

宮城県内のイワナ在来個体群

縄田 暁^{*1}・谷合 祐一^{*2}・熊谷 明^{*3}

Research of native populations of White spotted charr *Salverinus leucomaenis* in Miyagi prefecture.

Akatsuki NAWATA^{*1}, Yuichi TANIAI^{*2} and Akira KUMAGAI^{*3}

キーワード：イワナ, 在来個体群保全, mtDNA

イワナ *Salverinus leucomaenis* は、北海道および本州の溪流域に生息する冷水性サケ科魚類である。本種は同一種内でも変異が大きく、系統地理学および形態学的観点から、アメマス *Salverinus leucomaenis f. leucomaenis*、ニッコウイワナ *Salverinus leucomaenis f. pluvius*、ゴギ *Salverinus leucomaenis f. imbrius*、ヤマトイワナ *Salverinus leucomaenis f. japonicus* の4亜種に細分化される⁽¹⁾。さらに、Yamamoto *et al.* (2004) は、魚類において近縁な系統関係を調べるために汎用されるミトコンドリアDNAのCytochrome b遺伝子塩基配列を国内50箇所の個体群間で比較した結果、亜種内でも遺伝的変異が大きく、遺伝的に多様な在来個体群が多く存在すると報告している⁽²⁾。

近年、生物保全のため遺伝的多様性保持の重要性が広く認識されるようになった。イワナは内水面漁業や遊漁においても重要な魚種であり、イワナ資源を将来にわたり安定的に利用するためには、遺伝的に多様な個体群を多く残すことにより、種として環境変化に対し柔軟に対応できる状態を保つ必要がある。また、水産育種の観点からも、有用形質を持つ養殖系統を作出するための遺伝子資源として、遺伝的多様性の保全は重要である。

しかし、イワナは多くの内水面漁業協同組合で漁業権魚種として設定されており、増殖行為として積極的に放流が行われている。一般的に放流魚は養殖用人工種苗が使用されるため、放流河川とは無関係な河川に由来する

ことが多く、さらに養殖場において継代を重ねる過程で人為的に養殖に適した形質が選抜されるため、放流先の在来個体群と遺伝子組成の差異が大きい^(3,4)。このため、在来個体群と放流魚の交配が進むと在来個体群の持つ独自の遺伝子組成が失われ、種としての遺伝的多様性が失われる危険性がある。

そこで、本報では宮城県におけるイワナ在来個体群を保全するための基礎的知見の収集を目的として、県内の主な水系における在来個体群の生息状況および遺伝的集団構造について調査した。

材料と方法

1 聞き取り法

在来個体群が生息している水域を推測するために、大川水系、江合川水系、鳴瀬川水系、名取川水系および白石川水系において(図1)、過去に放流歴が無く、魚が遡上することが困難な滝や堰堤によって下流域から隔離されている水域(以下、未放流隔離河川)の有無について、各水系を管轄する漁業協同組合に対して聞き取り調査⁽⁵⁾を行った。また、非在来個体群の生息する水域を推測するために、大川水系、江合川水系、名取川水系、白石川水系で放流歴のある水域(以下、放流河川)の聞き取りを行った。

