

溪流魚の遺伝資源および包括的資源管理を考える

メタデータ	言語: Japanese 出版者: 水産総合研究センター 公開日: 2024-07-03 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/2009697

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



溪流魚の遺伝資源および包括的資源管理を考える

やまもとしょういちろう

山本 祥 一 郎 (中央水産研究所 内水面研究部)



はじめに

野生生物集団の遺伝的構造は、種や集団の持つ生態的特性やその集団が経験してきた歴史的背景を反映するため、各集団が独自の遺伝的構造をもつ場合があります。こうした集団では生物多様性創出の母体となることから、それぞれを「進化的に重要な単位」(Evolutionarily Significant Unit: ESU)として扱う必要性が指摘されています。とくに河川性魚類は、歴史的・地勢的要因により、局所個体群、複数集団からなるメタ個体群、種内の系統群など様々な階層構造をもつことが知られています。この階層構造の実態を明らかにし、その形成要因や存続メカニズムを科学的に把握することは、水産資源の保全や管理の上でも極めて重要であると考えます。

日本や北米・ヨーロッパをはじめとする世界各地の河川では、過去長期間にわたって大規模な産業魚種の種苗放流がおこなわれてきました。北米では、ふ化場由来魚の天然水域への移殖が、在来淡水魚類の遺伝的固有性を喪失させ、さらに交雑を通して野生生物集団の適応度にマイナスの影響を及ぼしている事例が報告されています(例えば、Araki et al. 2007)。この移殖がもたらす悪影響は日本各地の水系についても十分に予想され、非在来集団の混入が及ぼす遺伝的組成の変化およびその長期的影響を予見する観点からも、野生生物集団の遺伝的特性を科学的なデータに基づき識別し、急ぎ適切な「進化的に重要な単位」を設定する必要があります。一方、サケ科魚類を含む多くの淡水魚類では遺伝的集団構造の実態はほとんどわかっていないのが現状です。たとえば、任意交配集団の単位が水系内の支流レベルにあるのか、流域レベルなのか、あるいは地域集団間で遺伝的交流が存在するのか等の知見は、遺伝的集団単位を設定する上で極めて重要なのですが、評価の基礎となる研究データが絶対的に不足しています。

水産基本法に基づく水産基本計画では、「遺伝的多様性の保全に配慮した増殖手法の開発、環境・生態系に配慮した資源増殖の推進」が掲げられています。放流魚と天然魚が混在するサケ科魚類の資源管理においては、双方を効率良く利用する包括的資源管理の実践が求められており、この

ためには自然集団の遺伝的特性や天然魚と放流魚の生態的關係などを科学的な知見に基づき把握しておく必要があります。本稿では、水産総合研究センターがおこなっているプロジェクト研究の成果を中心に(交付金一般研究 サケ科魚類の放流魚と天然魚の包括的資源管理・増殖手法の開発)、全国のイワナ (*Salvelinus leucomaenis*) 集団を対象とした遺伝子解析の結果や天然魚と放流魚の競争關係を調べる野外操作実験の成果を紹介したいと思います。

イワナの DNA を調べる

イワナは、ロシアのカムチャッカ半島を北限に、本州紀伊半島の熊野川を南限として分布するサケ科魚類の一種です(図 1)。日本に生息するイワナには、形態や模様、分布域の異なるアメマス、ニッコウイワナ、ヤマトイワナ、ゴギの 4 亜種がいます。本州では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、天然魚が生息する河川環境は悪化の一途をたどっており、ダム等に代表される河川工作物の設置や漁業・遊漁による乱獲により各地で個体数が減少し、局所的絶滅に至った集団も少なくありません。また、極端に個体数が少なくなってしまう集団では近親交配がすすみ、奇形率が高まることが報告されています(Morita and Yamamoto 2000)。



