

## 論文

# 石川県におけるサクラマス *Oncorhynchus masou masou* の遺伝的集団構造 —人工種苗放流の影響について—

北市 仁\*<sup>1</sup> 中谷内 修\*<sup>2</sup> 柳井 清治\*<sup>3</sup>

### 要 旨

石川県に生息するサクラマスの野生集団および県内で飼育される種苗集団に対して、マイクロサテライト 10 遺伝子座を用いて遺伝的集団構造の把握を試みた。石川県内の 8 水系 10 河川集団から採集した野生サクラマス 145 個体と県内の漁業関係機関等から提供してもらった 4 系統群の人工種苗サクラマス 20 個体をそれぞれ遺伝子解析に供した。その結果、調査した野生サクラマスの各集団は遺伝的多様性が高く保持されていることがわかった。また帰属性解析の結果から、野生サクラマス集団は 3 つの遺伝的クラスターに分けられた。このうち 2 つのクラスターは加賀地方と能登地方に由来する地理的なクラスターであったが、残り 1 つのクラスターは人工種苗の放流によって人為的に作られたクラスターであることが示唆された。このことから、石川県の野生サクラマス集団は過去に人工種苗放流による遺伝的攪乱を受けた可能性があると考えられた。

キーワード：サクラマス／種苗放流／遺伝的集団構造／マイクロサテライト

### 1. はじめに

サクラマス (*Oncorhynchus masou masou*) は、サケ目サケ科サケ亜科サケ属に属する遡河性回遊魚の 1 種である (川那部・水野, 1989)。日本国内に生息する他のサケ属魚類には、本種の亜種であるサツキマスおよびビワマスに加えて、他にシロザケ、ベニザケ、ギンザケ、カラフトマスなどがあげられる。この中でもサクラマスは、河川で産卵・孵化し、およそ 1 年半の河川生活を経た後、海へ下る降海型と、その後も河川に残る河川残留型という 2 型の生活環に大別されるという特徴的な生活史を持つ (眞山, 1992)。一般的に、海へ下る降海型の個体を「サクラマス」と呼び、河川に残留した個体を「ヤマメ」と呼ぶが、本論文では前者を「降海型サクラマス」、後者を「河川残留型サクラマス」と呼ぶ (図 1)。また、産卵形態は降海型と河川残留型が入り混じる乱婚システムである (佐藤ら, 2016)。サクラマスは産卵床である砂利層から孵化して浮上後 1 年以上を河川で生活し、降海後の海洋生活を経て母川回帰した後もおよそ半年間河川内で越夏するという点で、浮上後すぐに降海するシロザケやカラフトマスと比較すると、河川環境に対する依存度が高い (眞山, 1992)。

大型になる降海型サクラマスは水産漁業資源としても有用であるが、近年天然のサクラマス資源量が

減少しているため、北海道をはじめ全国でサクラマスの人工種苗放流が盛んに行われている (野口ら, 2003; 水産総合研究センター, 2016)。一般的に、人工種苗の放流は在来集団の遺伝的特異性や生態的な特性を変えてしまう可能性があり、特に異なる河川に由来する種苗を放流することは遺伝的攪乱を招く原因となりうる。実際に、本来生息域が交わらないサクラマスとサツキマスの 2 種が種苗放流による交雑が確認される報告もあり、人為的な種苗放流による生息域の攪乱および遺伝的攪乱の影響が示唆され (田子, 2002; 北西ら, 2017)、人工種苗放流が

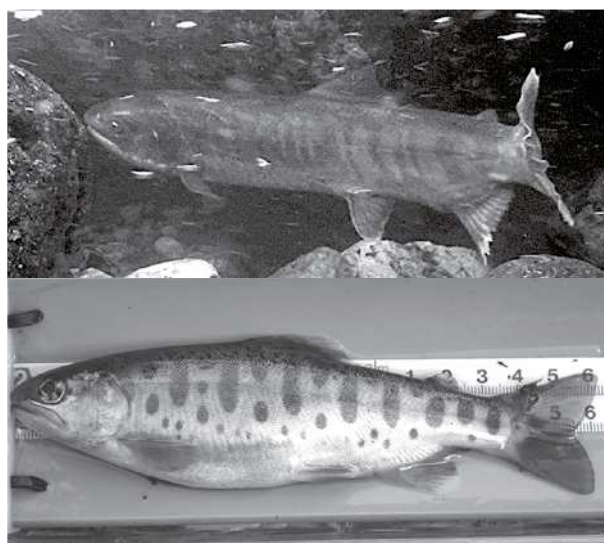


図 1 手取川支流に遡上した降海型サクラマス・雌 (上) と河川残留型サクラマス・雌 (熊木川) (下)