*1水産技術総合センター内水面水産試験場 *2農林水産部農林水産政策室 *3水産技術総合センター養殖生産部

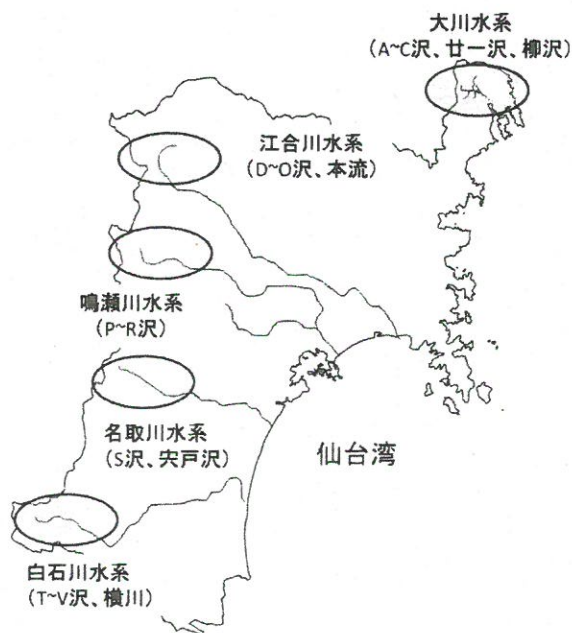


図1 調査点図

2 サンプリング

イワナの採捕は、釣りおよび電気ショッカー（フロンティアエレクトリック、Fish shocker III High power auto）を用いて、1調査点あたり9~26尾を採捕した。採捕魚は尾叉長を計測した後、脂鰭を採取し再放流した。採取した脂鰭は、99.5%エタノール1mlを加え、4℃で保存した。なお、同一の雌親魚由来の個体が重複してサンプリングされることを避けるために全長が10cm以下の個体は除外した。

3 遺伝子解析

サンプリングした脂鰭から、GenElute™ Mammalian Genomic DNA Miniprep Kit (SIGMA-ALDRICH社)を用いて、プロトコルに従いDNAを抽出した。得られたDNA溶液1μlを鋳型にして、Yamamoto *et al.*, (2004)の方法に従いPCRを行い⁽²⁾、ミトコンドリアDNAのCytochrome b 遺伝子の後半領域557bpを増幅した後、MacroGen Japan社にシーケンスを委託し、同領域の塩基配列を決定した。得られた塩基配列を基にCLASTAL W⁽⁶⁾を用いてマルチアライメントを行い、既往の報告に準じてハプロタイプを分類した^(2,4,8)。各ハプロタイプのハプロタイプ多様度 (h) およびヌクレオチド多様度 (π) は、コンピュータ

ープログラムARLEQUIN ver 3.11⁽⁷⁾を用いて計算した。再節約ネットワークの構築は、既往の報告^(2,4,8)を参考に統計的節約法に基づくコンピュータプログラム TCS 1.21⁽⁹⁾を用いて行った。

結果と考察

1 聞き取り法とサンプリング

平成18~21年の5月上旬から9月中旬にかけて、各漁業協同組合への聞き取りを行った結果、大川水系の3水域 (A~C沢)、江合川水系の12水域 (D~O沢)、鳴瀬川水系の3水域 (P~R沢)、名取川水系の1水域 (S沢上流)、白石川水系の3水域 (T~V沢)の合計22水域が未放流隔離河川であった (図1, 表1)。また、江合川水系の本流とN沢下流、大川水系の廿一沢、柳沢、名取川水系のS沢下流と宍戸沢、白石川水系の横川の合計7水域は放流河川であることが確認された。聞き取り法の結果を基に、未放流隔離河川22水域および放流河川7水域に生息するイワナ集団から、1集団あたり9~26尾、合計616尾の脂鰭をサンプリングした (表1)。

2 遺伝子解析

未放流隔離河川からサンプリングした22集団のうち、大川水系では2集団 (A沢, C沢)、江合川水系では9集団 (D~G沢, I~L沢, O沢)、鳴瀬川水系では1集団 (R沢)、名取川水系では1集団 (S沢上流)、白石川水系では1集団 (T沢)、合計14集団で単型的にハプロタイプが認められた (表2)。既往の報告では、聞き取り法⁽⁵⁾で未放流隔離河川とされた水域に生息する集団について、ハプロタイプが単型的に出現する場合は在来個体群の可能性が高いとしている⁽¹⁰⁾。このため、上記の14集団は在来個体群であると考えられた。在来個体群と考えられた集団のハプロタイプはHap7 (江合川水系D沢, E沢, 名取川水系S沢上流), Hap11 (大川水系A沢, C沢, 江合川水系I沢, J沢), Hap30 (江合川水系F沢, G沢, K沢, L沢, O沢, 鳴瀬川水系R沢, 白石川水系T沢)の3種類であった (表2)。これらのハプロタイプは複数の水系にまたがって出現しており、本県の在来個体群における主要なハプロタイプであると考えられた。鳴瀬川水系のP沢は2種類のハプロタイプが出現したが、Hap7およびHap30であったため、同