図 1. 遺伝的固有性の高いことが知られている木曽川産イワナ(森田健太郎氏撮影)。

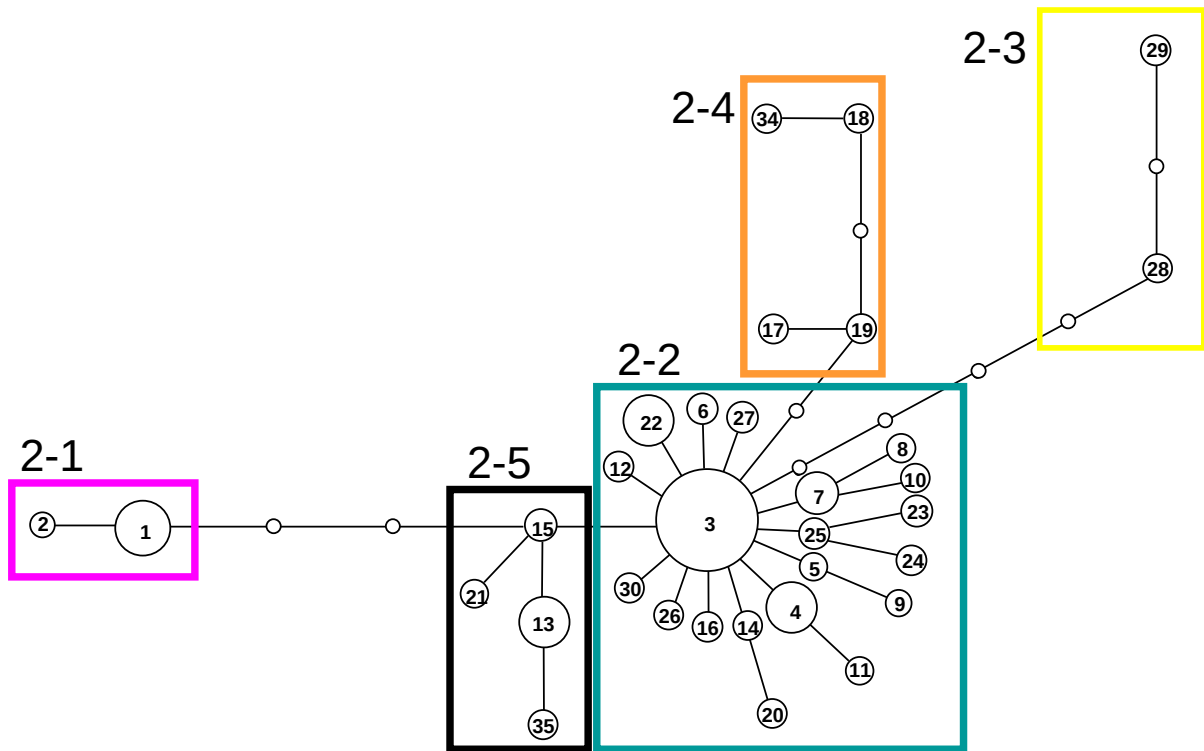


図 2. イワナ・ミトコンドリア DNA ハプロタイプ 32 種類のネットワーク図。白丸○はこれまでに見つかったハプロタイプを示す (Yamamoto et al. 2004; Kubota et al. 2007; Kikko et al. 2008; 山本ら 2008 を改変)。各ハプロタイプは、統計学的手法により 5 つのグループに分けられる。

ミトコンドリア DNA は、細胞内のミトコンドリアに含まれる DNA 分子のことをさし、変異性が高いため種内の遺伝的関係を調べる研究によく利用されています。図 2 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) 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 種類のハプロ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、より多くのハプロタイプの存在が明らかになると思われます)。見出されたハプロタイプのうち、最も出現頻度の高かったタイプは No.3 で、このタイプを含むグループ (2-2 グループ) はロシアから北海道、本州の中国地方までイワナの分布域をほぼ網羅する出現パターンを示していました (図 3)。同様に、ハプロタイプ No. 1 を含むグループ (2-1 グループ) もロシアから本州の中国地方まで広く分布するグループでした。一方、局所的な分布パターンを示すハプロタイプも見出されています。例えば、ハプロタイプ No. 28 や No. 29 を含むグループ (2-3 グループ) は、木曽川や熊野川といったイワナの分布最南限にあたる集団からのみ確認され、またハプロタイプ No. 17, 18, 19, 34 は琵琶湖の流入河川と琵琶湖周辺河川にのみ分布するハプロタイプであることがわかっています。その他、多くのイワナ集団が固有のハプロタイプをもつことが明らかになりつ

