

DNAでここまでわかる -北洋のサケの期限と分布を 推測-

メタデータ	言語: Japanese
	出版者:
	公開日: 2024-07-19
	キーワード (Ja):
	キーワード (En):
	作成者: 佐藤, 俊平
	メールアドレス:
	所属:
URL	https://fra.repo.nii.ac.jp/records/2010345

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



DNAでここまでわかる

－北洋のサケの起源と分布を推測－

佐藤 俊平（さけますセンター さけます研究部 遺伝資源研究室）

1. はじめに

サケは日本をはじめロシア・カナダ・アメリカにいたる環太平洋一帯に広く分布しています。サケはサケ属魚類（サケ・カラフトマス・サクラマス・ベニザケ・ギンザケ・マスノスケ・ニジマス）の中でカラフトマスと並び最も広い範囲に生息し、また最も進化した種であるとされています。川で生まれたサケの稚魚は海で数年間成長し、そして親になると産卵のため再び自分の生まれた川に帰ってきます。日本で生まれたサケは、はるか遠くベーリング海まで餌を求めて移動し、さらに冬を越すためアラスカ湾まで足を伸ばすと考えられています（図1）。サケ

はこのように非常に大規模な回遊をするわけですが、はたしてはじめからこうした大回遊を行っていたのでしょうか？むしろサケがその分布域を拡大していく過程でその大回遊能力を獲得していったと考えるのが自然ではないでしょうか。それを知るために、まず現在のサケ集団がどのような遺伝的な背景を持っているのかをミトコンドリアDNA（細胞小器官の一つであるミトコンドリアの中にある環状DNAのことで、母親だけから子に受け継がれる特性を生かして家系を追跡するための研究などに利用されている）を用いて調べてみました。

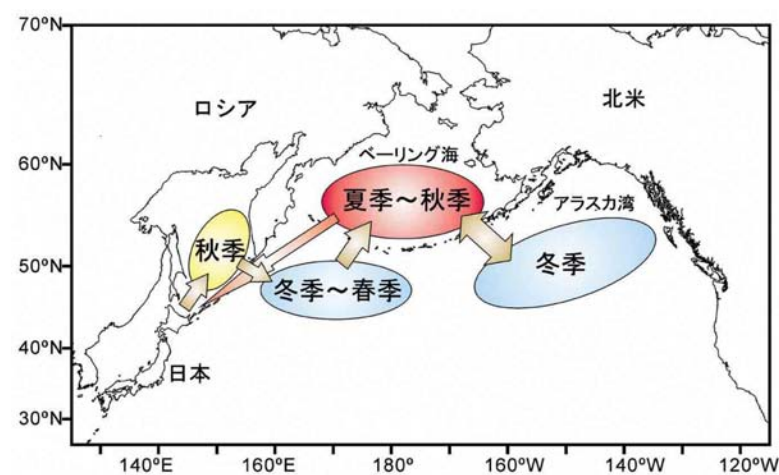


図1 現在考えられている日本系サケの回遊経路
浦和（2000）を元に作図。

2. ミトコンドリアDNAからサケの集団構造とその起源を探る

日本16集団・韓国1集団・ロシア10集団・北米21集団の合計48集団（図2の●印）から得られた2,000個体以上のサケについて、ミトコンドリアDNAの解析を行いました。その結果、サケは遺伝子で見ると30種類のタイプに分けられること、そしてそれらは大きく3つのタイプ（A・B・C）にまとまることがわかりました。次に、30種類の遺伝子のタイプが地域ごとにどのように分布しているのかを調べてみました。日本地域の集団ではA・B・Cすべてのタイプを含んでおり、Aのタイプが過半数を占めていました。ロシア地域の集団でもすべてのタイプを含んでいましたが、Bのタイプが80%を占めていました。一方、北米地域の集団ではBのタイプが99%以上を占め、わずかにCのタイプが見られたもののAのタイプは全く見られませんでした（図2）。

ある遺伝子のタイプを調べた場合、一般的に古くから存在する集団では見つかるタイプは多

くなり、新しい集団では少なくなります。それぞれの地域に分布している遺伝子タイプの数調べてみると、日本地域の集団で最も多く、次いでロシア地域の集団、そして北米地域の集団が最も少ないという結果になりました。また、各地域の集団がどの程度遺伝的に異なっているのかを知るために遺伝子タイプの多様度を調べてみても、日本地域の集団で最も大きく、北米地域の集団で最も小さいことが明らかとなりました。これらの結果から、日本地域の集団が最も古くから存在していると考えられました。

