

令和 2 年度日本水産学会
北海道支部大会
講演要旨集

日 程

令和 2 年 12 月 5 日（土）

会場

Zoom によるオンライン

令和２年度日本水産学会北海道支部大会

日 程 令和２年 12 月 5 日（土）

会 場 Zoom によるオンライン

プログラム

10:00-10:45 北海道支部幹事会

11:00-11:45 北海道支部総会

12:55-13:00 大会委員長挨拶（A 会場、B 会場）

13:00-16:15 一般研究発表（A 会場、B 会場）

16:30-17:30 公開講演

17:40-18:00 優秀発表講演の発表，閉会の辞

一般研究発表

A 会場

A 会場における最優秀学生講演賞（☆）、最優秀講演賞（#）の選考対象演題は下記の通りです。
最優秀学生講演賞：A-02 Juanwen Yu, A-03 Jiang Chunqi, A-04 深澤操, A-05 野口祐輔, A-06 栗田大輝, A-07 森河理絵, A-08 駿河谷諒平, A-10 遠藤祐助, A-11 若林佑樹, A-12 北野雄大

座長：笠井久会

- A-01 13:00-13:15 マツカワから分離された *Pseudomonas anguilliseptica* の病原性
○伊藤慎悟・勝又義友・西川翔太郎・水野伸也（道さけます内水試）
- ☆A-02 13:15-13:30 Tracking the dynamics of individual gut microbiome of sea cucumber *Apostichopus japonicus* during gut regeneration
Yohei Yamazaki, ○Juanwen Yu, Sayaka Mino, Tomoo Sawabe (Faculty of Fisheries Sciences, Hokkaido University)
Yuichi Sakai (Hakodate Fisheries Research, Hokkaido Research Organization, Local Independent Administrative Agency)
- ☆A-03 13:30-13:45 The pangenome of Halitocoli clade in *Vibrionaceae*
○JIANG Chunqi, MINO Sayaka, SAWABE Tomoo (Faculty of Fisheries Sciences, Hokkaido University)
- ☆A-04 13:45-14:00 沖縄トラフ深海底熱水活動域由来の新規好熱性 *Campylobacter*
○深澤操・美野さやか・澤辺智雄（北大院水）・中川聡（京大院農）・高井研（JAMSTEC）

座長：栗原秀幸

- ☆A-05 14:05-14:20 海綿-シアノバクテリア共生系由来新規糖代謝物の単離・構造解析
○野口祐輔・小田悠太・張権・藤田雅紀・酒井隆一（北大院水）
- ☆A-06 14:20-14:35 紅藻ダルス由来キシランの簡易調製法の開発とその酵素分解物による *Bifidobacterium* の増殖
○栗田大輝・熊谷祐也・安井 肇・岸村栄毅（北大院水）

☆A-07 14:35-14:50 **岩のり製品由来タンパク質から調製したペプチドの ACE 阻害作用**

○森河理絵・熊谷祐也・岸村栄毅（北大院水）

座長：工藤秀明

☆A-08 14:55-15:10 **アムールチョウザメの排卵関連遺伝子の探索**

○駿河谷諒平・井尻成保・足立伸次（北大院水）

A-09 15:10-15:25 **GFP 発現ウナギ腎臓由来 EK1 細胞はウナギ生体内で生存できるのか**

○地村実咲・陳顧慧（北大院水）・伴戸久徳（北大院農）・笠井久会・井尻成保・足立伸次（北大院水）

座長：井尻成保

☆A-10 15:25-15:40 **半数体始原生殖細胞の細胞選別と移植技術の改善**

○遠藤祐助・藤本貴史（北大院水）・斎藤大樹・後藤理恵・松原孝博（愛大南予セ）・山羽悦郎（北大フィールド科セ）

☆A-11 15:40-15:55 **サケ属魚類における腋突起の機能解剖学的解析**

○若林佑樹・宮下倭麻・阿部嵩志・五味伸太郎・高木 力・工藤秀明（北大院水）

☆A-12 15:55-16:10 **キタムラサキウニ MYP 遺伝子プロモーター領域における核内受容体 COUP-TF の機能解析**

○北野雄大・樋口一郎・細川雅史・浦 和寛・都木靖彰（北大院水）

B 会場

B 会場における最優秀学生講演賞（☆）、最優秀講演賞（＃）の選考対象演題は下記の通りです。
最優秀学生講演賞：B-01 高橋元徳、 B-02 Nguyen Minh Khiem、 B-03 古田直哉
最優秀講演賞：B-04 富安信

座長：富安信

☆B-01 13:00-13:15 CFD 解析を用いたマグロ養殖生簀網の流速分布に関する研究

○高橋元徳・高橋勇樹（北大院水）・梶川和武（水産機構水大校）

☆B-02 13:15-13:30 Predicting occurrence of Acute Hepatopancreatic Necrosis Disease (AHPND) in Shrimp Farmed on The Mekong Delta of Vietnam by GIS and Machine Learning

○Nguyen Minh Khiem・Yuki Takahashi・Hiroki Yasuma (Hokkaido University), Dang Thi Hoang Oanh・Tran Ngoc Hai・Vu Ngoc Ut (Can Tho University)・Nobuo Kimura (Hokkaido University)

座長：高橋勇樹

☆B-03 13:35-13:50 画像認識技術を応用した魚体計測の自動化

○古田直哉・米山和良（北大院水）

B-04 13:50-14:05 エビかご漁業における水中カメラを用いたトヤマエビの入りかご・脱かご行動の野外観察

○富安信・藤森康澄（北大院水）・有馬大地（道中央水試）・藤田一世（北大水産）・光崎健太（北大院水）

座長：山村織生

B-05 14:10-14:25 スケトウダラ日本海北部系群の高豊度年級群発生条件に関する研究

○千村昌之（水産機構資源研）

B-06 14:25-14:40 低次栄養段階生物を対象とした「かいあし漁業」の可能性を探る

○山口 篤・松石 隆・向井 徹・藤森康澄・別府史章・細川雅史（北大院水）

公開講演

16:30-17:30

演者 高津哲也（北海道大学水産科学研究院 教授）

演題：噴火湾のソウハチ資源が近年増大している理由

A-01

マツカワから分離された *Pseudomonas anguilliseptica* の病原性
○伊藤慎悟・勝又義友・西川翔太郎・水野伸也（道さけます内水試）

【目的】

2019 年にマツカワの飼育施設で大量死が発生した。瀕死魚の腎臓から細菌が分離されたため、細菌を同定し、毒力を調べることを目的とした。

【方法】

瀕死魚の腎臓をマリンアガー培地、TCBS 培地、SS 培地に塗抹し、15℃で 10 日間培養した。分離された菌をさらに 2 回分離し、得られたコロニーを熱抽出し、Bacterial 16S rDNA PCR Kit(タカラバイオ)で増幅後、PCR 産物のシーケンスを行った。塩基配列の検索は DDBJ の blastn で行った。また、グラム染色、運動性等の性状を調べた。なお、糖分解性等は細菌同定キット API20E（バイオメリュー）で調べた。感染試験のうち、浸漬攻撃試験ではマツカワ（平均全長 57.4mm）を 5.8×10^6 CFU/ml 海水の菌液に 1 時間浸漬した。腹腔内接種試験ではマツカワへ 2.9×10^4 、 2.9×10^5 、 2.9×10^6 CFU/尾量となるように接種した。各試験魚を約 20～21℃の水温の循環水槽で 3 週間飼育し、死亡状況を調べた。

