域に広く分布する *Sarotherodon melanotheron* は、多様性それほど高くはないものの、東と西でやや遺伝的に異なることが示された。また、*Oreochromis niloticus* についても内陸部の集団はやや遺伝的に異なっていた。これまで、ガーナにおいてはこのような調査は行われておらず、遺伝的集団構造について明らかではなかった。したがって、これらのデータは、今後ガーナにおいてティラピア類を遺伝資源として保全し、活用していく上で重要な情報となりうる。なお、ガーナで確認された5種のうち *Oreochromis niloticus* や *Sarotherodon melanotheron*、*S. galilaeus*、*Tilapia zillii* は、日本に導入された記録のある魚種である。

(2) ガーナと日本のティラピアの比較

日本に導入され、その後自然水域で定着しているティラピア類の由来を判定することを目的とし

て、ガーナでえられた5種およびGenBankに登録されている*O. mossambicus*のシーケンスデータを比較指標とし、(1)と同じプライマーセットを用い、ミトコンドリアDNAによる種の同定を行った。供試魚としては、高知の自然水域に生息する1標本群(高知)および水産大学の養殖池で飼育されている1標本群(山口)を用いた。結果として、山口標本群は*O. mossambicus*、高知標本群からは*O. niloticus*、*O. mossambicus*のミトコンドリアDNAタイプが確認された。また、高知標本群においては、形態的には*Oreochromis*属ではあるものの*O. niloticus*あるいは*O. mossambicus*とは遺伝的に異なり、さらに*S. melanotheron*、*S. galilaeus*、*Tilapia zillii*の3種とも対応しない不明種が高頻度で出現した。なお、高知標本群において*O. niloticus*と判定された個体はガーナの*O. niloticus*とは遺伝的に大きく異なっていた。アフリカ大陸の*O. niloticus*には遺伝的に異なる大きく3つの集団が存在していることが知られている。日本にはエジプトから*O. niloticus*が導入された記録があり、ガーナの集団はエジプトの集団とは遺伝的に異なる集団である。今回の結果から、*O. niloticus*タイプと判定された個体はガーナを含む集団から入ってきたものではなく、遺伝的に異なる集団(エジプト)であることも裏付けられた。

(3) 日本におけるティラピア類の遺伝的多様性

(1) (2)とは異なるプライマーセットを用い、調節領域の別の部分のシーケンス配列を決定した。(2)で用いた2標本群に加え、日本の自然水域に生息する4標本群(名古屋、大分、鹿児島・指宿、鹿児島・徳之島)を用い、遺伝的集団構造と由来の判定を行った。これらの標本群はミトコンドリアDNA遺伝標識により、*O. niloticus*、*O. mossambicus*、および*T. zillii*の3つのタイプに分けられた。鹿児島・徳之島標本群は*T. zillii*であった。残りの4標本群については、大分と山口の標本群は*O. mossambicus*タイプのみ、名古屋、高知、鹿児島・指宿の3つの標本群は*O. mossambicus*と*O. niloticus*のミトコンドリアDNAタイプを持つ個体が混在していることが明らかとなった。形態の上では両タイプを分けることは困難であり、両種で交雑および戻し交雑が進んでいる可能性が高いことが示唆された。近親交配や交雑の指標となると考えられる左右の形態のゆがみ(asymmetry)についても各標本群で明瞭な差異はみられなかった。ハプロタイプの多様性は、*O. niloticus*タイプに比べ*O. mossambicus*タイプで高く、*O. mossambicus*については異なる系統が少なくとも3回、国外より導入されたことが分かった。えられた51ハプロタイプは大きく4つのグループに分かれ、そのうちの1つのグループはさらに2つのサブグループに分かれた。*O. mossambicus*タイプは大分標本群が大きく異なるグループ3を形成し、山口(グループ2-1)と名古屋(グループ2-2)の標本群もやや異なった。*O. niloticus*タイプは、全てグループ1に含まれるものの、高知標本群がやや異なった。(2)において不明種と判定された高知標本群の個体はすべて*O. niloticus*タイプとなった。不明種と判定された理由はシーケンス領域に大規模な挿入が生じたことによるものであり、(3)の領域では、そのような挿入がなかったため、本来の*O. niloticus*タイプとして判定できたものと考えられた。今回の結果より、日本において自然水域に生息するティラピアは、多くの地域で*O. niloticus*タイプと*O. mossambicus*タイプが混在し複雑な集団構造をしており、純系の系統はほとんど存在しないことが明らかとなった。このような遺伝的多様性に関する知見は、今後それらの魚種を有効活用していく上でも重要な情報になるものと思われる。

以上のように、本論文はティラピア類の集団構造を明らかにし、今後の遺伝資源としての活用において重要な知見を見出している。学術的にも実用的にもきわめて質の高い研究で、博士論文として評価できるものとする。

本論文における公開審査会は、平成29年2月4日に愛媛大学農学部において開催され、学位論文の口頭発表と質疑応答が行われた。引き続いて行われた学位論文審査委員会で本論文の内容を慎重に審査した結果、審査委員全員一致して博士(学術)の学位を授与するに値するものと判定した。