

CCSBT 管理方式の仕様書

4. MP で使用される遺伝子標識放流資源量推定に関するデータ解析の仕様

CCSBT 遺伝子標識放流計画は、ケープタウン方式での使用を目的として、標識装着を行った年の 2 歳級群の絶対資源量の推定値と確認された (DNA の) 一致件数 (再捕数) を提供するものである。2016 年から開始されている毎年の計画の内容は設計研究 (Preece ら、2015 年) で説明されたとおりであり、CSIRO が策定した標識装着及び動物の取扱いに関するプロトコル (Bradford ら、2009 年) に従って実施されている。

SBT の遺伝子標識放流には、多数の 2 歳魚 SBT からの極小組織サンプル採取 (Bradford ら、2015) による「標識装着」と、生きたままでの魚の放流が含まれる。物理的な標識は使用されない。個体群全体の中で標識装着された魚が非標識魚と混合する時間を確保できるよう (Polacheck ら、2006 年; Basson ら、2012 年)、1 年後の蓄養場での収穫時に 3 歳魚の漁獲物から 2 回目の組織サンプル収集を行う。これら 2 セットの組織サンプルについて遺伝子型判定を行い、DNA が一致するサンプルを (特異的な DNA フィンガープリントを用いて) 確認することができるよう、これらと比較する。DNA が一致することは、標識装着して放流された魚が再捕されたことを示す。資源量推定値は、放流セットと収穫セットのサンプル数と、確認された DNA の一致件数から計算される。

遺伝子型判定解析には、遺伝子型判定情報が不完全又は不十分な (シーケンスの結果が良いにも関わらず SNP マーカーが少なすぎる) 魚を除外するためのフィルタリングが含まれる。解析に含まれるサンプルは、遺伝子型判定コーディングの 59 マーカーのうち少なくとも 30 マーカーを有し、かつ総カウント数が 20 以上でなければならない (Preece ら、2019 年)。また、放流及び収穫の対象となる体長のレンジから外れている魚も全て除外される。2 歳魚の体長レンジは尾叉長 75 – 85 cm で、3 歳魚は尾叉長 98 – 109 cm である。これらの体長レンジは定期的にレビューされる (Preece ら、2019 年; クリアら、2019 年)。

最初の組織サンプルの収集 (「標識装着」) から資源量推定値の計算までのプロセスには約 2 年を要する。

標識装着時のコホートの資源量推定値は以下により求められる。

$$(1) \quad N = T * S / R$$

ここで、 T は標識装着されたコホートの魚の個体数、 R は収穫時サンプリングにおいて「再捕」された標識装着魚の個体数すなわち「一致」した件数、及び S は収穫時サンプリング数である。方程式 (1) は、ピーターセン (又はリンカーン・ピーターセン) 資源量推定法と呼ばれることが多い (Seber ら、

1982年)。再捕がポアソン過程を示すと仮定すると、資源量推定値の変動係数 (CV) は以下により近似することができる。

$$(2) \quad CV = \sqrt{N/(T*S)} \\ = \sqrt{1/R}$$

ケープタウン方式に使用されるのは、各年の資源量推定値及び一致件数のみである (表 1、影付きとなっていない列)。これらのデータは、CCSBT データ交換の一環として毎年提出される。表 1 のデータは、2020 年の MP の運用において使用可能な 3 年間 (2016-2018 年) の遺伝子標識放流の結果である。

表 1 : 標識装着年の 2 歳魚の絶対的資源量推定値を提供する 2016 - 2018 年の遺伝子標識放流計画の結果。影付きとなっていない列は、ケープタウン方式で使用されるデータであることを示す。

YEAR	COHORT AGE	N RELEASES	N HARVEST	N MATCHES	ABUNDANCE ESTIMATE (MILLIONS)	CV
2016	2	2952	15389	20	2.27	0.224
2017	2	6480	11932	67	1.15	0.122
2018	2	6295	11980	66	1.14	0.123

参考文献

- Basson, M., Hobday, A.J., Eveson, J.P., Patterson, T.A. (2012) Spatial Interactions among Juvenile Southern Bluefin Tuna at the Global Scale: A Large Scale Archival Tag Experiment. FRDC Report 2003/002.
- Bradford RW, Hill P, Davies C, and Grewe P. 2015. A new tool in the toolbox for large-scale, high throughput fisheries mark-recapture studies using genetic identification. Marine and Freshwater Research <http://dx.doi.org/10.1071/MF14423>
- Bradford RW, Hobday AJ, Evans K, and Lansdell M. (2009). CMAR code of practice for tagging marine animals. CSIRO Marine and Atmospheric Research Paper 028. CSIRO, Hobart Report 2003/002.
- Clear N, Eveson P, Krusic-Golub K. (2019). Update on SBT direct ageing using vertebrae, providing information on length classes targeted for gene tagging. CCSBT-ESC/1909/11, Twenty Fourth Meeting of the Scientific Committee, Cape Town, South Africa, 2-7 September 2019.
- Polacheck, T., Eveson, J.P., Laslett, G.M. (2006) Estimation of mortality rates from tagging data for pelagic fisheries: analysis and experimental design. Final Report for FRDC Project No. 2002/015. Available at: http://frdc.com.au/research/Documents/Final_reports/2002-015-DLD.pdf

- Preece A, Eveson JP, Davies C, Grewe P, Hillary R and Bravington M. (2015).
Report on gene-tagging design study. CCSBT-ESC/1509/18.
- Preece AL, Eveson JP, Bradford RW, Grewe PM, Aulich J, Clear NP, Lansdell M,
Cooper S, Hartog J. (2019) Report on the gene-tagging juvenile abundance
monitoring program: 2016-2019. CSIRO, Australia. CCSBT-ESC/1909/10.
- Seber, G.A.F. (1982) The Estimation of Animal Abundance and Related Parameters,
2nd ed. Charles Griffin, London.