様に在来個体群と考えられた。その結果、本調査では15集団が在来個体群であると推測された。

現在、イワナのミトコンドリアDNAのCytochrome b遺伝子を基にしたハプロタイプは35種類報告されている^(2,4,8,11)。これらのハプロタイプの中には、局所的に分布するものや広域的に分布するものがある。既往の報告ではHap7の個体群は主に東北地方⁽²⁾や新潟県⁽¹²⁾といった北日本に分布しており、本調査でも2水系の在来個体群で確認され、この報告を支持する結果になった。本調査の結果に加え、Hap11は岩手県千鶏川、福島県高瀬川、栃木県鬼怒川^(2,8)、Hap30は栃木県渡良瀬川⁽⁸⁾、東北地方と関東地方で確認されている。しかし、Hap11、Hap30は、関東地方では在来個体群28集団のうち、1集団ずつしか確認されており出現頻度は低いため⁽⁸⁾、東北地方に主に分布するハプロタイプの可能性が示唆された。

一方、聞き取り法で放流河川とされた水域に生息する集団では、Hap7、Hap11、Hap30に加え、複数のハプロタイプ(Hap3、Hap5、Hap10、Hap12、Hap19、Hap31、Hap32)が確認され、遺伝子解析の結果でも非在来個体群であると考えられた。特にHap3とHap5は放流河川に生息する集団のみに出現しており、岩手県、福島県、栃木県等の養殖業者の飼育魚に高率で含まれていることが確認されていることから⁽⁴⁾、放流魚由来である可能性が高いと考えられた。

聞き取り法で未放流隔離河川とされた水域に生息する7集団(大川水系B沢、江合川水系H沢、M沢N沢、鳴瀬川水系Q沢、白石川水系U沢、V沢)でもHap7、Hap11、Hap30に加え、放流河川に出現した複数のハプロタイプ(Hap10、Hap12、Hap19、Hap31、Hap32)が確認された。既往の報告^(2,4,8)を基に構築した最節約ネットワークで認められる5つのクレードのうち、本調査で認められたHap19を除く9種類のハプロタイプは2-2クレードに分類されたが、Hap19だけは2-4クレードに分類された(図2)。2-4クレードは中部日本で限定的に分布し⁽²⁾、Hap19は琵琶湖水系に高い頻度で出現している⁽¹¹⁾。また、Hap19は前述の放流魚からも確認されている⁽⁴⁾。以上の結果から、Hap19は放流魚由来と考えられ、Hap19の出現した2集団(J沢、K沢)は、非在来個体群であると考えられた。Hap10、Hap12、Hap31、Hap32については、本県の在来個体群の一般的なハプロタイプと考えられるHap7、Hap11、Hap30と同じ2-2

クレードに分類されており、在来個体群由来の可能性を否定できず、本調査では特定することはできなかった。特にHap12は、本県の相川沢川のみでしか報告されており⁽²⁾、希少なハプロタイプの可能性があるため、マイクロサテライトDNAの主成分分析による詳細な調査が必要であろう。

イワナの遺伝的多様性を保ちながら遊漁等で有効に利用する方法として、生息集団の特徴に基づいた河川のゾーニング管理法が提唱されており⁽¹³⁾、本県においても同管理法の適用が求められている。本調査で得られた知見を基に、在来個体群の生息が確認された水域には、天然魚保全ゾーンとして今後とも放流は行わず、資源の減少が見られるときは漁獲制限等を検討する必要がある。一方、既に放流が行われている水域では、本県におけるイワナの遺伝的集団構造を考慮して、在来個体群由来の種苗を積極的に用いることが望まれる。

要 約

イワナ在来個体群保全のための基礎的知見を収集すること目的として、県内の大川水系、江合川水系、鳴瀬川水系、名取川水系、白石川水系において、在来個体群の生息状況を調査した。漁協への聞き取り法によって、未放流隔離河川とされた22集団の遺伝子解析の結果、気仙大川水系で2集団、江合川水系で9集団、鳴瀬川水系で2集団、名取川水系で1集団、白石川水系で1集団の計15集団が在来個体群であると推定された。在来個体群に出現したハプロタイプはHap7、Hap11、Hap30の3種類であり、本県の在来個体群における主要なハプロタイプであると推測された。