\*<sup>1</sup> 石川県白山自然保護センター

(石川県立大学 生物資源環境学部 環境科学科 2015 年度卒業)

\*<sup>2</sup> 石川県立大学 生物資源工学研究所

\*<sup>3</sup> 石川県立大学 生物資源環境学部 環境科学科

サクラマス其自然再生産に影響を与える可能性も示唆されている（卜部ら，2013）。石川県では平成12年から平成25年にかけて、県内全域の21水系、23河川に約257万個体の人工種苗と約3万粒の卵が放流されている（石川県，2013）。これらの放流を受け、サクラマス集団への遺伝的攪乱が懸念されている。

近年、漁業資源として有用な魚類の人工種苗管理や絶滅危惧種の保全に関して、DNA解析を用いた研究が盛んに行われている。サクラマスにおいてもミトコンドリアDNA内D-Loop領域を対象とした研究（鈴木ら，2000）や核DNAのマイクロサテライト領域を対象とした研究（野口ら，2003；野口ら，2007）がなされ、サクラマスが強い母川回帰性を有すること、その回帰性に基づく遺伝的構造の形成要因の解明、また河川毎の遺伝的独立性などが明らかにされてきた。しかし、これらサクラマスのDNA解析を用いた研究のうち、放流による遺伝的攪乱の有無に注目した事例はほとんどない。そこで本研究では、サクラマスの遺伝的集団構造が調査されていない石川県において、河川から採集した野生サクラマスと、飼育されていた人工種苗を対象に、個体識別が可能な高感度マイクロサテライト遺伝子座を用いて、遺伝的集団構造および遺伝的攪乱の実態を調査することを目的とした。

## 2. 研究対象地

石川県加賀地方の手取川及び犀川の2水系2河川、石川県能登地方の子浦川、富来川、富来川支流（尊川）、阿岸川、松波川、曾福川、熊木川、熊木川支流（河内川）の合計8水系10河川（図2）から野生のサクラマスを採集し、これらからDNAサンプルを得た（詳細は研究方法を参照）。

なお本研究において、「野生サクラマス」とは野外で採集されたサクラマスのうち人工種苗の放流個体を含んでいる可能性がある集団に属する個体を指し、一方、野外で採集されたもののうち放流個体を含んでいないと考えられるサクラマスを「在来サクラマス」とした。上記のうち、曾福川を除くすべての研究対象河川で過去に公的な放流履歴がある（石川県，2013）。一方で曾福川においては公的な放流履歴はないため、本研究において曾福川で採集された野生サクラマスはいずれも在来のサクラマスと考えた。

## 3. 研究方法

### (1) DNA サンプル採集

野生サクラマスの採集は、2015年6月から11月の期間で調査地の各河川において投網の投てき、またはエレクトロショッカー（Model12;Smith-root社



図2 石川県における野生サクラマス各集団の採集河川

製）とたも網を用いて2~3人で行った。8水系10河川から合計で145個体の野生サクラマスを採集した。以降、本研究において野生個体についての集団の定義を河川ごととし、10集団と見なした。また、これらのサクラマス10集団を野生サクラマス集団とした。

また、人工種苗については、石川県内水面水産センターで飼育されていた養殖飼育および放流用の人工種苗サクラマスで、「犀川系」、「富来川系」、「石川県系」および「宮崎県系」の4つの系統群から、各5個体ずつ合計20個体を提供していただいた。以降、本研究において人工種苗個体についての集団の定義は系統群ごととし、4集団と見なした。また、これら4集団のサクラマスを人工種苗サクラマス集団とした。

