

マダラの集団構造解析から資源の「切れ目」を探る [621.8KB]

メタデータ	言語: Japanese
	出版者: 水産研究・教育機構
	公開日: 2024-06-03
	キーワード (Ja):
	キーワード (En):
	作成者: 佐久間, 啓
	メールアドレス:
	所属:
URL	https://fra.repo.nii.ac.jp/records/2006513

This work is licensed under a Creative Commons
Attribution 4.0 International License.



マダラの集団構造解析から 資源の「切れ目」を探る

佐久間啓（資源管理部・資源生態グループ）



日本海におけるマダラ資源の区分を、集団遺伝解析と分布調査に基づき検討しました

【はじめに】

水産資源の状態を調べる際、対象とする生物のまとまりを「系群」と呼ぶ。資源の実態に即した系群を設定することにより、資源の状態をより高い精度で評価することができるとされる。我が国の資源評価では、多くの系群が海域に従って区分されているが（例えば日本海系群、太平洋系群等）、これは海域をまたいだ生物の移動が限られると考えられるためである。一方、資源の状態による分布・回遊の変化や分類に関する新たな知見により、評価精度向上のため、より適切な系群の再設定が求められる場合もある。このような場合、分布や個体の移動に関する情報を元に資源の「切れ目」を探索し、系群を分ける必要が生じる。

マダラは北太平洋に広く分布する底魚である。日本海のマダラは冬期を中心に沿岸で漁獲され、青森県から石川県を対象に資源評価が行われてきた（日本海系群）。一方、マダラは福井県より西の海域にも分布することが知られる（日本海西部）。近年、富山湾（日本海系群）と鳥取県境港沖（日本海西部）のマダラが遺伝的に異なることが指摘され（Suda *et al.* 2017）、日本

海に性質の異なる複数のマダラ集団が存在することが明らかになった。そこで、これらの地点に挟まれた山陰沖、若狭湾、能登半島周辺を含めた日本海のマダラ全体について、系群を再設定することを目的に、分布調査および集団遺伝解析を行った（図1）。