表1 聞き取り法結果とサンプリングデータ

水系	調査点	聞き取り法	調査個体数	調査年月日	平均尾叉長(cm)	標準偏差	最小-最大(cm)
大川水系	A沢	未放流隔離河川	25	平成19年8月26日	17.5	3.8	11.5-23.1
	B沢	未放流隔離河川	25	平成19年8月26日	15.1	2.0	10.5-18.3
	C沢	未放流隔離河川	21	平成19年8月26日	14.3	2.5	10.4-17.5
	廿一沢	放流河川	9	平成19年8月26日	17.0	3.8	11.5-23.1
	柳沢	放流河川	11	平成19年8月26日	15.0	2.7	10.7-17.5
江合川水系	D沢	未放流隔離河川	20	平成19年7月5日	16.4	3.6	8.5-24.3
	E沢	未放流隔離河川	18	平成19年7月5日	17.8	3.4	10.5-26.1
	F沢	未放流隔離河川	18	平成19年7月11日	15.9	2.2	11.4-19.8
	G沢	未放流隔離河川	24	平成18年7月2日	17.7	3.9	10.9-23.5
	H沢	未放流隔離河川	17	平成20年5月22日	18.9	3.2	12.4-27
	I沢	未放流隔離河川	25	データなし			
	J沢	未放流隔離河川	24	平成18年7月2日	14.3	3.4	8.8-22.8
	K沢	未放流隔離河川	19	平成19年7月11日	14.8	2.5	12.5-20.6
	L沢	未放流隔離河川	21	平成20年5月11日	データなし		
	M沢	未放流隔離河川	25	平成20年8月8日	19.2	2.5	12.3-23.6
	N沢	未放流隔離河川	26	平成18年7月27日	18.3	3.4	11.2-26.5
	N沢下流	放流河川	24	平成18年7月27日	15.2	3.4	9.5-23.3
	O沢	未放流隔離河川	24	平成20年5月11日	14.1	2.8	10.9-20.7
	本流	放流河川	18	平成19年7月11日	データなし		
鳴瀬川水系	P沢	未放流隔離河川	24	平成21年10月15日	15.0	3.2	13.3-23.7
	Q沢	未放流隔離河川	23	平成21年10月15日	16.4	2.7	12.2-22.1
	R沢	未放流隔離河川	24	平成21年9月9日	16.7	3.2	11.1-23.1
名取川水系	S沢上流	未放流隔離河川	25	平成20年9月18日	データなし		
	S沢下流	放流河川	9	平成20年9月18日	19.2	5.6	11.7-25
	央戸沢	放流河川	25	平成20年9月18日	20.6	5.2	10.3-32
白石川水系	T沢	未放流隔離河川	19	平成19年9月20日	14.1	2.8	9.8-18.1
	U沢	未放流隔離河川	24	平成19年9月21日	12.4	2.2	9.1-18.6
	V沢	未放流隔離河川	24	平成19年9月22日	14	2.6	10.2-21.3
	横川	放流河川	25	平成19年9月23日	15.9	4.4	9-23.9

表2 遺伝子解析結果

水系	調査点	調査個体数	ハプロタイプ(尾数)	ハプロタイプ多様度(h)	ヌクレオチド多様度(π)	ハプロタイプによる推定
大川水系	A沢	25	Hap11(25)	0	0	在来
	B沢	25	Hap11(14), Hap12(10), Hap32(1)	0.5072	0.002732	不明
	C沢	21	Hap11(21)	0	0	在来
	廿一沢	9	Hap5(1), Hap7(1), Hap11(2), Hap12(5)	0.6944	0.003192	非在来
	柳沢	11	Hap11(9), Hap12(2)	0.3272	0.001763	非在来
江合川水系	D沢	20	Hap7(20)	0	0	在来
	E沢	18	Hap7(18)	0	0	在来
	F沢	18	Hap30(18)	0	0	在来
	G沢	24	Hap30(24)	0	0	在来
	H沢	17	Hap11(8), Hap31(9)	0.5294	0.002851	不明
	I沢	25	Hap11(25)	0	0	在来
	J沢	24	Hap11(24)	0	0	在来
	K沢	19	Hap30(19)	0	0	在来
	L沢	21	Hap30(21)	0	0	在来
	M沢	25	Hap7(15), Hap19(8), Hap30(2)	0.5533	0.002801	非在来
	N沢	26	Hap19(8), Hap30(18)	0.4431	0.002386	非在来
	N沢下流	24	Hap5(2), Hap7(1), Hap11(3), Hap19(9), Hap30(9)	0.7246	0.003389	非在来
	O沢	24	Hap30(24)	0	0	在来
	本流	18	Hap3(3), Hap7(12), Hap10(1), Hap31(1)	0.5294	0.001162	非在来
鳴瀬川水系	P沢	24	Hap7(12), Hap30(12)	0.5217	0.001873	在来
	Q沢	23	Hap30(6), Hap31(17)	0.4032	0.001448	不明
	R沢	24	Hap30(24)	0	0	在来
名取川水系	S沢上流	25	Hap7(25)	0	0	在来
	S沢下流	9	Hap5(2), Hap7(6), Hap11(1)	0.5556	0.002394	非在来
	央戸沢	25	Hap3(9), Hap7(4), Hap10(2), Hap11(4), Hap19(1), Hap31(3), Hap32(2)	0.8233	0.00292	非在来
白石川水系	T沢	19	Hap30(19)	0	0	在来
	U沢	24	Hap7(4), Hap10(20)	0.2899	0.001561	不明
	V沢	24	Hap10(19), Hap30(5)	0.3442	0.001854	不明
	横川	25	Hap7(1), Hap10(15), Hap30(7), Hap31(1), Hap32(1)	0.58	0.00298	非在来