【結果および考察】

マリンアガー培地でほぼ単一の白色コロニーの菌が分離された。その他の培地では菌は分離されなかった。16S rDNA 配列のうち、1,292 塩基の部分配列が解読でき、アユから分離された *P. anguilliseptica* の配列と 100%一致した。性状も Kang *et al.*(2015)で報告されている性状と一致し、分離された菌を *P. anguilli-septica* と同定した。感染試験について、浸漬攻撃試験では開始 8 日目から死亡し、13 日目までに 11 尾中 8 尾が死亡した。浸漬攻撃試験の対照区から菌は分離されなかった。腹腔内接種試験では 2.9×10^4 CFU/尾接種区で 6 日目から、 2.9×10^5 CFU/尾接種区では 5 日目から、 2.9×10^6 CFU/尾接種区では 3 日目から死亡し、 2.9×10^5 、 2.9×10^6 CFU/尾接種区では 9 日目までに全数が、 2.9×10^4 / 尾接種区では 10 日目までに 10 尾中 9 尾が死亡した。腹腔内接種試験の対照区は 10 尾中 2 尾が死亡した。以上の結果から、本菌の毒力は強いと考えられた。

Tracking the dynamics of individual gut microbiome of sea cucumber *Apostichopus japonicus* during gut regeneration

Yohei Yamazaki, Juanwen Yu, Sayaka Mino, Tomoo Sawabe (Faculty of Fisheries Sciences, Hokkaido University)

Yuichi Sakai (Hakodate Fisheries Research, Hokkaido Research Organization, Local Independent Administrative Agency)

【Aim】

Sea cucumbers possess the remarkable capacity to regenerate their body parts or organs. Regeneration of host organs and/or body parts involves reconstruction of the host associated microbiota, however, the dynamics and contribution of microbiota to the regeneration process are largely unknown due to a lack of experimental models. We developed both caged mariculture and laboratory isolator systems of sea cucumbers (*Apostichopus japonicus*) to track the dynamics of individual gut microbiomes during gut regeneration regardless of whether the microbiome shows individuality and resilience or not.

【Materials and Methods】

Feces samples were collected from both caged mariculture and laboratory isolator systems. Microbial DNA extraction and purification were performed using a NucleoSpin Soil Kit and sequenced using 16S rRNA gene sequencing, followed with analysis using QIIME2 software (2018.11). Bacteria were isolated and cultured on ZoBell 2216E and sequenced with 16S rRNA gene sequencing after purification.

【Results and discussion】

Using caged mariculture system in open water, we observed the resilience of the gut microbiome after gut regeneration. Using the laboratory isolator, we traced daily dynamics of gut microbiota and we found that fecal microbiota collected before evisceration were clearly different from those collected after evisceration. Using individual microbiome methodology and a gut-regenerating animal model of sea cucumber *A. japonicus*, which is located on a deep branch of Deuterostomia, we succeeded in tracking the individuality of the gut microbiome in marine invertebrate animals during the organ regeneration process under both open water and laboratory conditions. We also identified eight key bacteria, belonging to *Alteromonadaceae*, *Rhodobacteraceae*, *Oceanospirillaceae* and family-unassigned *Gammaproteobacteria*, suggesting that these bacteria might interact with the host during the gut regeneration process. Reconstruction of the gut microbiomes might suggest immediate recovery of holobiont functions benefiting the host via microbial metabolisms. We also succeeded in isolating six of the eight key bacteria for further bioassay using the isolator developed in this study, opening up possibilities to test whether these isolates affect gut regeneration.

The pangenome of Halioticoli clade in *Vibrionaceae*

OJIANG Chunqi, MINO Sayaka, SAWABE Tomoo
(Faculty of Fisheries Sciences, Hokkaido University)

Background:

Ten species in the Halioticoli clade in *Vibrionaceae* have been described; 8 are associated with the gut of abalone (symbiotic), *V. breoganii* with bivalves, and *V. ishigakensis* with seawater (free-living). Genetically modified Halioticoli clade species are also available as biocatalysts in energy production from alginate, which is a major polysaccharide of brown algae. To accelerate studies in the evolution, ecogenomics, and biotechnology of these marine vibrios, it is necessary to perform pangenome analyses using complete genome sequences.

Materials and Methods:

DNA was purified and sequenced using Oxford MinION and Illumina MiSeq. Genomes were assembled with Unicycler 0.4.7 using both MinION and MiSeq reads. Pangenome analyses were performed using Anvi'o 6.2. with NCBI's blastp for the amino acid sequence similarity search. Metabolic pathways were reconstructed using the KEGG mapper after annotation using BlastKOALA. Assessment of carbohydrate-active enzymes (CAZymes) was performed using the dbCAN2 meta server.

Results and Discussion:

Complete genomes of 10 species were obtained. The genome tree and network based on 34 single-copy core genes in *Vibrionaceae* revealed four sister clades in the Halioticoli clade; 1) *V. ezurae*, *V. neonatus*, *V. halioticoli* and *V. rarus*, 2) *V. breoganii*, *V. comitans*, *V. inusitatus* and *V. superstes*, and two orphan clades of 3) *V. gallicus* and 4) *V. ishigakensis*. In the pangenome, a total of 2,095 core gene clusters (with 1,288 single-copy genes) were identified, however, *V. ishigakensis* had the largest number of unique genes (897), in particular, more unique genes responsible for membrane transport and signal transduction for environmental information processing, and unique genes responsible for starch, sucrose, fructose and mannose utilization pathways. Genes encoding alginate degrading enzymes (*aly*), classified into PL6, PL7, PL15 and PL17 were common in the 10 genomes, but *V. ishigakensis* also possessed more genes classified into the Glycoside Hydrolase (GH) family. This diversification of CAZyme genes of this species could function as alternative sources for bioenergy production. More details about the evolution and ecogenomics of Halioticoli clade species will be further discussed in our presentation.