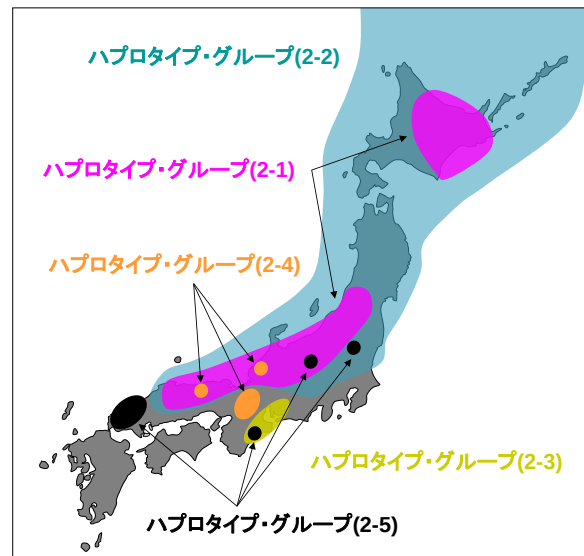


図 3. 各ミトコンドリア DNA グループの地理的分布。

つあります (図 3)。このように、イワナの遺伝的構造は「広域に出現するハプロタイプ」と「局所的に分布するハプロタイプ」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。この成り立ちには更新世の氷期—間氷期といった気象サイクルが密接に関連していると考えられています (Yamamoto et al. 2004)。

天然魚の遺伝的固有性は、その集団がそれぞれ

の環境で独自の進化を経て形成されたものです。また天然魚は、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。このような溪流魚がもつ遺伝的特性は、一度失われると再生がほぼ不可能であることに注意を払う必要があります。現時点で自然集団と考えられる集団への移殖は、原則として避けるべきでしょう。すでに移殖放流が行われている水域であっても、異なる水系由来の種苗放流はなるべく控え、可能な限り地元の系統を種苗放流用に使用することが望まれます。

天然魚と放流魚の生態的関係

山間部の河川や湖沼に生息する陸封性サケ科魚類は、遊漁や漁業資源として、さらには中山間地域の観光や自然教育素材としても重要な内水面魚種と位置づけられています。漁業や遊漁の対象となる区域では、資源の維持を目的とする種苗放流がおこなわれていますが、放流魚とそこに元々生息する天然魚との関係についてはこれまでほとんど明らかにされておらず、漁業関係者からは放流効果を検証する実証研究が求められていました。そこで、中央水産研究所内水面研究部では栃木県中禅寺湖水系をモデル水面として、イワナを対象に野外での生態操作実験をおこない、天然魚と放流魚の関係を調べる研究を実施しました (Yamamoto et al. 2008)。

中央水産研究所日光庁舎内を流れる小河川に 1 m×1 m×高さ 80 cm のエンクロージャー (囲い網) を 24 個設置し、その中にイワナの天然魚と養殖魚を混生させることで両者の競争関係を調べました (図 4)。エンクロージャー本体は、イワナ当歳魚が餌とする小型の水生昆虫が出入り可能な網目で作られており、実験に使用した魚は実験終了時までですべて良好な成長を示しました。実験デザインとして、3 つの実験区 (天然魚のみを投入する単独区、養殖魚の単独区、天然魚と養殖魚の混生区) を設け、体サイズや密度をコントロールした実験を 3 回おこない、それぞれの実験について実験開始から 30 日後の両者の成長速度を調べました (図 5)。結果の概略は次のとおりとなります。

①密度や魚のサイズを同じにしたところ、天然魚の成長率は単独区よりも混生区の方が有意に高かった (実験 1)。

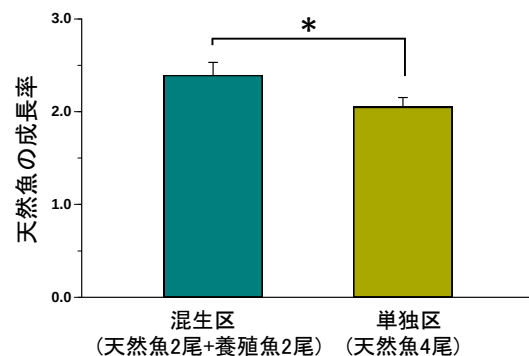
②しかし、混生させる養殖魚を天然魚より大型にすると、天然魚の成長率は単独区と混生区でほぼ同じとなった (実験 2)。