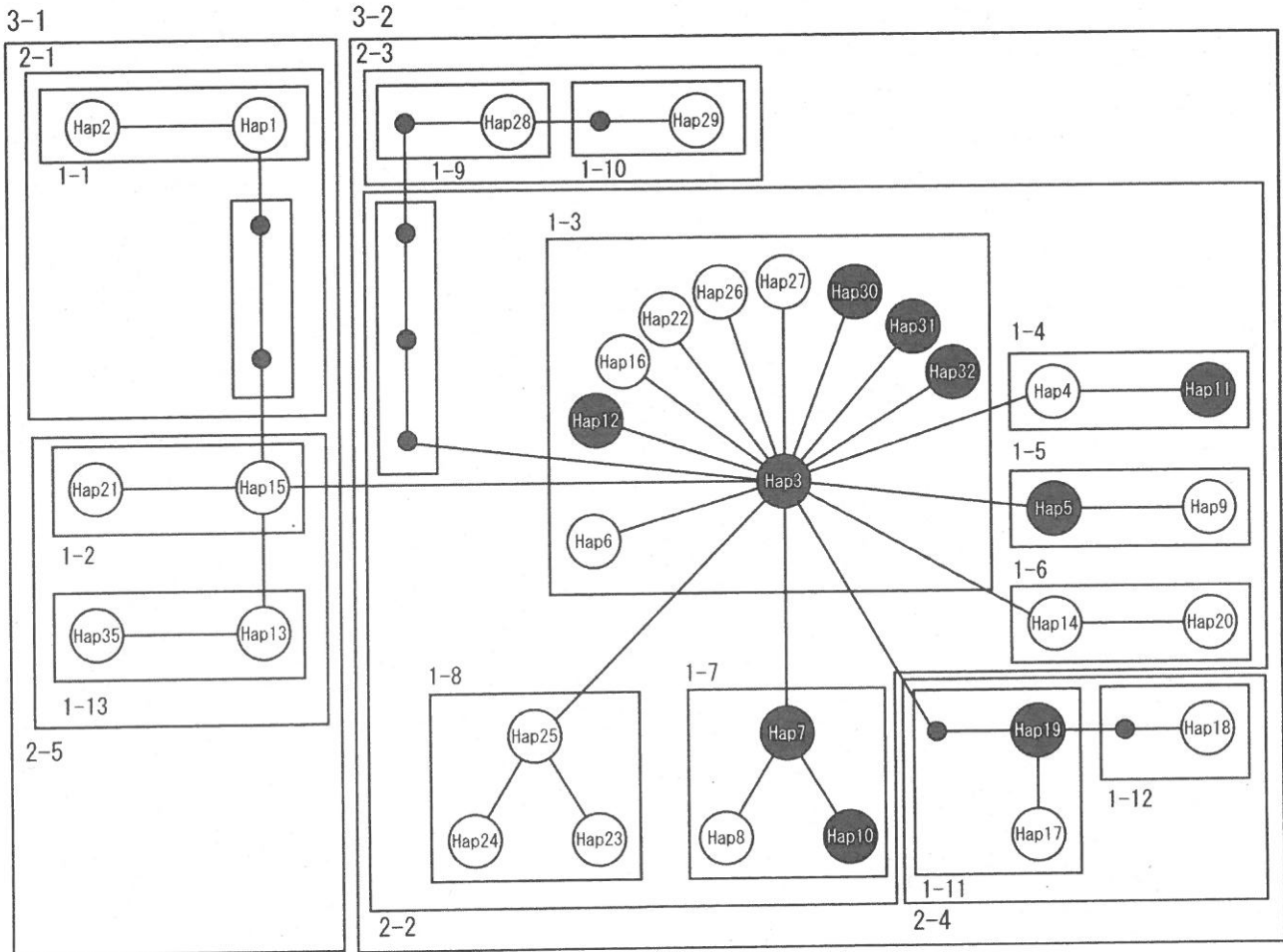


図2 再節約ネットワーク：黒丸は本調査で確認されたハプロタイプ

謝 辞

本調査は、魚影の郷整備事業（県単事業）、漁場環境保全推進事業（県単事業）、宮城県内水面漁業協同組合連合会の調査事業として行った。本調査の遺伝子解析法について、独立行政法人水産総合研究センター中央水産研究所 山本祥一郎博士、栃木県水産試験場 久保田仁志博士、山形大学理学部 千葉悟博士にご指導を賜りました、ここに感謝の意を表します。供試魚のサンプリングにつ

いて、気仙沼大川漁業協同組合、鳴子漁業協同組合、鳴瀬吉田川漁業協同組合、広瀬名取川漁業協同組合、白石川漁業協同組合およびNPO法人自然と魚を育てる会の方々には多大なるご協力を賜りました、ここに感謝の意を表します。最後に本稿を校閲して下さいました水産技術総合センター内水面水産試験場長高橋清孝博士と調査に支援協力を頂いた同内水面水産試験場職員の皆様に厚く御礼申し上げます。

参考文献

- 1) 川那部浩哉, 水野信彦, 細谷和海 (2002) サケ科Salmonidae, 日本の淡水魚, 109-131, 山と溪谷社
- 2) 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. *Zool. Sci.* 21:229-240
- 3) Waples RS. (1991) Genetic interactions between hatchery and wild Salmonids: lessons from Pacific Northwest. *Can. J. Aquat. Sci.* 48(Suppl.1):124-133
 - 4) Kubota H, Doi T, Yamamoto S, Watanabe S. (2007) Genetic identification of native population of fluvial white-spotted charr *Salverius leucomaenis* in the upper Tone River drainage. *Fish. Sci.* 73:270-284
 - 5) 中村智幸 (2001) 聞き取り調査によるイワナ在来個体群の生息分布推定, 砂防学会誌, 53, (5), 3-9