このようなサケ集団の遺伝的な違いは、サケが長い時間をかけて分布域を拡大していった結果と考えられます。ではサケはいったいどこを起源とし、どのようなプロセスにより現在の様な集団を形成したのでしょうか？この疑問を明らかにすべく、これまで得られたデータを元に、統計的手法を使ってサケ集団の形成過程の推定を試みました。その結果、どうやらサケは極東（古日本海もしくはその周辺地域）を起源とし、ロ

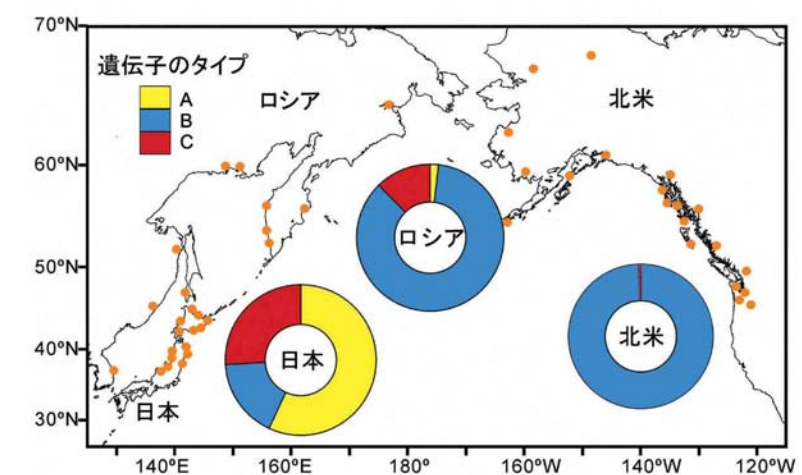


図2 日本・ロシア・北米地域におけるサケの遺伝子タイプの分布
地図上の●はサケの採集地点を示す。

シアをへて北米地域に分布域を広げていったと推定されました(図3)。この結果は図1に示した現在の日本系サケの回遊経路と大体一致しています。もしかしたら日本系サケは自らの分布域を徐々に広げていきながら、同時に現在に至るその回遊経路を確立していったのかもしれません。

3. 遺伝情報からサケの分布を確かめる

これまでは環太平洋サケ集団がどのような遺伝的な特徴を持ち、どこを起源としているのかを見てきました。では現在のサケ、特に日本系サケは広い北洋のどこを回遊しているのでしょうか？この情報は、日本系サケの資源管理等を行う上で大変重要になります。北洋では日本系サケはロシアや北米から出てきた他国系サケと一緒に生活しています。これは各国由来のサケが北洋（特にベーリング海）を主な餌場として

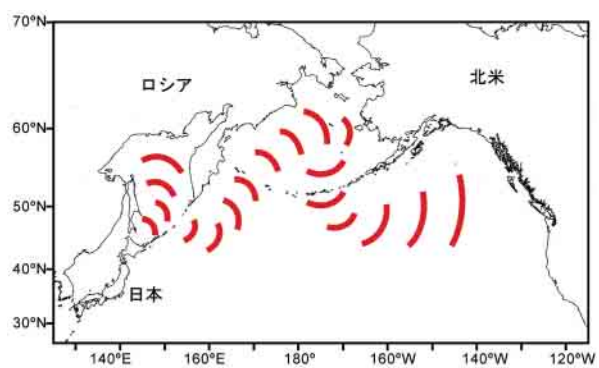


図3 推定されたサケの分布域拡大過程
環太平洋地域の西から東へ連続的な分布域の拡大が考えられた。

いるのかを推定する方法です。この方法には基準群と呼ばれるデータセットが必要なのですが、実は最初の研究で明らかにした環太平洋サケ48集団の遺伝的な特徴を基準群として利用することが可能なのです。それでは次に、このサケ48集団を基準群に用いて行ったサケ混合集団の遺伝的系群識別について紹介します。

4. 日本のサケは北洋の何処にいる？

夏のベーリング海は、サケが餌を求めて移動してくる場所であり、サケの資源量を考える上で重要な海域です。そのため、これまで多くの調査がこの海域で行われてきました。最近では2002-2003年の9月および2004年の6-7月に、水産庁調査船開洋丸によるさけ・ます資源の国際共同調査が実施されています(図4)。

