

## [成果情報名]「富士の介」の遺伝子判別方法の開発

[要約]サケ・マス類において魚種特異性が確認されている短鎖散在遺伝子配列 (SINE) の挿入の有無をPCR法により検出することで、「富士の介 (全雌異質三倍体ニジマス♀×キングサーモン性転換♂)」と他のサケ・マス類が判別できることを確認した。

[担当]山梨県水産技術センター・忍野支所・三浦正之

[分類]技術・参考

[課題の要請元]県内のマス類養殖業者、養殖漁協

### [背景・ねらい]

山梨県で開発した新たなサケ・マス類「富士の介」については、2020年の出荷に向けて、ブランド化への取り組みが始まったところである。富士の介の外観は他のサケ・マス類と類似している部分もあり、慣れた人でないと見分けることは難しい。また、フィレーなどに加工された状態では他のサケ・マス類と判別することはできない。このため、食品偽装対策などを目的として、目視以外で富士の介を判別する技術を確立しておく必要がある。

本研究では、サケ・マス類において魚種特異性が確認されている短鎖散在遺伝子配列 (SINE) を検出することで「富士の介」と他のサケ・マス類を判別できるかどうかを検討した。

### [成果の内容・特徴]

1. 短鎖散在遺伝子配列 (SINE) のうち、図1に示すHpa-100、Hpa-506及びHpa-52を含む遺伝子領域を増幅するPCR法により、「富士の介」と他のサケ・マス類の判別が可能かを検討した。
2. 試験には、「富士の介」、ニジマス、キングサーモン (マスノスケ)、ギンザケ、イトウ、イワナ、カワマス、サクラマス、アマゴ、ビワマス、ヒメマス、クニマス、シロサケ、カラフトマス、タイセイヨウサケ、ブラウントラウト、「信州サーモン (ニジマス×ブラウントラウト)」、「絹姫サーモン (ニジマス×アマゴ)」及び「魚沼美雪ます (ニジマス×イワナ)」を用いた。
3. Hpa-100領域の増幅PCRにおいて、「富士の介」のみ2本のバンドが確認された。
4. Hpa-100領域の増幅PCRを行うことで、他のサケ・マス類と富士の介とを簡易的に判別できることが示された (図3)。
5. さらに、Hpa-506領域とHpa-52領域の増幅PCRを併用すれば、今回供試していない組合せのサケ・マス類の交雑魚であっても「富士の介」を判別できると考えられる。

### [成果の活用上の留意点]

加工品 (加熱調理後など) においても、本手法により「富士の介」を判別できるかどうか検討が必要。

### [期待される効果]

1. 「富士の介」に関する食品偽装を未然に防ぐことができる。
2. サケ・マス類における様々なSINEの挿入部位はこれまでの研究で数多く明らかにされているため、「富士の介」以外のサケ・マス類においても、本手法を利用できる。

[具体的データ]

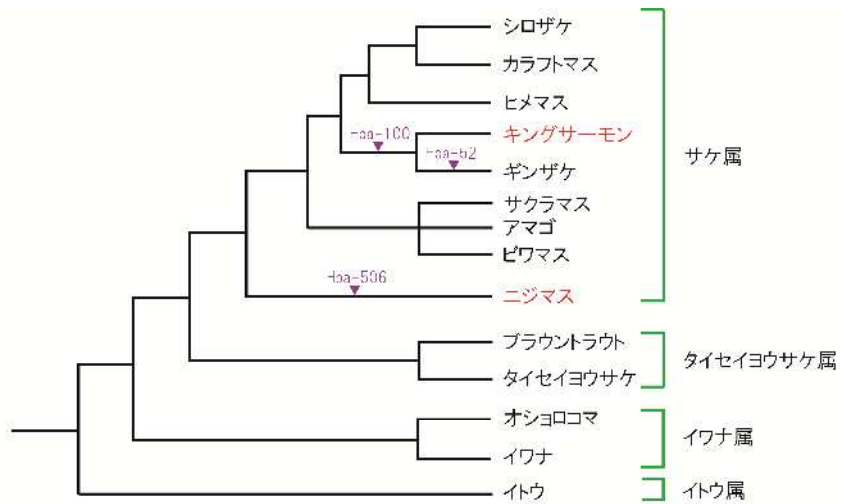


図 1 増幅に用いた短鎖散在遺伝子領域

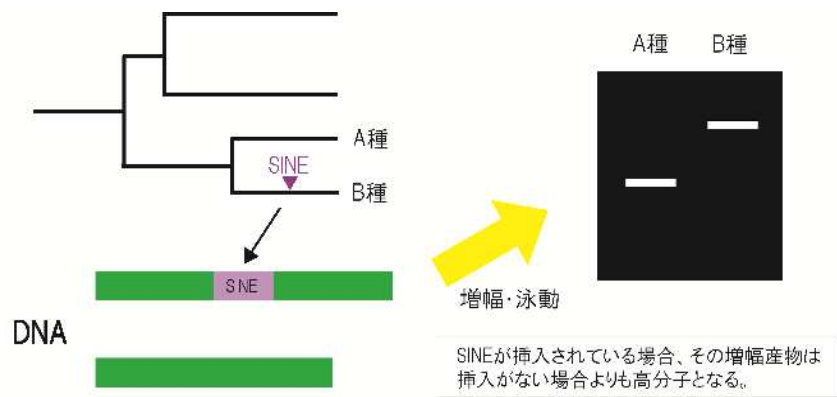


図 2 本手法のイメージ図

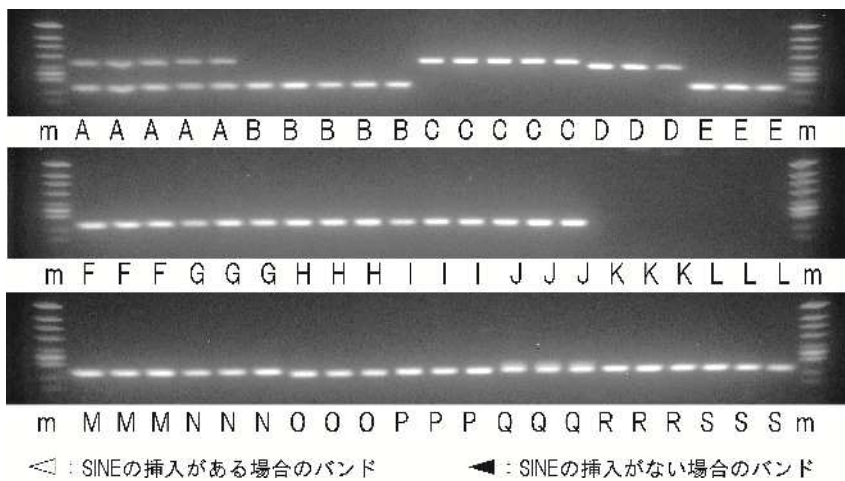


図 3 PCR 泳動像 (Hpa-100 領域)

▲ A:「富士の介」、B:ニジマス、C:キングサーモン、D:ギンザケ、E:イトウ、F:イワナ、G:カワマス、H:サクラマス、I:アマゴ、J:ビワマス、K:ヒメマス、L:クニマス、M:シロサケ、N:カラフトマス、O:タイセイヨウサケ、P:ブラウントラウト、Q:「信州サーモン」、R:「絹姫サーモン」、S:「魚沼美雪ます」、m:分子量マーカー  
 ※富士の介のみ 2 本のバンドがみられる。

[その他]

研究課題名：バイオテク魚の養殖特性に関する研究

予算区分：県単

研究期間：2007～2019 年度

研究担当者：三浦正之、平塚 匡、岡崎 巧