沖縄トラフ深海底熱水活動域由来の新規好熱性 *Campylobacter*

○深澤操、美野さやか、澤辺智雄(北大院水)、中川聡(京大院農)、高井研
(JAMSTEC)

【目的】深海底熱水活動域には、海底から噴出する熱水中の無機物をエネルギー源として利用する化学合成独立栄養微生物が主要な一次生産者となる生態系が存在する。化学合成独立栄養微生物の中でも“*Campylobacter*”綱に属する微生物群は現場の優占種として知られ、特に常温性“*Campylobacter*”について生理生態学的特性の理解が進んでいる。しかしながら、好熱性“*Campylobacter*”に関する知見は比較的乏しく、この微生物グループに属する分離株の取得は、本微生物グループの生理生態学的・系統学的特徴の理解に必須である。そこで本研究では、新規な好熱性“*Campylobacter*”を分離し、その生理学的特徴やゲノム特性を明らかにすることを目的とした。

【方法】2014年に採取した沖縄トラフ伊平屋北フィールドの人工熱水噴出孔由来のチムニー片から、限界希釈法により運動性を持つ好熱性短桿菌を分離した。ロングリードとショートリードを組み合わせたハイブリッドアセンブルにより、分離株の完全ゲノムを取得し、近縁株とのゲノム相同性等を算出した。分離株の生理学的特徴は培養実験により評価した。さらに近縁株とのゲノム比較により、本分離株を含む *Nitratiruptor* 属のゲノム特性を調べた。

【結果・考察】16S rRNA 遺伝子情報およびゲノム相同性算出結果から、本分離株は *Nitratiruptor* 属の新種であることが示され、*Nitratiruptor kaiyonis* という種名を提唱する。その生理学的特徴は近縁種と類似するものの、水素やチオ硫酸塩、元素状硫黄などの多様な呼吸基質を利用可能である点で近縁種と異なった。*Nitratiruptor* 属の平均ゲノムサイズは 1.8Mb と、*Hydrogenimonas* 属を除く他の好熱性“*Campylobacter*”と同等であった。また、好熱性“*Campylobacter*”のエネルギー代謝に関わる遺伝子を調べた結果、*Nitratiruptor* 属に属するすべての分離株でチオ硫酸酸化に関わる *soxABXYZ* 遺伝子を有することが明らかとなり、その遺伝子クラスターの構造は保存されていた。以上のことから、深海底熱水孔環境の高温環境において *Nitratiruptor* 属は、常温性“*Campylobacter*”と同様に水素酸化だけでなくチオ硫酸酸化も行うことが示唆された。

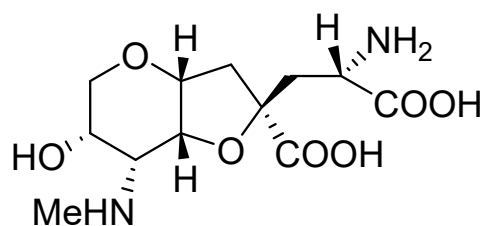
海綿-シアノバクテリア共生系由来新規糖代謝物の単離・構造解析

○野口祐輔・小田悠太・張権・藤田雅紀・酒井隆一（北大院水）

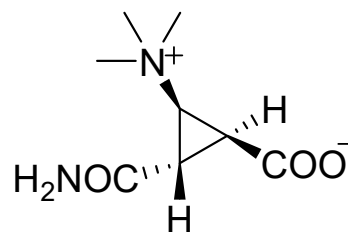
【背景及び研究目的】

海綿動物は、微生物と共生するものが多く、多くの二次代謝物が微生物由来であることが報告されている。しかし、共生生物系において微生物が代謝する化合物の全体像や宿主との間での授受に関しては不明な点が多く、真の共生の意義を解明する研究は極めて少ない。ミクロネシア産海綿

Lendenfeldia chondrodes は、シアノバクテリア *Oscillatoria spongeliae* と *Synechocystis* sp. を主な共生微生物とする海綿動物で、興奮性アミノ酸 dysiherbaine または dysibetaine CPb など特異な合成経路を持つと思われる代謝物が多く見出され、アミノ酸や糖由来の多彩な化合物を含むことが示されている。本研究では、本海綿に含まれる水溶性の代謝物系を網羅的に解析し、この海綿-シアノバクテリア共生系に含まれる代謝物の単離及び構造解析を行った結果、特異的な糖代謝の存在を示唆する化合物が得られたので報告する。



dysiherbaine



dysibetaine CPb

【実験】

ミクロネシア連邦ヤップ島、パラオ共和国において採取された海綿 *L. chondrodes* の水抽出物を対象として、LC-MS による網羅的解析を行い、特徴的な化合物については、単離し NMR などの各種機器分析により構造決定を行った。

【実験結果及び考察】

LC-MS 及び NMR による網羅的解析の結果、抽出物にアミノ酸関連化合物に加え、多様な糖が含まれていることが分かった。その中でも特に特異な構造を持つ化合物は、これまでにないイミダゾールを含む α -ヒドロキシカルボン酸の配糖体であった。これらの結果は、シアノバクテリアと海綿の共生系において、光合成代謝物が特異な変換を受けた形で存在していることを示唆するものである。

紅藻ダルス由来キシランの簡易調製法の開発と

その酵素分解物による *Bifidobacterium* の増殖

○栗田大輝・熊谷祐也・安井 肇・岸村栄毅（北大院水）

【目的】

先に我々は、紅藻ダルス(*Palmaria palmata*)を有機溶媒で脱脂し、脱脂粉末から 8 M 尿素によりキシランを抽出した(キシラン①)。そして、キシラン①を酵素で加水分解し、ダルス特有の β -1,3/1,4-キシロトリオース(DX3)を得た。さらに、DX3 が *Bifidobacterium adolescentis* の増殖を選択的に促進することを見出した。本研究では、上記試薬を用いず、熱水抽出のみによりダルスからキシランを調製し(キシラン②)、その組成を調べた。また、簡易調製したキシラン②を酵素分解し、酵素分解物による *Bifidobacterium* の増殖作用を検討した。

【方法】

試料ダルスは函館市白尻町で採取した。藻体を凍結乾燥した後に粉末化し、オートクレーブで熱水抽出した。熱水抽出物を遠心分離し、その上清を蒸留水に対して透析した。透析内液を凍結乾燥してキシラン②とした。酵素分解はヘミセルラーゼ アマノ「90」を用いて行った。全糖量はフェノール硫酸法、酵素分解物中のオリゴ糖組成は HPLC により分析した。*Bifidobacterium* の増殖は、終濃度 0.5%の酵素分解物を PYF 培地に添加し、濁度および pH 変化により検討した。