この時得られたサンプルについて遺伝的系群識別を行ったところ、日本系サケは夏から秋のベーリング海に広く分布することがわかりました。特にベーリング海の中央部(180°ライン)の北側でその割合が高いことが明らかとなり、この傾向



図4 開洋丸による夏季ベーリング海沖合調査
さけ・ます類を漁獲するための表層トロール網を船尾より投入しているところ。

は調査期間の3年間を通じてほぼ同様でした(図5)。

一方、冬は夏に比べ水温が低下し餌環境も悪化することから、サケにとって死亡する確率が高くなる危険な時期です。2006年1-3月に実施された冬季さけ・ます調査航海で得られたサンプルを用いて遺伝的系群識別を行ったところ、北西太平洋(東経165°ライン)で得られたサンプルの95%は海洋年齢1歳(海に降って初めての冬を経験するサケ)のサケ幼魚であり、そのうち約17%が日本系サケでした(図6)。それに対しアラスカ湾(西経145°ライン)で得られたサンプルは、90%以上が海洋年齢2歳以上(2度目以降の冬を経験するサケ)のサケ未成魚であり、アラスカ湾の北側では北米系が、南側では日本系サケとロシア系を合わせたアジア系サケが多く分布していることが明らかとなりました(図6)。

5. おわりに

近年、日本系サケの資源量は高水準を保っていますが、年によっては変動することもあります。回帰資源量を安定させるためには、この変動要因を明らかにしなければなりません。そのため

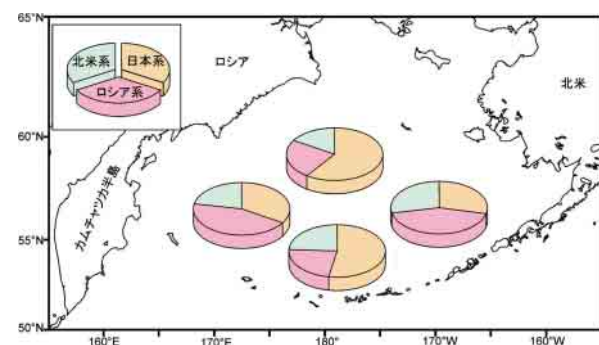


図5 海洋域におけるサケ混合集団の系群組成の例
2003年9月のベーリング海におけるデータ。日本系サケはベーリング海一帯に広く分布し、中でも中央部(180°ライン)の北側でその割合が高い。

には調査船調査を継続的にを行い、今回ご紹介したような日本系サケの分布域をはじめとする様々な科学的データを蓄積していくことが重要です。これにより得られるデータは、毎年行われる外国とのさけ・ます漁業交渉の場で、日本系サケ資源に対する我が国の権利を主張するための基礎的な資料にもなります。また、長期間にわたりデータを蓄積していくことで、様々な海洋環境の変動をいち早く察知し、日本系サケ資源が減少しないための対策を講ずることも可能になると考えられます。

ここでは、サケの細胞の中にあるDNAを利用して、北洋という大海原に生きるサケの起源と分布を調べた研究について、皆さんにその一端を垣間見ていただきました。サケは北日本の水産業にとって重要な魚種の一つであるとともに、日本で最も親しまれている魚です。そのサケは、ちょうど今がシーズンです。今年も多くのサケが北洋から日本へ戻ってきます。皆さんの食卓に秋サケが上るとき、彼らの歴史や彼らが生息する北洋に思いをはせながら、サケの味を楽しんでみるのはいかがでしょうか。

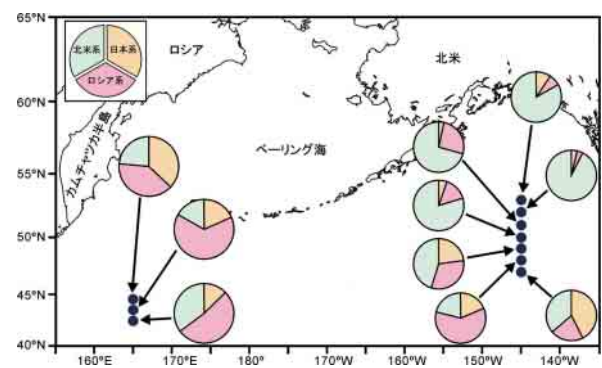


図6 2006年1-3月の北西太平洋(東経165°ライン)およびアラスカ湾(西経145°ライン)におけるサケ混合集団の系群組成(%)