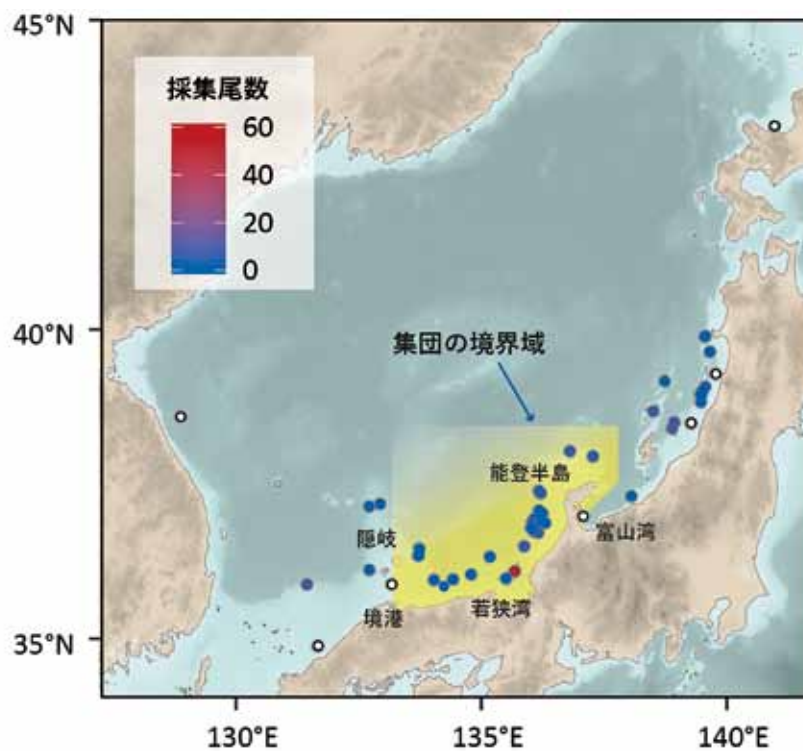


図1. 集団遺伝解析に用いたサンプルの採集地点

点の色は採集尾数を示す。黄色で示した海域が、遺伝的集団の境界が存在すると考えられる海域。先行研究で塩基配列が得られている地点を白丸で示した。

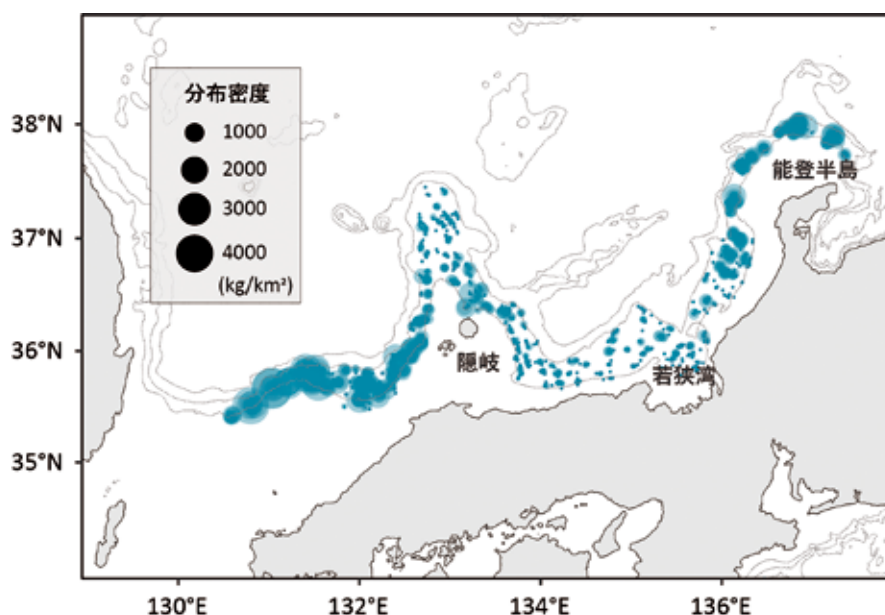


図2. 日本海西部におけるトロール調査の結果 丸の大きさは調査地点における分布密度に比例する。

【分布調査】

対象生物の分布状況に関する知見は、資源の実態を捉える上で不可欠である。そこで、日本海西部の島根県から石川県の沖合における着底トロール調査（ズワイガニ等底魚資源調査、資源評価調査事業、但州丸、兵庫県立香住高校）の結果を用い、マダラの分布密度が海域によって異なるかを検討した。2003年から2018年にかけて日本海西部のべ2,189地点での調査結果から、地点ごとのマダラの分布密度を調べたところ、面積あたりのマダラ採集重量は隠岐以西および能登半島西岸以北の海域で大きく、若狭湾付近では小さいことが明らかになった（図2）。この結果は日本海に2つの独立な集団が存在するという Suda *et al.* (2017) の指摘と整合する。

【ミトコンドリア DNA による遺伝解析】

生物集団間の境界を探索するには、高密度のサンプリングに基づく集団遺伝解析が有効と考えられる。そこで、2017年の5月から8月にかけて、着底トロール（石川県以西、但州丸）および大型桁網（新潟県以北、みずほ丸、日本海区水産研究所）を用いた調査を行うとともに、福井県、新潟県および石川県の漁業者の協力により、本州日本海沿岸の44定点においてマダラ184個体を採集した

（図1）。これらの標本からDNAを抽出、ミトコンドリアDNAの部分配列をPCRにより増幅したのち、1,015塩基対の塩基配列を決定した。また、データベースから得た7地点125個体分（図1、白丸に対応）の塩基配列を加え、計51点309配列のデータセットを作成した。