【結果および考察】

抽出容量・温度・時間を検討した結果、最も簡易的に得られた 60 倍容量・121℃・60 分間の抽出物をキシラン②とした。ダルス粉末からキシラン②の回収率(19%)および糖純度(56%)はキシラン①(それぞれ、14%および 62%)とほぼ同等であった。キシラン②の調製日数は 2 日間であり、キシラン①のそれ(7 日)より短期間であった。

酵素分解の結果、キシラン②の全糖量中のオリゴ糖(48%)および DX3(27%)の含有率はキシラン①(56%および 23%)とほぼ同等であった。

キシラン②酵素分解物による 4 種 *Bifidobacterium* の増殖作用を検討した。その結果、*B. adolescentis* の増殖が最も良く、次いで *B. longum* subsp. *longum*、*B. longum* subsp. *infantis*、*B. bifidum* の順であった。また、pH の低下は *Bifidobacterium* の増殖と相関が認められた。

以上のことから、本研究において紅藻ダルスからキシランの簡易調製法が確立

岩のり製品由来タンパク質から調製した ペプチドの ACE 阻害作用

○森河理絵・熊谷祐也・岸村栄毅（北大院水）

【目的】

先に我々は天然のウップルイノリ (*Pyropia pseudolinearis*) 由来タンパク質のサーモリシン消化物がアンジオテンシン I 変換酵素 (ACE) 阻害作用を示すことを報告した。本研究ではウップルイノリを主成分とする岩のり製品の機能性を評価するため、それに含まれるタンパク質を人工消化により低分子化してその ACE 阻害作用を検討した。

【方法】

岩のり製品(板状)は北海道木古内町で購入した。岩のり製品を凍結乾燥した後、粉末化した。本粉末に 20 倍容量の蒸留水を加え、4°C で一夜タンパク質を抽出した。抽出液を 4°C、10,000g、10 分間遠心分離した上清を岩のりタンパク質とした。岩のりタンパク質をペプシンおよびトリプシンでそれぞれ 37°C、3 時間分解した後、4°C、10,000g、10 分間遠心分離した上清を岩のりペプチドとした。ACE 阻害活性は Cheng and Cushman の方法に準じて測定した。ペプチドは逆相 HPLC で分画し、ペプチドのアミノ酸配列は MALDI-TOF/MS/MS によって分析した。タンパク質の *in silico* 消化は Peptide cutter を用いて行なった。ドッキングシミュレーションは Autodock vina を用いて行なった。

【結果および考察】

岩のりタンパク質の主要成分はフィコビリタンパク質およびルビスコであった。本タンパク質は ACE 阻害活性を示したが、その阻害活性はペプシンおよびトリプシンで加水分解することにより著しく上昇した。このことから、岩のり製品のタンパク質がヒトの消化酵素で分解され、ACE を阻害するペプチドが生ずると考えられた。

次に、岩のり分解物から主要な ACE 阻害ペプチドを分離・精製した結果、12 種の ACE 阻害ペプチドが同定された。それらペプチドの配列がウップルイノリ由来フィコビリタンパク質およびルビスコ L 鎖の一次構造中に認められた。また、これら 12 種のペプチドのうち GRP および MVT は *in silico* 消化でも生じるものであった。ヒト由来 ACE の C ドメインとのドッキングシミュレーションの結果、GRP は MVT よりも強く結合すると推察された。今後は合成ペプチドを用いて阻害度 (IC₅₀ 値) を測定する予定である。

アムールチョウザメの排卵関連遺伝子の探索

○駿河谷諒平・井尻成保・足立伸次（北大院水）

【目的】 北海道沿岸で稀に捕獲されるチョウザメ類の養殖産業化は、極めて有望で拡大しつつあるが、捕獲魚の繁殖は簡単ではない。チョウザメ類では、卵黄形成を完了した卵母細胞は卵成熟能を獲得し、遅れて卵濾胞が排卵能を獲得する。飼育環境下では、自発的に排卵しないため、黄体形成ホルモン放出ホルモンアナログ (LHRHa) を注射することで排卵誘導している。しかし、卵成熟しても排卵しない場合や、卵が得られても卵質が悪いことも多い。排卵誘導の成功には卵濾胞が排卵能を獲得している必要があるが、排卵能獲得を見極めることは難しく、その分子機構は全く不明である。そこで本研究は、卵黄形成完了から排卵に至るまでの分子機構を調べることで、ホルモン注射適期を高い確率で判断できる分子マーカーを特定することを目的として、アムールチョウザメ (*Acipenser schrenckii*) の卵濾胞を用いた RNA-seq 解析を行ない、排卵関連遺伝子を探索した。

【方法】 アムールチョウザメ未排卵個体および排卵個体の LHRHa 注射前および注射 24 h 後の卵濾胞から抽出した mRNA を NGS でシーケンスした。得られたリードをアセンブルし、313,491 コンティグを構築した。続いて、これらコンティグを BLAST 検索した。また、それぞれのコンティグに対して、戻しマッピングし、発現量を推定した。

【結果および考察】 まず、発現量の比較を行なった結果、LHRHa 注射前の発現量が、未排卵個体よりも排卵個体において 10 倍以上高い値を示すコンティグは、10,628 コンティグあった。このうち、排卵に関わる遺伝子は、*mmp13*、*mmp20*、*mmp23*、*mmp28*、*adam33*、*adamts1*、*adamts2*、*adamts3*、*adamts5*、*adamts7*、*adamts9* といったプロテアーゼやその阻害因子である *timp3*、*timp4* が含まれていた。さらに、プロスタグランジン合成に関わる *mpges1*、*cpges*、*akr1b1* も含まれていた。また、LHRHa 注射後の発現量が、未排卵個体よりも排卵個体において 10 倍以上高い値を示すコンティグは、9,422 コンティグあった。これらには、*mmp24*、*fp*、*ptgfrn* といった遺伝子のほかに、LHRHa 注射前の排卵個体で高い値を示した *adamts1*、*adamts3*、*adamts9*、*timp4*、*cpges* が含まれていた。

以上より、チョウザメ類の排卵には、MMPs などのプロテアーゼや PG/PG 受容体系の働きが特に重要であると考えられた。また、LHRHa 注射前の排卵個体において高い発現を示した 16 遺伝子は、排卵能獲得過程に発現変動する遺伝子であり、ホルモン注射適期をより正確に判断できる分子マーカーとして利用できることが示唆された。