なお、石川県内水面水産センターからの聞き取りでは、「石川県系」は県内の複数の水系から採集したサクラマスを親魚とし、適宜親魚を加えながら継代飼育された種苗系統群であった。また、「宮崎県系」は宮崎県の養鱒場より入手されていた種苗系統群であった。

以上の各野生集団および人工種苗集団の全165個体に魚類用麻酔薬（FA100；DSファーマアニマルヘルス株式会社製）を用いて麻酔処理を施し、尾ヒレあるいは脂ビレのいずれかを切除し、99.5%エタノールで固定しDNA抽出用サンプル（以下、サン

プル)とした。なお、本研究で採集されたサクラマスのうち降海型サクラマスは富来川支流(尊保川)で採集されたうちの1個体のみであり、そのほかの個体は野生集団および人工種苗集団においてもすべて河川残留型であった。

## (2) マイクロサテライト DNA 多型解析

採集した全 165 サンプルからフェノール・クロロホルム法によって全 DNA 抽出を行った。マイクロサテライト遺伝子座は、サクラマスについて開発さ

れた 5 遺伝子座(表 1; *Ots520*, *Oma01*, *Oma02*, *Oma3ke*, *Oma4my*, 野口ら, 2003)に加え、ニジマスについて開発された 3 遺伝子座(表 1; *OMM1375*, *OMM1402*, *OMM1404*, Rodriguez et al., 2003)およびベニザケについて開発された 2 遺伝子座(表 1; *One109*, *One110*, Olsen et al., 2000)の合計 10 遺伝子座を用いてそれぞれ PCR 法による増幅を行った。PCR 産物は DNA シーケンサー(ABI PRISM 3100 Genetic Analyzer; Applied Biosystems 社製)を用いて各個体の増幅断片長多型(アレル型)