 - 6) Thompson JD, Higgins DG, Gibson TJ (1994) CLUSTAL W: improving the sensitivity of progressive multiple sequence alignment through sequence weighting, positions-specific gap penalties and weight matrix choice. *Nucleic Acids Res.* 22:4673-4680
 - 7) Excoffier, L., Laval, G. and Schneider, S. (2005) Arlequin Ver. 3.0: An integrated software package for population genetics data analysis. *Evol Bioinform Online* 1, 47-50
 - 8) 山本祥一郎, 中村智幸, 久保田仁志, 土井隆秀, 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, (5), 861-863
 - 9) Clement, M., Posada, D. and Crandall, K.A. (2000) TCS: a computer program to estimate gene genealogies. *Mol. Ecol.* 9, 1657-1659
 - 10) 中村智幸 (2008) 遺伝子解析によるイワナ在来・非在来個体群の推定方法の検討, 溪流管理体制構築事業報告書, 101-104
 - 11) Kikko T, Kuwahara M, Iguchi K, Kurumi S, Yamamoto S, Kai Y, Nakayama K. (2008) Mitochondrial DNA population structure of the White-spotted charr (*Salverius leucomaenis*) in the Lake Biwa water system. *Zool. Sci.* 25:146-153.
 - 12) 新潟県内水面水産試験場 (2008) : DNA分析による在来個体群の調査, 流域管理体制構築事業報告書, 96-100
 - 13) 木村晴朗 (2003) 第2節 溪流における漁場管理と魚類資源増殖に関する提言, 第6章 提言—溪流魚の適正な利用と増殖のために—, イワナ, ヤマメ, アマゴの増殖と管理, 246-251