GFP 発現ウナギ腎臓由来 EK1 細胞はウナギ生体内で生存できるのか

○地村実咲・陳顧慧（北大院水）・伴戸久徳（北大院農）・
笠井久会・井尻成保・足立伸次（北大院水）

【目的】ニホンウナギ (*Anguilla japonica*) は飼育環境下では性成熟が進行しないため、サケ脳下垂体抽出物 (SPE) を反復投与することで性成熟を誘導している。しかし、現行の方法では常に良質卵は得られず、その原因の 1 つとして、SPE は黄体形成ホルモン (LH) リッチで、卵黄形成を促進する濾胞刺激ホルモン (FSH) が少ないことが挙げられる。本研究では新しい試みとして、ウナギ腎臓由来 EK1 細胞をウナギ FSH 発現分泌細胞に形質転換し、それをウナギに移植して催熟する方法の確立を目指す。今回は EK1 細胞の移植を検討することを目的に、GFP 発現 EK1 細胞をウナギ生体内に移植後、細胞が生体内で生存可能であるかどうかを調べた。

【方法】EK1 細胞には従来法での外来遺伝子の導入が難しいため、バキュロウイルス遺伝子導入法を利用した。まず、GFP 発現バキュロウイルスを感染させ、同時に、外来遺伝子を宿主細胞 DNA に組み込む働きをもつトランスポザーゼバキュロウイルスを共感染させた。続いて、共感染させた EK1 細胞を 2 週間培養した後、4 週間にわたってハイグロマイシンによる選択培養を行なった。継代を繰り返し、全ての細胞が GFP を発現していることを確認した後、GFP 発現 EK1 細胞を 22–63 cm の雄ウナギ 17 尾の生体内に腹腔内注射により移植した。移植後、ウナギ腹腔内の EK1 細胞を蛍光顕微鏡により観察した。

【結果および考察】まず、選択培養後の GFP 発現 EK1 細胞を 1 年間にわたり 15 回の継代を続けた結果、ほぼ全ての EK1 細胞で GFP 蛍光がみられた。その後、 3×10^6 cells の GFP 発現 EK1 細胞を体長 23–30 cm のウナギに移植して観察した結果、7 時間後から 4 日後まで、GFP 発現細胞が確認された。次に、体長 45 cm のウナギに 12×10^6 cells の GFP 発現細胞を移植し、4 日後では、消化器官系上の 3 カ所で GFP 発現細胞の集塊が観察された。また、6 日後でも、2 カ所で GFP 発現細胞塊が生存していた。続いて、体長 45 cm のウナギに 6×10^6 cells の GFP 発現細胞を移植し、4 日後に観察を行なった結果、2 カ所で GFP 発現細胞が確認され、さらに 7 日後になっても、1 カ所で GFP 発現細胞塊が確認された。以上より、GFP 発現 EK1 細胞はウナギ生体内において少なくとも 6 日間は生存可能であり、移植後の細胞は消化器官系上に大きな細胞塊として定着することがわかった。以上、移植細胞が生存することがわかったことから、今後は FSH 産生 EK1 細胞の移植を行い、催熟が可能かどうかを検討する。

半数体始生殖細胞の細胞選別と移植技術の改善

○遠藤祐助・藤本貴史（北大院水）・斎藤大樹・後藤理恵・松原孝博（愛大南予セ）・山羽悦郎（北大フィールド科セ）

【目的】始生殖細胞(PGC)は、致死となる半数体の個体でも分化し、これを同種の宿主へ移植して *in vivo* で培養するとクローン精子へ分化する。しかし、半数体 PGC はゲノムを 1 セットしか持たないため、配偶子分化に必要な遺伝子に異常や欠失がある場合には配偶子に分化しないと考えられる。そのため、複数の半数体 PGC を宿主へ移植すると、配偶子分化に必要な正常な遺伝子セットを有する PGC が体内で選抜できると考えられる。本研究ではセルソーターで選別した複数の PGC を移植する方法の開発と、同種間で半数体 PGC を移植したキメラ胚の誘導を試みた。

【方法】遺伝的不活化を行ったゼブラフィッシュ精子をゼブラフィッシュ卵に受精し半数体を誘起した。受精卵に、GFP-nos3 3'UTR mRNA を顕微注入し胞胚まで培養した。胞胚より割球を分離/培養して PGC を GFP 蛍光で顕在化させた後、セルソーティングで蛍光細胞を分取した。分取細胞に対しゼブラフィッシュ Vasa 抗体を用いた免疫染色を行い、PGC の割合を調査した。分取細胞を顕微注入用の移植針に挿入し、ゼブラフィッシュ胞胚の胚盤下部に複数個の PGC を移植した。受精後 24 時間に蛍光細胞の分布を蛍光実体顕微鏡にて調査した。

【結果および考察】GFP-nos3 3'UTR mRNA を顕微注入した胞胚より分離/培養した細胞の中から、セルソーティングにより蛍光細胞を濃縮できた。ゼブラフィッシュの Vasa 抗体を用いて免疫組織学的に染色すると、ソート前の細胞に占める Vasa 陽性細胞の割合は $5.7 \pm 1.5\%$ であったが、ソート後では $93 \pm 0.98\%$ で PGC が高率で分取されたと考えられた。胚盤下部へ移植された分取細胞は、受精 24 時間の宿主胚の生殖腺原基の他、頭部など様々な位置に分布した。これらの結果から、分取細胞の多くが PGC である可能性を示唆し、複数個の PGC を移植できたが、生殖腺原基のみへの到達は確認できず一部の PGC や宿主に何らかの不具合が生じたと考えられる。

サケ属魚類における腋突起の機能解剖学的解析

○若林佑樹・宮下倭麻・阿部嵩志・五味伸太郎

・高木 力・工藤秀明（北大院水）

【背景と目的】サケ属魚類 (*Oncorhynchus* spp.) を含むサケ科魚類 (Salmonidae) の外部形態の特徴の一つとして、脂鰭の存在が広く知られ、二次性徴や遊泳への関与が報告されている。一方、腹鰭基部に位置する葉状構造の腋突起 (腋鱗; axillary process) も同様にサケ科魚類の特徴の一つとされるが、腋突起 (えきとつき) に関する研究例は少ない。本研究では、サケ属魚類の腋突起の内部構造およびその機能、特に二次性徴および遊泳との関連を明らかにすることを目的として、サケ属魚類 4 種を用いて、腋突起の外部形態計測、組織学的解析、分子生物学的分析および腋突起切除後の遊泳試験を行った。

【材料と方法】供試魚にはカラフトマス (*O. gorbuscha*)、サケ (*O. keta*)、サクラマス (*O. masou*)、湖沼型ベニザケ (*O. nerka*) の 4 種を用いた。外部形態計測では、尾叉長、ハイピューラル長、腋突起長、腋突起幅を測定し、各成熟段階における腋突起長およびその幅の雌雄間比較を各種で行った。組織学的解析には、ブアン氏液により固定したカラフトマスとサクラマスの腋突起断面のパラフィン包埋切片を作製し、一般染色を施し顕微鏡観察した。分子生物学的解析では、各種成熟魚の腋突起基部と精巣から抽出した poly (A)⁺ RNA を鋳型に cDNA 合成し、逆転写 PCR により雄性ホルモン受容体 (AR) 遺伝子のアイソフォームである *arβ* の発現を検出した。遊泳機能解析には、湖沼型ベニザケを用い、腋突起切除群と非切除対照群を設け、回流水槽内で遊泳させて上面および左側面から動画撮影し、その映像解析から腋突起切除が遊泳に及ぼす影響を評価した。

