

プレスリリース

令和4年2月1日

国立研究開発法人水産研究・教育機構
愛媛県農林水産研究所水産研究センター

アコヤガイの大量死の原因病原体を特定

- ・ 2019年から3年連続で発生しているアコヤガイの大量死の原因となる新種のウイルスを特定しました。
- ・ PCRによる本ウイルスの検出法を確立しました。
- ・ 今後、防疫体制の確立に貢献することが期待されます。

2019年以降、初夏から秋にかけて国内の主な真珠生産海域において真珠養殖に用いるアコヤガイ稚貝の大量死が発生しています。真珠養殖には孵化から約2年間育てたアコヤガイを用いるため、今後、母貝の不足により真珠の大幅な減産が予想されます。真珠養殖産業は危機的な状況にあり、対策を講じるために大量死の原因究明が求められています。

この大量死について、水産研究・教育機構は2020年に感染症の可能性を示唆し、複合的な要因でのへい死も考えられると報告していました。2021年には、大量死が未知のウイルスによって引き起こされることを実験的に突き止め、引き続き愛媛県農林水産研究所水産研究センターとともに病原ウイルスの特定を進めてきました。今回、アコヤガイの大量死を引き起こす未知のウイルスがビルナウイルス科の新種であることを特定するとともに、本ウイルスのPCRによる検出法を確立しました。この研究成果は、飼育管理方法の改良や耐病性育種等の対策を講ずるにあたって重要な基礎情報となります。

当機構は、関係機関と連携し、この研究成果を踏まえた健康な貝の検査方法や効果的な防除技術の開発等を速やかに進めてまいります。

本研究の詳細は3月5・6日に開催される令和4年度日本魚病学会春季大会で発表する予定です。

本件照会先：

国立研究開発法人水産研究・教育機構	水産技術研究所
養殖部門 病理部 免疫グループ長	松山 知正 TEL:0599-66-1830 (南勢庁舎代表)
病理部長	釜石 隆 TEL:0599-66-1830 (南勢庁舎代表)
愛媛県農林水産研究所	
水産研究センター センター長	桧垣 俊司 TEL: 0895-29-0236 (代表)

参考資料

【背景】

2019年の夏季以降、真珠母貝養殖現場では高水温期にアコヤガイの大量へい死が発生しています。その発生状況から感染症の関与も視野に入れ、大量死の原因を調査してきました。これまでの取り組みにおいて、感染症が関与している可能性を感染試験で示すと共に、その病原体がウイルスである可能性を見出してきました。そのウイルスの特徴についても追究し、ウイルス粒子は被膜（エンベロップ）^{注1}に包まれていないタイプであり、サイズが0.1 μ m以下であることも突き止めました。

さらに、病原体の種類やゲノム情報まで明らかにできれば、迅速な検査法を開発でき、防疫体制の構築に向けた大きな一歩となります。そこで以上の成果を基に原因ウイルスの特定に取り組んできました。

【成果の内容】

次世代シーケンサー^{注2}を用いて感染試験の稚貝に発現する遺伝子を詳細に解析しました。なお、感染した稚貝には軟体部の萎縮が見られ、感染試験では数日以内にこの症状が観察されました（図1）。症状が見られた稚貝の殆どは、その後死亡しました。

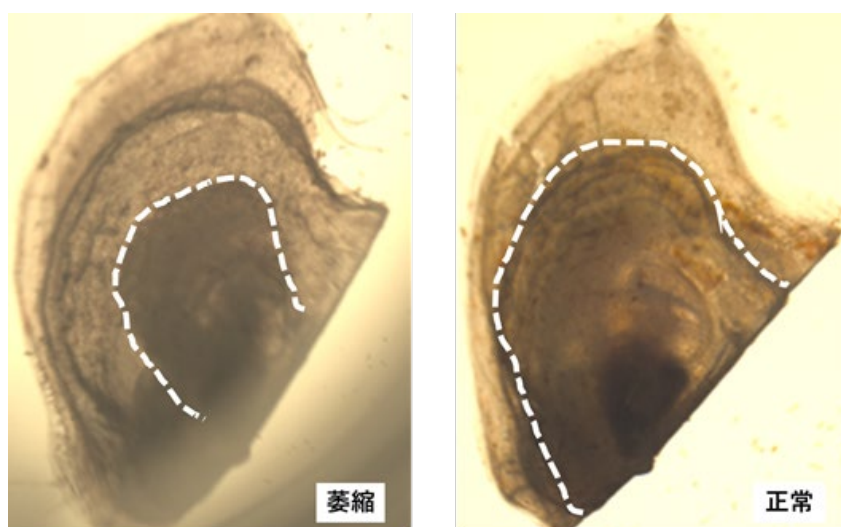


図1. ウイルス感染によって軟体部が萎縮した稚貝と正常稚貝。
軟体部外縁を点線で示す。

遺伝子解析において、感染した稚貝と健康な稚貝を比較したところ、感染した稚貝にだけ発現する遺伝子を見つけました。この遺伝子の配列を調べた結果、ビルナウイルス科^{注3}に分類される新種のウイルスの遺伝子であることが分かりました。これまでの研究で突き止めた病原体の特徴は、ビルナウイルス科に属するウイルスの特徴と一致します。

さらに、特定したウイルスのゲノム情報を解読し、本ウイルスを迅速に検出するPCR検査法を開発しました。この検査法で養殖現場のアコヤガイを調査したところ、大量死が発生し

ている海域のアコヤガイからは本ウイルスの遺伝子が検出されるのに対し、未発生海域のアコヤガイから検出されることはありませんでした。また、大きく成長したアコヤガイに対して今回特定したウイルスの感染試験を行うと、本病の特徴の一つである真珠層への褐色物の沈着が再現されました。

以上より、ビルナウイルス科の新種ウイルスが、2019年から続くアコヤガイ大量死の原因となる病原体であると特定されました。

【成果の活用】

大量死の病原体を検出する PCR 法が確立され、貝や海水に病原体が含まれていないかを確認することができるようになりました。

この技術は以下の防除対策に活用できます。

・感染状況の把握

定期的に養殖場から貝や海水を採取し、PCR 検査を行うことで、当該養殖場での病原体の存在状況を把握することが可能になります。これにより、病気が発生した水域の貝は他の水域には移動させないなどの対応を取ることで、病原体の拡散を防ぐことが期待できます。

・病原体のいない海域の利用

海水の PCR 検査で病原体のいない海域を特定することが可能になります。その海域に PCR 検査で非感染の貝を選んで移動させれば病気の発生を防ぐことが期待できます。

・病原体の性状解析

病原体が特定され検出方法が確立したことで、病原体の性状を調査することが可能になりました。例えば、病原体が増殖する時期や環境条件などを明らかにできれば、そのような条件を回避することで病原体の増殖を抑制することができます。また、貝の飼育に必要な器具の消毒方法なども明らかになれば、被害を低減することができます。

さらなる効果的な防除策構築のため、本法を利用して今後も研究を継続していく予定です。

【用語説明】

(注1) エンベロープ：ウイルス粒子を包む脂質二重膜。エンベロープの有無でウイルスの性質は大きく異なり、分類の基準となる。

(注2) 次世代シーケンサー(NGS)：数万から数十億のDNA分子の塩基配列を同時に決定可能な装置。NGSはNext-generation sequencingの略

(注3) ビルナウイルス：線状の2本鎖RNA2分子をゲノムとし、直径約60nmの正20面体構造を持ち、エンベロープを持たないRNAウイルスの1科。これまでに鳥類、魚類、昆虫類および軟体動物類に感染例がある。