

イワナの遺伝的集団構造を調べる

メタデータ	言語: Japanese 出版者: 水産総合研究センター 公開日: 2024-06-04 キーワード (Ja): キーワード (En): 作成者: 山本, 祥一郎 メールアドレス: 所属:
URL	https://fra.repo.nii.ac.jp/records/2006642

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





イワナの遺伝的集団構造を調べる



【研究課題名】
溪流資源増大技術開発事業（水産庁）
【実施年度】平成20～24年度

内水面研究部
資源生態研究室
山本祥一郎

目 的

イワナは溪流釣りの対象として人気が高く、山間部の温泉旅館などでは食材として利用されることもあります。しかし近年では、河川環境の悪化のために各地で個体数が減少し、絶滅にいたった集団も少なくありません。本州の多くの河川では、資源を維持するために養殖魚の放流がおこなわれていますが、イワナの遺伝的特性を考慮に入れない移殖放流は、本来自然集団がもつ遺伝的固有性や多様性を失わせる恐れがあります。自然集団を保全・管理する観点からは、現存する自然集団の遺伝的特性を科学的な調査に基づき識別していく必要があります。そこで本研究では、北海道と本州の放流履歴のないイワナ集団を対象に遺伝子の解析をおこないました。

結果と解析

図1は、全国のイワナ集団から得られたミトコンドリアDNAのタイプ（ハプロタイプ）

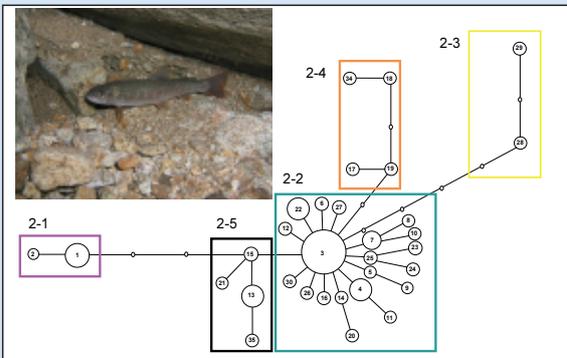


図1 イワナmtDNAハプロタイプ32種類のネットワーク分析. 数字はハプロタイプの番号を示し、数字の付いていない丸印はこれまでに見つかっていないハプロタイプを示す. 写真は、遺伝的固有性の高いことが知られている木曽川産のヤマトイワナ(森田健太郎氏撮影)

を塩基置換の数をもとに連結したDNAのネットワーク図です。これまでのところ、日本のイワナから32種類のミトコンドリアDNAタイプが確認されています（今後、さまざまな河川でイワナの調査が進むことによって、より多くのDNAタイプの存在が明らかになると思われます）。解析の結果、イワナの遺伝的構造は、「広域に出現するDNAタイプ」と「局所的に分布するDNAタイプ」が混在する複雑なパターンをもつことがわかってきました（図2）。また、琵琶湖水系や木曽川水系など、河川や地域に固有のDNAタイプがいくつか確認されました。

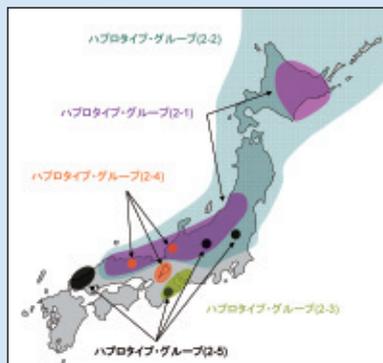


図2 各ミトコンドリアDNAグループの地理的分布

波及効果

天然魚は、その河川の生き証人であり、生物の進化を紐解く鍵を提供してくれるとともに、今後私たちが新しい種苗を作っていく際の遺伝資源としても貴重な存在といえます。今後は、溪流魚の遺伝的特性を守りながら、資源を適切に維持・管理する技術開発をおこなう必要があります。

参考文献 1. Yamamoto S., Morita K., Kitano S., Watanabe K., Koizumi I., Maekawa K., Takamura K. (2004). Phylogeography of white-spotted charr (*Salvelinus leucomaenis*) inferred from mitochondrial DNA sequences. *Zoological Science* 21: 229-240.
2. 山本祥一郎・中村智幸・久保田仁志・土居隆秀・北野聡・長谷川功 (2008). ミトコンドリアDNA分析に基づく関東地方産イワナの遺伝的集団構造. *日本水産学会誌* 74: 861-863.