【結果と考察】外部形態計測では、今回の 4 種全ての成熟魚において、雄は雌に比べて腋突起幅が有意に大きかった。腋突起基部断面の組織学的解析では、体表から上皮組織、結合組織、硬組織で構成されていた。加えて、成熟雄の上皮組織が成熟途上雄と比較して肥厚しており、上皮組織内の杯細胞数が増加していた。分子生物学的解析では、各種成熟雄の腋突起基部組織において、*arβ* の発現が確認された。上記より、腋突起は二次性徴と関連する可能性が示された。遊泳解析では、脂鰭での報告例を参考に尾柄部の振幅に着目したが、切除群と非切除群の間に有意差は認められなかった。しかしながら、体側と腹鰭の接合部を滑らかにする形状やギンザケ (*O. kisutch*) やサクラマスでは降海後に腋突起が伸長することからも、何らかの形で海洋や湖沼での遊泳に関与している可能性がある。

キタムラサキウニ MYP 遺伝子プロモーター領域における 核内受容体 COUP-TF の機能解析

○北野雄大・樋口一郎・細川雅史・浦 和寛・都木靖彰（北大院水）

【背景・目的】ウニでは、雌雄ともに生殖巣に最も多く含まれるタンパク質は主要卵黄タンパク質（Major Yolk Protein ; MYP）である。そして生殖巣の肥大は、MYP の合成および蓄積に伴って進行する。我々は、MYP 遺伝子の転写調節機構を明らかにすることを目指しており、これまでに核内受容体 COUP-TF が MYP 遺伝子の転写調節に関わることを見出した。COUP-TF はリガンドが明らかになっていないオーファンレセプターであるが、リガンド依存的な転写調節をおこなう可能性が示されている。今回はキタムラサキウニにおいて COUP-TF が MYP 遺伝子に対し転写調節能を持つかを確認した。また、キタムラサキウニ生殖巣内において COUP-TF を活性化させるリガンドを探索した。

【材料・方法】まず、COUP-TF が MYP 遺伝子に対し転写調節能を持つかを調べるために、MYP 遺伝子プロモーターレポーターベクターおよび COUP-TF 発現ベクターを COS-7 細胞に共導入し、COUP-TF への活性が認められている 9-*cis*-レチノイン酸を用いてレポーターアッセイをおこなった。次に、COUP-TF のリガンド探索として、生殖巣総脂質を用いてレポーターアッセイをおこなった。また、生殖巣総脂質をオープンカラムクロマトグラフィーにより 4 つの画分に分画し各画分および 9-*cis*-レチノイン酸を用いてレポーターアッセイをおこなった。加えて、各画分および 9-*cis*-レチノイン酸を薄層クロマトグラフィー（TLC）によって解析した。最後に、活性が最も高い画分 1 を TLC によってさらに 3 つの画分に分画し、レポーターアッセイをおこなった。

【結果・考察】COUP-TF が MYP 遺伝子の転写を促進することが明らかになった。また、COUP-TF の活性は生殖巣総脂質の濃度依存的に増加し、生殖巣総脂質中にリガンドが存在する可能性が示された。さらに、画分 1 で COUP-TF の活性が最も増加し、TLC 解析では画分 1 には 9-*cis*-レチノイン酸が存在していないことが示された。加えて、画分 1 をさらに分画した画分 1-1 で 9-*cis*-レチノイン酸の 6 倍ほどの活性が認められた。以上より、COUP-TF が MYP 遺伝子の発現を調節し、生殖巣総脂質を分画した画分 1-1 に新規生体内リガンドが存在する可能性が強く示された。

CFD 解析を用いたマグロ養殖生簀網の流速分布に関する研究

○高橋元徳（北大院水）・高橋勇樹（北大院水）・梶川和武（水産機構水大校）

【目的】

近年、我が国の生簀網を用いた大型回遊魚の養殖生産量は増加傾向にある。生簀網を用いた海上養殖では、赤潮の流入が問題となっており、対象魚の酸欠死が指摘されている。その赤潮被害を防ぐために、適切なタイミングで餌止めや生簀網の移動を行うには、生簀網内外の流れを把握し、赤潮の流入を予測する必要がある。そこで、本研究では対象物周りの流れを解析することができる数値流体(CFD;Computational Fluid Dynamics)解析に着目し、同手法を用いて生簀網周りの流速分布を明らかにした。

【方法】

本研究ではクロマグロ生簀網(直径 40 m×深さ 38 m)の 1/40 スケールの模型網を解析対象とした。解析負荷を軽減するため、網目係数を模型網と同様の 0.1386 に保ちながら、目合と網糸直径を大きくして、目合 0.197 m，網糸直径 6 mm とした。CFD 解析には ANSYS FLUENT(2021R1)を用いた。使用流体は真水(20 °C)とし、設定流速を 0.1~0.5 m/s (0.1 m/s 刻み)で変化させた。

【結果および考察】

CFD 解析を用いて生簀網周りの流速分布を可視化したところ、流れは生簀網にぶつかり、流速が減少した。生簀網内部へ流入する流速減少率と生簀網後流の流速減少率をそれぞれ調べたところ、特に減少が大きい上端パイプ後方では約 22 %と約 42 %，網後方では約 5 %と約 7 %であった。また、推定した生簀網周りの流速分布から粒子シミュレーションを用いて赤潮の流入を可視化したところ、多くの赤潮はそのまま生簀網に流入してしまった。

今後は、同手法を用いることで、赤潮の流入を事前に予測することができ、生簀網の設計に役に立つことが期待される。

Predicting occurrence of Acute Hepatopancreatic Necrosis Disease (AHPND) in Shrimp Farmed on The Mekong Delta of Vietnam by GIS and Machine Learning

Nguyen Minh Khiem (北大院水) · Yuki Takahashi (北大院水) · Hiroki Yasuma (北大院水) · Dang Thi Hoang Oanh · Tran Ngoc Hai (Can Tho Univ.) · Vu Ngoc Ut (Can Tho Univ.) and Nobuo Kimura (北大院水)

[Introduction]

Acute hepatopancreatic necrosis disease (AHPND), caused by *Vibrio parahaemolyticus*, has been occurred and caused massive losses in Mekong Delta where is the greatest potential area for shrimp development of Vietnam. In the past studies, the relationship between the environmental factor and AHPND was well studied; however, the influence of geographic vicinity to farms also should be considered as factor contributes to the outbreak of disease. Predicting AHPND spread based on geographical factor, clinical sign and environmental indicator, is necessary to reduce the risk of AHPND in the Mekong Delta.

