

つながるサクラエビ ——日本・台湾間における遺伝的交流を解明——

発表のポイント

- ◆近年、漁獲量の減少が続く駿河湾の宝石“サクラエビ”ですが、その生態に関わる科学的知見は圧倒的に不足しています。
- ◆漁獲対象となっている駿河湾および台湾のサクラエビで複合的な集団遺伝解析を行ったところ、日本ー台湾間のサクラエビは遺伝的に交流していることが明らかになりました。
- ◆本研究の結果はサクラエビの海を跨いだ「つながり」を示すものであり、今後の適切な資源管理や生態理解には日本と台湾の相互協力が不可欠であると考えられます。



図1：駿河湾の宝石“サクラエビ”

発表内容

東京大学大気海洋研究所の平井惇也講師と、東海大学海洋学部海洋生物学科の西川淳教授らによる研究グループは、駿河湾および台湾島北部・南西部のサクラエビを複合的な分子生物学的手法により解析し、日本ー台湾間における遺伝的交流を調査しました。

サクラエビは成体で4～5cmまで成長するエビの一種で、日本では主に静岡県の駿河湾で漁獲され、その高い栄養価や見た目の美しさから「駿河湾の宝石」と称されています（図1）。一方、駿河湾においては2010年代後半からサクラエビの記録的不漁が続き、その持続的な利用が危ぶまれています。しかし、サクラエビは科学的知見に基づいた調査が不足しており、その生態の多くは未だに謎に包まれています。例えば、サクラエビは駿河湾の他に台湾北東部および南東部でも漁獲され、台湾産のサクラエビは日本にも輸出されています。これらの日本産および台湾産のサクラエビは異なる集団として捉えられていますが、最新の分子生物学的手法による研究は行われておらず、資源管理の上でも重要な日本ー台湾間の遺伝的交流の詳細は不明でした。

そこで本研究グループは台湾農業部水産試験所の研究者と共同研究を行い、最新の分子生物学的手法を含めた複合的な解析により日本ー台湾間におけるサクラエビの遺伝的交流の実態を

調べました。初めに、従来法であるミトコンドリア DNA（注 1）の特定領域（約 500 塩基）を用いた解析を行ったところ、従来法ではサクラエビの集団構造を正確に捉えることが困難なことが確かめられました。次に、ゲノム上の一塩基多型（注 2）を効率的に解析することが可能な MIG-seq 法（注 3）を用いた集団遺伝解析を行ったところ、駿河湾および台湾のサクラエビで明確なグループが形成されず、日本–台湾間に遺伝的交流を示す結果が得られました。

▼発表内容の続きは、プレスリリース掲載ページにてご確認ください。

<https://www.aori.u-tokyo.ac.jp/research/news/2025/20250305.html>



発表者・研究者等情報

東京大学 大気海洋研究所

平井 惇也 講師

東海大学 海洋学部 海洋生物学科

西川 淳 教授

論文情報

雑誌名 : Scientific Reports

題 名 : Population panmixia of the pelagic shrimp *Lucensosergia lucens* between Japanese and Taiwanese waters in the western North Pacific

著者名 : Junya Hirai*, Sheng-Tai Hsiao, Hsin-Ming Yeh, Jun Nishikawa*

DOI : 10.1038/s41598-025-91208-4

URL : <https://doi.org/10.1038/s41598-025-91208-4>



用語解説

（注 1）ミトコンドリア DNA

細胞内小器官であるミトコンドリア内に存在する DNA。サクラエビでは約 16000 塩基対から成り、37 遺伝子が存在する。母性遺伝する、塩基置換の起こる頻度が高いという特徴を有することから集団構造の把握にも活用されている。

（注 2）一塩基多型

集団の個体間のゲノム上で塩基配列が異なる場所を示し、SNP とも呼ばれる。一塩基多型の情報をゲノム上から広く集めることで、詳細な集団構造が把握可能になる。

（注 3）MIG-seq 法

塩基配列情報が大量に決定可能な次世代シーケンサーを用い、ゲノム上の反復配列に挟まれた領域を効率的に取得し、これらの領域に含まれる一塩基多型を探索する手法。

問合せ先

東京大学 大気海洋研究所 海洋生命システム研究系 海洋生態系科学部門

講師 平井 惇也（ひらい じゅんや）

E-mail : hirai@aori.u-tokyo.ac.jp

※アドレスの「◎」は「@」に変換してください。