表 1 各サクラマス集団のマイクロサテライト 10 遺伝子座における遺伝的変異

Locus	野生集団											人工種苗集団			
	採集河川	手取川	犀川	子浦川	富来川	富来川 支流	阿岸川	松波川	曾福川	熊木川	熊木川 支流	犀川系	富来川系	石川県系	宮崎県系
	N	16	26	7	20	20	2	3	13	22	16	5	5	5	5
	Stocked Fish	1368000	221000	15000	8500 *		0	0	-	32000	27000	-	-	-	-
	Stocked Eggs	10000	20000	-	-		-	-	-	-	-	-	-	-	-
<i>Ots520</i>	NPR	0	2	-	0	0	-	-	0	0	0	0	0	0	0
断片長: 166-208 bp	He	0.789	0.880	0.000	0.789	0.797	0.000	0.000	0.740	0.806	0.809	0.720	0.640	0.800	0.700
増幅断片長数: 13	Ho	0.813	0.923	0.000	0.750	0.625	0.000	0.000	0.846	0.818	0.933	0.600	0.800	0.800	0.400
	HWE test	0.076	0.447	-	0.940	0.060	-	-	0.812	0.946	0.813	0.396	0.290	0.577	0.339
<i>Oma01</i>	NPR	1	1	1	3	0	0	0	0	2	0	0	0	0	0
断片長: 119-199 bp	He	0.895	0.936	0.778	0.901	0.894	0.750	0.833	0.849	0.904	0.770	0.800	0.660	0.740	0.760
増幅断片長数: 37	Ho	1.000	0.885	1.000	0.941	1.000	1.000	1.000	0.846	0.818	0.875	1.000	1.000	1.000	0.800
	HWE test	0.011*	0.627	0.679	0.894	0.186	0.423	0.451	0.642	0.002**	0.958	0.451	0.466	0.556	0.393
<i>Oma02</i>	NPR	0	6	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
断片長: 124-189 bp	He	0.832	0.907	0.735	0.870	0.821	0.500	0.722	0.660	0.829	0.564	0.700	0.660	0.800	0.460
増幅断片長数: 24	Ho	0.813	0.760	0.857	0.706	0.850	1.000	0.333	0.692	0.909	0.438	0.400	1.000	1.000	0.600
	HWE test	0.069	0.006**	0.708	0.146	0.245	0.157	0.174	0.928	0.266	0.290	0.339	0.427	0.764	0.821
<i>Oma3ke</i>	NPR	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
断片長: 107-141 bp	He	0.854	0.857	0.827	0.846	0.794	0.375	0.611	0.716	0.808	0.807	0.700	0.620	0.660	0.560
増幅断片長数: 12	Ho	0.813	0.692	1.000	1.000	0.700	0.500	0.667	0.846	0.773	0.750	0.200	0.800	0.800	0.400
	HWE test	0.501	0.014*	0.002**	0.077	0.005**	0.637	0.506	0.924	0.000**	0.112	0.103	0.769	0.446	0.135
<i>Oma4my</i>	NPR	11	8	-	-	-	-	-	-	3	0	-	-	-	-
断片長: 150-164 bp	He	0.878	0.861	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.890	0.796	0.000	0.000	0.000	0.000
増幅断片長数: 27	Ho	0.933	0.826	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.857	0.857	0.000	0.000	0.000	0.000
	HWE test	0.295	0.129	-	-	-	-	-	-	0.240	0.393	-	-	-	-
<i>OMM1375</i>	NPR	6	-	0	0	0	-	1	0	0	1	1	1	0	0
断片長: 203-427 bp	He	0.876	0.000	0.602	0.433	0.786	0.000	0.778	0.533	0.789	0.784	0.660	0.640	0.594	0.688
増幅断片長数: 19	Ho	1.000	0.000	0.429	0.353	0.500	0.000	1.000	0.615	0.750	0.800	0.600	0.800	0.750	0.750
	HWE test	0.078	-	0.223	0.009*	0.030*	-	0.532	0.002	0.775	0.496	0.340	0.067	0.506	0.677
<i>OMM1402</i>	NPR	1	5	1	0	0	-	0	0	0	0	0	0	0	-
断片長: 193-300 bp	He	0.819	0.870	0.714	0.761	0.776	0.000	0.750	0.722	0.771	0.652	0.740	0.660	0.660	0.000
増幅断片長数: 17	Ho	0.929	0.808	0.857	0.941	0.750	0.000	1.000	0.615	0.682	0.688	0.800	1.000	0.600	0.000
	HWE test	0.377	0.034*	0.796	0.890	0.334	-	0.532	0.329	0.156	0.612	0.678	0.466	0.405	-
<i>OMM1404</i>	NPR	3	13	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
断片長: 290-350 bp	He	0.787	0.875	0.571	0.839	0.853	0.500	0.750	0.731	0.817	0.773	0.780	0.740	0.540	0.540
増幅断片長数: 19	Ho	1.000	1.000	0.857	0.941	0.800	1.000	1.000	0.615	0.864	0.813	0.800	1.000	0.600	0.800
	HWE test	0.895	0.743	0.268	0.642	0.284	0.157	0.423	0.822	0.007**	0.831	0.543	0.020*	0.427	0.528
<i>One109</i>	NPR	1	1	5	0	3	0	0	2	0	0	0	0	0	1
断片長: 127-175 bp	He	0.823	0.805	0.796	0.747	0.818	0.375	0.778	0.615	0.758	0.855	0.700	0.760	0.760	0.594
増幅断片長数: 22	Ho	0.583	0.625	1.000	0.765	0.900	0.500	1.000	0.417	0.750	0.571	0.800	1.000	0.600	1.000
	HWE test	0.036*	0.219	0.360	0.609	0.133	0.637	0.532	0.329	0.667	0.160	0.396	0.491	0.440	0.393
<i>One110</i>	NPR	3	15	0	0	3	0	0	1	11	0	0	0	0	0
断片長: 235-287 bp	He	0.905	0.930	0.724	0.912	0.911	0.625	0.833	0.814	0.917	0.850	0.800	0.760	0.600	0.780
増幅断片長数: 47	Ho	0.923	1.000	0.714	1.000	0.950	1.000	1.000	1.000	0.955	0.938	1.000	1.000	0.400	0.600
	HWE test	0.074	0.920	0.140	0.098	0.770	0.572	0.451	0.926	0.047*	0.991	0.246	0.236	0.029*	0.328
Average for all samples	He	0.846	0.792	0.575	0.710	0.745	0.313	0.606	0.638	0.829	0.766	0.660	0.614	0.615	0.508
	Ho	0.881	0.752	0.671	0.740	0.708	0.500	0.700	0.649	0.818	0.766	0.620	0.840	0.655	0.535

