

CCSBT 管理方式の仕様書

5. MP で使用される近縁遺伝子標識再捕データの仕様

近縁遺伝子標識再捕法（CKMR）では、成魚資源量を推定するとともに成魚資源に関する人工統計学的推定を行うため、多数の魚のサンプルの中から近親の魚（親子ペア（POP）又は半きょうだいペア（HSP））を特定するために近代的な遺伝的手法を用いる（Bravington ら、2016 年）。SBT に関する CKMR 計画の一環として、2006 年以降の毎年、インドネシア産卵海域の成魚及びオーストラリア大湾の若齢魚（3 歳魚）から遺伝子サンプルが収集されてきた（Davies ら、2018 年）。これらの近縁ペアを確認するための多数の比較作業によって更新された各年の POP 数及び HSP 数が CCSBT データ交換を通じて提供されている。ケーブタウン方式では、これらのデータセットは繁殖成魚の資源量指数を提供するための個体群動態モデルで使用され、その上で TAC の変更使用されることとなる（ヒラリーら、2019 年）。

インドネシアでは、ベノア漁港において、各産卵期のはえ縄漁獲物を処理する際に全サイズの SBT 成魚から組織サンプルが収集されている。オーストラリアでは、毎年 6-7 月の収穫時にポートリンカーンのまぐろ処理施設において SBT 若齢魚から組織サンプルが収集されている。ここでは、3 歳魚からのサンプル収集が確保されるよう、尾叉長 98-109 cm のレンジにある魚からサンプルが収集される。いずれのサンプリング地でも、サンプル収集は収穫シーズン全体を通して可能な限り均等になるように実施されている。

遺伝子型判定に向けて、選択された組織サンプルから DNA が抽出される。

「DArTcap」と呼ばれる遺伝子型判定シーケンスを行うため、抽出した DNA の保存プレートはキャンベラに所在する Diversity Arrays Technology (DArT) に送付され、シーケンシング完了後のデータはホバートの CSIRO に提出される。これらのデータは、DArTcap シーケンシングデータ向けに CSIRO が特別に開発した非常に高度なアルゴリズムによる、データセット中の各魚及び遺伝子座の遺伝子型コーリング（すなわち対立遺伝子のペアの存在を推定すること）に使用される。また、各遺伝子座（近縁関係の確認に使用される最大 1,500 までの遺伝子座）ごとに遺伝子型判定のエラー率が推定される。これは HSP の特定において重要となる。遺伝子型コーリングの信頼性が低かった魚を除外した最終的な近縁関係確認データセットを提供するため、遺伝子型判定データに対して一連のクオリティコントロール（QC）処理が適用される。QC 処理はプログラムの過程で進化してきた（また引き続き進化していく可能性がある）ため、近縁関係確認に使用される抽出サンプルサイズは変化する可能性があることに留意されたい。表 1 に 2020 年の解析で使用されたサンプルサイズを示した。

POP は、Weighted-PSeudo-EXclusion (WPSEX) statistic と呼ばれる modified Mendelian-exclusion statistic 手法を用いて、遺伝子型判定が行われた魚から全

ての成魚－若齢魚ペアを特定する（Bravington ら、2017 年の別添 B を参照）。2020 年の解析で得られた POP 数について、若齢魚の生年及び成魚の捕獲年による内訳を表 2 に示した（この表には、遺伝子型判定法を 2015 年に DArTcap シーケンシングに変更する前の、マイクロサテライトを用いて確認された POP が含まれていることに留意されたい）。

HSP は、pseudo-log-odds-ratio (PLOD) statistic を用いて、遺伝子型判定が行われた魚から全ての若齢魚ペアを特定する。PLOD 統計は、HSP である場合と HSP ではない場合とを比較し、観察された遺伝子型を有する魚のペアの相対確率を測定するものである（Bravington ら、2017 年の別添 C を参照）。POP を特定する WPSEX 統計とは異なり、PLOD 統計は HSP と無関係／関係性が低い魚との間に明確な区別を示さない（Farley ら、2019 年の図 3 及び 4 を参照）。このため、HSP の偽陽性数を最小化しつつも推定値が十分正確となるのに十分な数を維持できるような PLOD のより低いカットオフ値を決定するべく、HSP と無関係／関係性の低いペアに関する PLOD 分布の理論的平均及び近似分散が用いられる。偽陽性が少なくなるよう確保したことの当然の帰結として、一定数の偽陽性が存在することとなる。偽陽性率は HSP に関する想定 PLOD 分布を用いて推定され、そしてこれはモデリングの中で許容されている（Bravington ら、2017 年）。HSP の PLOD 値とより関連の強い魚（すなわち全きょうだいペア）の PLOD 値との間の区別は明確であることに留意されたい。2020 年の解析で確認された信頼性の高い HSP 数について、きょうだいの生年による内訳を表 3 に示した。