[Methods]

GIS was applied to show the distribution of AHPND in the Mekong Delta, and geographical parameters for the prediction were extracted. Dataset was composed of these geographical features, clinical signs, symptoms and environmental factors as independent variables to predict the occurrence of AHPND. Based on above dataset, machine learning was employed to predict AHPND. Four algorithms of machine learning including logistic regression, artificial neural network, gradient boosting and random forest were used to model the relationship between those variables and AHPND existence probability. The interpolation method, which was based on inverse distance weighted (IDW) technique, was used to visualize distribution of the probability of disease occurrence in the Mekong Delta area.

[Result & Discussion]

The dataset was divided into 2 subsets: training set for training model and testing set for validation the accuracy. Artificial neural network was found as the most outperformed algorithm; its accuracy was 96.6% (for training set) and 91.9% (for testing set). River distance, a parameter was extracted from GIS, was considered as the most important in prediction. It was explained for the west coast of Ca Mau where has interlaced canal system of U Minh forest and Tra Vinh province where surrounded by Hau and Co Chien river were estimated as heavily affected areas of AHPND by interpolation process. In this study, we combined GIS and machine learning techniques to predict more comprehensive and provides the intuitive result on the map. Understanding the possibility of AHPND development will help not only shrimp farmer active in farm management, but also control the outspread of this disease.

○古田直哉（北大院水）・米山和良（北大院水）

【目的】

養殖業では、意図する体長・体重の養殖魚を生産するために定期的な魚体計測が必要である。計測時の養殖魚への負担を軽減するために、近年では光学ステレオカメラを用いた非接触な魚体計測が多数行われている。ステレオカメラの自動較正にはチェッカーボードが使用されるが、水中では計測精度が下がる。水中では立体構造物を用いたカメラ較正の精度が高いことが報告されているが、自動較正手法が確立されておらず、解析には人の労力に依存している現状がある。ステレオカメラを用いた水中での魚体計測の実用には、計測精度の高い立体構造物を用いたカメラ較正も含めた魚体計測の自動化が必須である。そこで本研究では、画像認識技術を用いた魚体計測システムの自動化を目的とした。

【方法】

光学文字認識技術（OCR）を応用して立体構造物を用いたカメラ較正の自動化を行った。実験水槽に、数字を印字した 24 個の特徴点を取り付けた立体フレームを設置し、2 機のビデオカメラを備えたステレオカメラで撮影した。OCR を応用し、6 セットのステレオ画像上の特徴点の自動検出とマッチングを行った。自動と手動による推定点と真値の 3 次元距離を比較することで評価した。

自由遊泳するキンギョをステレオカメラで撮影し、計測の自動化を行った。色のしきい値により背景を除去した吻端と尾鰭の画像を教師画像として、AlexNet を転移学習した Faster R-CNN をトレーニングして検出器をそれぞれ構築した。検出器の検証には、6 シーンで 20 フレームの連続したステレオ画像を用いた。検出した吻端及び尾鰭のバウンディングボックスの重心を計測点として尾叉長の画像計測を行い、自動計測と手動計測の結果を比較した。

【結果および考察】

OCR により、ステレオ画像の特徴点の検出とマッチングが実現した。自動と手動を比較したところ、正確度（誤差）および精度（標準偏差）の平均は 2.1 ± 1.6 mm と 2.1 ± 1.5 mm だった。Faster R-CNN を用いた画像計測では、全ての検証データで実験個体の吻端と尾鰭の検出ができた。自動計測と手動計測の結果をそれぞれ比較したところ、正確度および精度の平均は 6.8 ± 3.6 mm と 1.4 ± 1.1 mm で、自動計測は過小評価で精度が若干劣る結果となった。原因として、教師画像の多様性及びトレーニングが不足していたことが考えられる。カメラ較正及び画像計測において、自動と手動による処理時間はそれぞれ 8 ± 0 秒と 227 ± 29 秒および 20 ± 0 秒と 197 ± 15 秒であった。本研究では、自動魚体計測の正確度および精度の向上に課題は残るが、立体構造物を用いたカメラ較正を使用した、光学カメラによる魚体計測の完全自動化手法の基盤を築くことができた。

えびかご漁業における水中カメラを用いた トヤマエビの入りかご脱かご行動の野外観察

富安 信(北大院水)・藤森康澄(北大院水)・有馬大地(道中央水試)
・藤田一世(北大水産)・光崎健太(北大院水)

【目的】漁業における漁獲の過程を理解することは、選択的な漁獲や資源の持続的な利用に不可欠である。トヤマエビ *Pandalus hypsinotus* は、北海道において重要な水産種であり南部の噴火湾におけるかご漁業によって多くが漁獲されている。一般的に漁具は漁獲対象の応答を考慮して設計されているものの、上記のえびかごのように操業深度が深い漁業では野外で生物の応答を観察した例は乏しい。本研究では、水中カメラ、LED ライトおよびデータロガーをかごに装着し、漁獲の多寡に関わるエビの入りかご・脱かご行動を直接観察した。

【方法】噴火湾内の森漁業協同組合所属太平丸の協力のもと、2019 年-2020 年の春季(3-4 月)と秋季(9-11 月)に調査を行った。操業用のかごの一部に、耐圧防水ハウジングに外部バッテリーとともに収めたカメラと赤色 LED ライトおよびデータロガーを装着し海底約 90m へ投下した。1-2 昼夜後に漁獲物と共に映像データとかごの深度・水温などのデータを収集した。映像から、かごの着底からの経過時間とエビの累積出現個体数の関係を調べた。また入りかご・脱かご行動として、漏斗口からの逃避、係留された餌への定着、カゴ底への落下および落下後の漏斗口からの脱出について行動の特徴と発生の頻度を調べた。