注: N は各集団のサンプル数、Stocked Fish および Stocked Eggs は石川県(2013)における種苗放流数および卵放流数、NPR は各集団における固有対立遺伝子数、He はヘテロ接合度の期待値、Ho はヘテロ接合度の観察値、HWE test はハーディ・ワインベルグ平衡検定の結果をそれぞれ示す(\*, P<0.05; \*\*, P<0.01)。富来川への種苗放流は本流あるいは支流(尊保川)のいずれで行われたかは不明だった。熊木川および熊木川支流(河内川)への各種苗放流は本研究の採集河川と同じであった。

を決定した。

### (3) データ解析

得られた各個体のアレル型をもとに、野生サクラマス集団および人工種苗サクラマス集団において、遺伝的多様性の指標となるヘテロ接合度の観察値 ( $H_o$ )、ヘテロ接合度の期待値 ( $H_e$ ) および遺伝的分化の程度を示す  $F_{ST}$  についてそれぞれ算出した。また、近親交配の有無を推測するハーディ・ワインベルグ平衡検定を行った。これらの解析はいずれもソフトウェア GenA1Ex v6.5 (Peakall and Smouse, 2006) を用いて行った。

### (4) 遺伝的集団構造解析

全野生サクラマス 10 集団について、距離による隔離 (Isolation By Distance; 以下 IBD) の効果を、各採集河川の河口間の距離と  $F_{ST}$  の相関を用いて算出した。河口間の地理的距離 (km) は ArcGIS10.3 の距離計算ツールによって河口間の最短距離を計測した。このとき富来川支流および熊本川支流に関しては、各河川本流の河口を代用した。なお人工種苗サクラマス 4 集団については、地理的距離の基点が設定できず、IBD の検出においては不要と判断し、計算に含めないものとした。

各個体のアレル型に基づいた帰属性解析は STRUCTUREver.2.3.4 (Pritchard et al., 2000) を用いて行った。帰属性解析には Admixture モデルを使用し、クラスター数の  $K$  は 1 - 10 個とし、各  $K$  あたり 10 回のランとし、各ランは 10,000 回の burn-in 後に、100,000 回の繰り返しの条件で行った。なお、

最適なクラスター数  $K$  の決定は、 $\Delta K$  法に従い、STRUCTURE HARVESTER (Earl and vonHoldt, 2012) によって  $\Delta K$  (Evanno et al., 2005) および対数尤度  $\text{LnP} (D)$  を算出して行った。

## 4. 結果

### (1) マイクロサテライト DNA 多型解析 (表 1)

マイクロサテライト DNA 多型解析の結果、各マーカー座の増幅断片長 (アレル) 数は 12 - 47 個だった (表 1)。平均ヘテロ接合度の観察値  $H_o$  および期待値  $H_e$  はそれぞれ 0.722 - 0.881、0.709 - 0.880 だった (表 1)。各集団の固有対立遺伝子数は 0 - 15 だった (NPR; 表 1)。ハーディ・ワインベルグ平衡検定の結果、各集団において 0 - 4 座について逸脱が認められたが、全マーカー座で逸脱が認められた集団は確認されなかった (表 1)。また阿岸川と松波川については採集個体数が少ないため、両集団においてはハーディ・ワインベルグ平衡検定を行えるほどのアレル多型を検出できなかった。

### (2) 遺伝的集団構造解析

各集団間の  $F_{ST}$  は 0.042 - 0.381 の値を示し (表 2)、ほとんどの集団間で遺伝的分化が確認された。また各集団間の地理的距離は手取川河口と熊本川河口間で 276.4 (km) が最大であった (表 2)。また野生サクラマス集団の IBD の効果における有意な相関は見られなかった。

帰属性解析の結果、本研究で用いた 165 個体のサクラマスは 3 つの遺伝的クラスター (クラスター 1、2、3) に分かれた (図 3 および図 4)。クラスター 1