日本海における集団構造を視覚的に示すため、ベイズ統計に基づく遺伝解析を行った。遺伝子型



図3. 集団遺伝解析の結果

各サンプルの帰属を緑およびオレンジ色で、分布予測範囲を多角形（サンプリング地点に基づくボロノイ図）で、それぞれ示した。

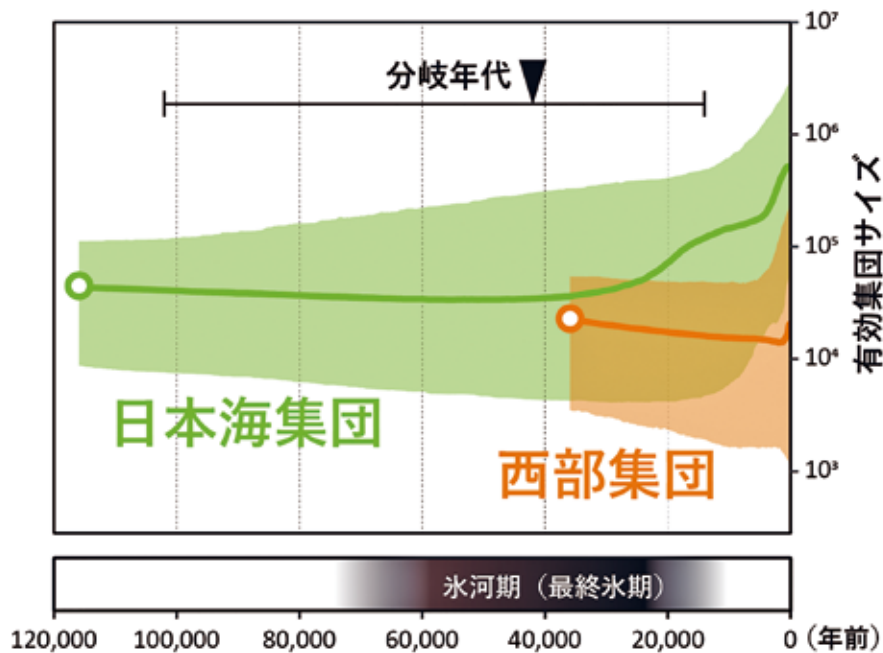


図4. 有効集団サイズの復元結果

日本海集団および西部集団の有効集団サイズについて、中央値を折れ線で、95% ベイズ信頼区間をリボンプロットで示した。また、集団の分岐年代および95% 信頼区間を三角と線分で示した。

の頻度に基づき、サンプリング地点のグループを統計的に探索する「BAPS」という解析を行ったところ、日本海に2つの遺伝的集団が存在することが改めて確認された(図3)。また、日本海に広く見られる日本海集団と日本海西部のみに出現する西部集団が隠岐周辺を境に分布することが、分析の結果示された。また統計的解析から、2集団間に有意な遺伝的差異が認められることが確認された($p < 0.01$)。そこで、これらの集団が形成された過程を明らかにすべく、過去の集団動態をシミュレーションにより復元したところ、日本海集団は過去に大きく拡大したのに対し、西部集団では小さなサイズで維持されてきたことが示された(図4)。氷河期には水温の低下に伴い海洋の生産性が低下したことが指摘されており、日本海では更に貧酸素化によってマダラを含む海洋生物の集団サイズは縮小したと考えられている。多くの生物において、氷河期の終了(約1万年前)に伴って有効集団サイズの拡大が示されており、マダラの日本海集団も同様に増加したと考えられる。一方、西部集団は高水温や餌料環境等、何らかの理由で個体数増加に歯止めがかかったものと考えられる。また、日本海集団が氷河期後に集団

を拡大させたと仮定した場合、日本海集団と西部集団の分岐は約4万年前と推定された。従って、今回明らかになった集団構造が、ここ数十年間に形成された一過性のものであるという可能性は、極めて低いと考えられる。

【おわりに】

本研究の結果、日本海のマダラについて、系群設定の根拠となる資源の「切れ目」が明らかになった。分布調査から若狭湾付近で、集団遺伝解析から隠岐周辺から若狭湾にかけての海域で、それぞれ集団を区分できることが示された。これらの情報を踏まえ、両者が合致する若狭湾西側の山陰沖を系群の境界として提案することが妥当と考えられた。一方、今回の解析では、集団間の個体移動の頻度や、過去数十年間の個体群動態といった、直近の集団変動は明らかにできなかった。また、マダラには古くから沖合遊泳性の「沖だら」、定着性の強い「根だら」という、生活様式の異なる小集団(エコタイプ)に分けられるとの指摘があり、このような種内の多様性に関しても検討する必要がある。昨今、次世代シーケンサーを用いた大規模遺伝解析により、様々な魚種で、産卵場

単位の個体群構造が明らかにされつつある。今後、生態研究をさらに推し進めることで、マダラの資源構造の包括的な理解につなげたいと考えている。

なお、本報告は Sakuma *et al.* (投稿中) の内容を要約したものである。

【引用文献】

Suda A., Nagata N., Sato A., Narimatsu Y., Nadiatul H.H., Kawata M., 2017: Genetic variation and local differences in Pacific cod *Gadus macrocephalus* around Japan. J Fish Biol., 90, 61-79.

Sakuma K., Yoshikawa A., Goto T., Fujiwara K., Ueda Y: Delineating management units for Pacific cod (*Gadus macrocephalus*) in the Sea of Japan., Estuar Coast Shelf Sci., Submitted.