③混生区の密度を単独区の 2 倍に高めた実験では、密度の高い混生区で成長率が低下した (実験 3)。

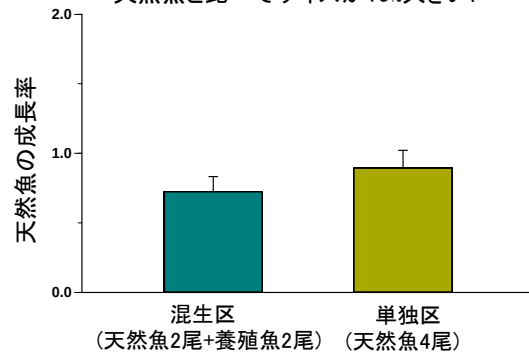


図 4. 天然魚と養殖魚との競争関係を調べる目的に用いたエンクロージャー。

(実験1) 実験区の密度と魚のサイズは同じ。



(実験2) 実験区の密度は同じ。ただし、養殖魚は天然魚と比べてサイズが10%大きい。



(実験3) 実験区の密度は、混生区が単独区の2倍。魚のサイズは同じ。

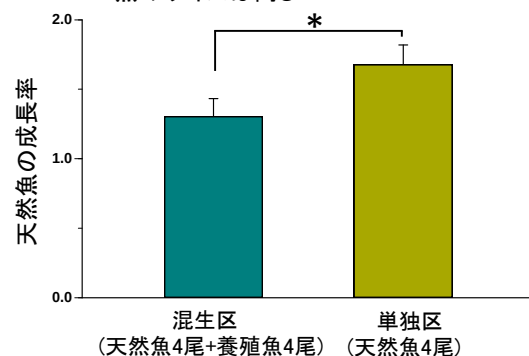


図 5. エンクロージャー実験の結果 (Yamamoto et al. 2008 を改変)。

以上の結果から、体の大きさが同じ場合、天然魚は養殖魚よりも競争関係において優位となるが、優劣関係は両者の相対的な体サイズ差によって変化すること、また過剰に放流が行われた場合、天然魚、養殖魚ともに成長率の低下をもたらすこと、などが示唆されました。したがって、養殖魚などの種苗放流は、環境の悪化や乱獲など資源量(生息密度)が低下したときに、そこに生息する天然魚と同じか、または小型の個体を用いると、天然魚への負の影響を軽減でき、かつ増殖効果を高められると考えられました。

おわりに

エンクロージャー内に魚の隠れ場所となる障害物(礫)を投入した別の実験では、隠れ場所の存在が個体間の競争を緩和させることが示されており(Hasegawa and Yamamoto 2009)、環境収容力を高める効果が期待されています。今後は、各河川の環境特性に応じた放流数の検討が重要になってくると考えられます。これからも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行っていきたいと考えています。

引用文献

- Araki, H., B. Cooper, and M. S. Blouin. 2007. Genetic effects of captive breeding cause a rapid, cumulative fitness decline in the wild. *Science*, 318: 100-103.
- Hasegawa, K., and S. Yamamoto. 2009. Effects of competitor density and physical habitat structure on the competitive intensity of territorial white-spotted charr (*Salvelinus leucomaenis*). *J. Fish Biol.*, 74: 213-219.
- Kikko, T., M. Kuwahara, K. Iguchi, S. Kurumi, S. Yamamoto, Y. Kai, and K. Nakayama. 2008. Mitochondrial DNA population structure of white-spotted charr (*Salvelinus leucomaenis*) in the Lake Biwa water system. *Zoolog. Sci.*, 25: 146-153.
- Kubota, H., T. Doi, S. Yamamoto, and S. Watanabe. 2007. Genetic identification of native populations of fluvial white-spotted charr *Salvelinus leucomaenis* in the upper Tone River drainage. *Fish. Sci.*, 73: 270-284.
- Morita, K., and S. Yamamoto. 2000. Occurrence of a deformed white-spotted charr *Salvelinus leucomaenis* (Pallas) population on the edge of its distribution. *Fish. Manage. Ecol.*, 7: 551-553.
- Yamamoto, S., K. Morita, S. Kitano, K. Watanabe, I. Koizumi, K. Maekawa, and K. Takamura. 2004. Phylogeography of white-spotted charr (*Salvelinus leucomaenis*) inferred from mitochondrial DNA sequences. *Zoolog. Sci.*, 21: 229-240.
- 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.
- Yamamoto, S., H. Nakamura, and K. Koga. 2008. Interaction between hatchery and wild juvenile white-spotted charr (*Salvelinus leucomaenis*) in a stream enclosure experiment. *J. Fish Biol.*, 73: 861-869.