【結果・考察】10 回の調査で、平均 4.7 時間、最長 11.1 時間のビデオ記録を取得し、合計 32 個体のエビが観察された。かご着底後に 1 個体目が現れるまでの時間は、最短 55 分、最長 4.3 時間とばらつきがあった。さらに時間帯によって連続してエビが出現する時間と全く出現しない時間があり、エビの移動速度を一定と仮定すると海底での水平分布は均一でなくパッチ状である可能性が考えられた。入りかご・脱かごに関わる行動として、漏斗口からの逃避：エビが口から落下しかけた際に後方へダッシュする(15/32 個体)、かご底への落下：逃避に失敗した個体や餌へ定着した個体がかご内へ落下する(12/32 個体)が観察された。吊るされた餌へは、大型の個体は漏斗口から脚を伸ばして到達したが、小型の個体は自由遊泳することで到達した(14/32 個体)。餌への定着の持続時間は平均 41 分と操業期間全体に比べて短く、エビの行動時間割合はかご内での移動や滞留が大半であることが示された。また落下後の漏斗口からの脱出は自由遊泳する小型個体(2/32 個体)でごく稀に見られ、大型個体では見られなかった。したがって、エビの主な脱かご行動は落下する前後での漏斗口からの逃避と落下後にかご内を移動する中でのかごの目合からの脱出に大分されるのではないかと考えられた。目合の調整は多くの漁法で代表的なテクニカルコントロールであり資源管理に有効であるが、加えて本漁業では漏斗口の大きさや形状とエビの逃避・かご底への落下頻度との関係性の理解が重要であることがあらためて確認された。

スケトウダラ日本海北部系群の高豊度年級群発生条件に関する研究

千村昌之（水産機構資源研）

【目的】

近年のスケトウダラ日本海北部系群の主な産卵場は、岩内湾と檜山海域の乙部沖で、産卵盛期は1～2月であることが知られており、産み出された卵の大部分は対馬暖流によって北へと輸送されながらふ化して、石狩湾以北の沿岸域が仔稚魚および未成魚の主な成育場であると考えられている。本系群の資源量（2歳以上の資源重量）は、1993年漁期（4月～翌年3月）以降減少した。2008年漁期以降は、漁獲量の厳しい制限の下、2歳資源尾数が1.8～4.0億尾と前後の年級群に比べて大幅に多い高豊度年級群が断続的に発生したことにより緩やかに増加している。2006年級群以降は、4月の漂泳仔稚魚の段階までに年級群豊度がほぼ決まること、年級群豊度の経年変動が大きいことが分かっている。本研究では、年級群豊度決定後の5月に成育場で採集された漂泳稚魚の体サイズとふ化日を年級群間で比較することにより、高豊度年級群の発生条件を考察した。

【方法】

2006年以降、毎年5月に成育場で音響トロール調査を行い、漂泳稚魚の現存尾数を推定するとともに、稚魚を採集した。採集された稚魚の体サイズを測定して耳石（扁平石）を摘出した。耳石日輪数を計数してふ化日を推定した。

【結果および考察】

5月調査で推定された漂泳稚魚の豊度の推移は、4月における漂泳仔稚魚の豊度の推移と傾向が一致していた。漂泳稚魚のふ化日は1月中旬から4月中旬に及んでいたが、高豊度であった2006、2012、2015、2016年級群の漂泳稚魚のふ化期間は、その他の年級群の稚魚よりも短い傾向があり、2月中旬から3月中旬の間の2～3旬に大半の個体がふ化していた。また、漂泳稚魚の豊度と採集時の体サイズの間には関係がみられなかった。北海道太平洋沿岸のスケトウダラでは、ふ化時期が早く、同じ時期における体サイズが大きいことが着底幼魚までの生き残りに有利であると考えられているが、本系群には当てはまらないことが分かった。高豊度年級群の発生年は、成育場の南端の石狩湾における2月の卵分布密度が高いことが知られている。これらのことから、近年における本系群の高豊度年級群の発生条件として、卵の輸送に適した時期と産卵量が多い時期が合致することが重要であると考えられる。なお、本研究で用いた試料は、水産庁委託の水産資源調査・評価推進事業で得た。

低次栄養段階生物を対象とした「かいあし漁業」の可能性を探る

○山口 篤（北大院水）・松石 隆（北大院水）・向井 徹（北大院水）・
藤森康澄（北大院水）・別府史章（北大院水）・細川雅史（北大院水）

2019年9月20-24日にモナコで開催されたIPCC(気候変動に関する政府間パネル)第51回総会で採択・承認された「IPCC 海洋・雪氷圏特別報告書」にて、「温暖化による海洋環境の変化により、今世紀末までに、全世界海洋の海洋生物の量が最大で20%減り、漁獲量も最大で24%減少する可能性がある」という内容が発表された。これは温暖化による一次生産量と漁業可能海域の減少の影響である。またカナダUBCのダニエル・ポーリーが提唱するFishing down the food webという現象は世界の様々な海域で実証されつつあり、日本近海でも様々な魚種の不漁が報じられている。

海洋生態系モデルなどにもあるように、海洋生態系のエネルギー・資源量は、栄養段階が1つ上がるにつれて1/10になることが知られており、これは生態効率という概念である。つまり、高次生物を対象とした漁業は非常にもろく、脆弱な食糧資源の入手法である。一方、海洋生態系におけるエネルギー・資源量は、一次生産により近い、低次栄養段階生物の方が多くことは自明の理である。

低次栄養段階生物として、北海道近海の親潮域では、動物プランクトン相に大型カイアシ類の *Neocalanus* 属が卓越し、細菌から海鳥類までを合わせた全海洋生物バイオマス年平均の15%を占めている。この *Neocalanus* 属は1年の世代時間を持ち、春季植物プランクトンブルーム後に表層で年間最大バイオマスを示し、莫大な資源量を持つ、生産ポテンシャルの高い更新資源である。これら未利用な低次栄養段階生物を漁獲し、食糧資源として活かす「かいあし漁業」の確立可能性を探ることを目的とした、科研費の挑戦的研究（開拓）を申請したところ採択され、令和2年度～7年度にかけて行われることになった。



漁業が持続的に成立するためには、ヒト、モノ、カネ、情報が適切に循環しなければならない。人材育成、資源管理、漁具技術開発、保存加工技術、サプライチェーン等、様々な課題の解決が、かいあし漁業成立の条件となるであろう。本発表では、低次栄養段階生物「カイアシ類」への新漁業が成立するための課題を紹介し、インターディシプリナリーな観点から漁業の成立要件を考えるとともに、かいあし漁業実現に向けての道筋について案を提示し、広くご意見を伺うことが出来たらと思っている。

令和2年度日本水産学会北海道支部大会 実行委員会

大会委員長 木村 暢夫 北海道大学大学院水産科学院研究院長
(日本水産学会理事, 北海道支部 支部長)

実行委員 (北海道大学大学院水産科学院)

庶務 山本 潤、田中 啓之

編集 平松 尚志、宇治 利樹、山村 織生、米山 和良

会計 長谷川 浩平

受付 安間 洋樹、田中 啓之

Zoom 藤森 康澄

令和 2 度日本水産学会北海道支部大会
講演要旨集

令和 2 年 11 月 26 日 発行

発行：令和 2 年度日本水産学会北海道支部大会
発行責任者：大会委員長 木村 暢夫（北海道大学大学院水産科学院研究院長）
（日本水産学会理事，北海道支部 支部長）
041-8611 函館市港町 3-1-1