表 1：クオリティコントロールチェックを経た、2020 年の近縁関係確認解析に利用可能な魚のサンプル数。成魚に関しては、記載年に終了した漁期（すなわち、2005/06 年漁期に収集されたサンプルは 2006 年と表記）においてインドネシアで収集されたサンプル数を示す。

Year	Adults	Juveniles
2006	0	1317
2007	0	1325
2008	0	1356
2009	0	1347
2010	972	1315
2011	958	963
2012	536	876
2013	959	903
2014	922	899
2015	0	953
2016	951	854
2017	971	948
2018	700	777
Total	6969	13,833

表 2：2020 年の解析で特定された POP 数（マイクロサテライトを用いて特定した POP 数を含む。Bravington ら、2016 年を参照）の若齢魚生年（行）及び成魚漁獲年（列）別内訳。

注）更新されたデータセット全体のクオリティコントロール及び再解析を行っているため、特定された POP の正確な件数及び実施された比較の総数は各年の解析間で異なる場合がある。

	2006	2007	2008	2009	2010	2011	2012	2013	2014	2016	2017	2018
2002	0	0	0	0	0	NA						
2003	0	5	1	2	0	0	0	1	0	1	0	0
2004	0	2	0	0	3	0	0	0	0	0	0	0
2005	1	4	5	4	1	0	0	1	2	0	0	0
2006	NA	4	3	2	0	0	0	0	0	0	0	0
2007	NA	NA	3	4	1	3	2	0	2	0	1	0
2008	NA	NA	NA	NA	0	1	1	1	0	0	0	2
2009	NA	NA	NA	NA	0	1	1	1	0	0	0	0
2010	NA	NA	NA	NA	0	0	1	4	0	2	0	0
2011	NA	NA	NA	NA	0	0	1	2	1	2	0	0
2012	NA	NA	NA	NA	0	0	0	1	1	0	0	1
2013	NA	NA	NA	NA	0	0	0	0	0	1	1	3
2014	NA	NA	NA	NA	0	0	0	0	0	0	1	0
2015	NA	NA	NA	NA	0	0	0	0	0	1	0	0

表 3：2020 年の解析で特定された HSP 数の若齢きょうだい（行）及び高齢きょうだい（列）による内訳。

注）更新されたデータセット全体のクオリティコントロール及び再解析を行っているため、特定された POP の正確な件数及び実施された比較の総数は各年の解析間で異なる場合がある。

	2003	2004	2005	2006	2007	2008	2009	2010	2011	2012	2013	2014	2015
2003	2	4	2	1	0	0	1	0	0	2	0	2	1
2004		6	3	6	2	2	1	0	0	2	0	0	0
2005			5	3	3	3	0	5	1	1	0	2	0
2006				8	4	1	3	5	3	0	1	1	1
2007					3	3	2	2	2	2	2	1	2
2008						5	1	1	2	3	0	1	0
2009							1	2	1	0	0	0	0
2010								2	1	2	1	0	1
2011									3	2	1	0	3
2012										3	2	1	1
2013											2	4	1
2014												2	2
2015													4

参考文献

- Bravington M, Eveson P, Grewe P, Davies C. 2015. SBT Close-Kin Mark-Recapture: options for the medium term. CCSBT-ESC/1509/19.
- Bravington MV, Grewe PM, Davies CR. 2016. Absolute abundance of southern bluefin tuna estimated by close-kin mark-recapture. Nature Communications 7:13162.
<https://doi.org:10.1038/ncomms13162>
- Bravington MV, Eveson JP, Grewe PM, Davies CR. 2017. SBT close-kin mark-recapture with parent-offspring and half-sibling pairs: update on genotyping, kin-finding and model development. CCSBT-ESC/1709/12.
- Davies CR, Bravington MV, Grewe PD, Eveson JP, Lansdell M, Hill P, Aulich J. 2018. Close-kin project report. CCSBT-ESC/1809/14.
- Farley J, Eveson P, Bravington M, Grewe P. 2019. Update on the SBT close-kin tissue sampling, processing and kin finding. CCSBT-ESC/1909/08.
- Hillary R, Preece A, Davies C. 2019. Performance of a revised candidate MP using all 3 data sources. CCSBT-ESC/1909/16.