表 2 各サクラマス集団間の  $F_{ST}$  (下部) と地理的距離 (上部) の対比較

採集河川	野生集団										人工種苗集団			
	手取川	犀川	子浦川	富来川	富支流	阿岸川	松波川	曾福川	熊本川	熊支流	犀川系	富来川系	石川県系	宮崎県系
手取川	-	15.8	53.3	81.4	81.4	102.3	200.0	262.4	276.4	276.4				
犀川	0.092	-	37.5	65.7	65.7	86.6	184.2	246.6	260.6	260.6				
子浦川	0.178	0.226	-	28.2	28.2	49.1	146.7	209.1	223.1	223.1				
富来川	0.096	0.160	0.234	-	0.0	20.9	118.5	180.9	194.9	194.9				
富支流	0.084	0.143	0.213	0.121	-	20.9	118.5	180.9	194.9	194.9				
阿岸川	0.248	0.304	0.329	0.323	0.284	-	97.7	160.1	174.1	174.1				
松波川	0.171	0.216	0.279	0.206	0.194	0.381	-	62.4	76.4	76.4				
曾福川	0.115	0.182	0.260	0.148	0.150	0.345	0.238	-	76.4	76.4				
熊本川	0.042	0.097	0.167	0.098	0.088	0.245	0.165	0.115	-	0.0				
熊支流	0.060	0.115	0.193	0.119	0.111	0.278	0.186	0.130	0.043	-				
犀川系	0.115	0.168	0.245	0.168	0.164	0.329	0.245	0.191	0.117	0.152	-			
富来川系	0.125	0.182	0.278	0.174	0.172	0.363	0.256	0.198	0.134	0.155	0.178	-		
石川県系	0.134	0.188	0.256	0.179	0.162	0.364	0.246	0.210	0.121	0.143	0.193	0.228	-	
宮崎県系	0.173	0.229	0.251	0.218	0.200	0.336	0.293	0.237	0.145	0.165	0.224	0.241	0.233	-

注：上部は地理的距離 (km)、下部は  $F_{ST}$  の値をそれぞれ示す。富支流は富来川支流 (尊保川) を、熊支流は熊本川支流 (河内川) をそれぞれ示す。

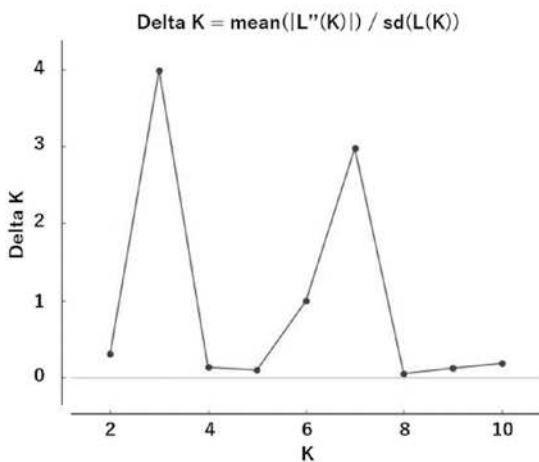


図3 STRUTURE Harvester による  
クラスター数 (K) と Delta K の関係

への帰属性確率は手取川、犀川の各野生集団および犀川系の人工種苗集団で比較的高く、能登地方（県の北部）の野生集団の一部の個体にも見られた。クラスター2への帰属性確率は富来川、富来川支流、曾福川および松波川など能登地方の各野生集団内および富来川系の人工種苗集団内で比較的高かった。またクラスター3への帰属性確率は熊木川、熊木川支流の各野生集団および宮崎県系の人工種苗集団で比較的高かった。このほかクラスター1-3のいずれについても、各野生集団および各人工種苗集団の一部個体においては、各クラスターの帰属性確率が2つあるいは3つ入り混じる個体が見られた。

## 5. 考察

### (1) 各サクラマス集団の遺伝的多様性

本研究で示した各野生サクラマス集団の  $H_e$  は、Kitanishi et al. (2009) が示した放流履歴のない河川の野生サクラマス集団の  $H_e$  (0.72 - 0.77) や、野口・谷口 (2007) が示した非放流河川を含んだ野生サクラマス集団の  $H_e$  (0.824 - 0.874) と比較しても同程度かそれよりも高い値であり、石川県の野生サクラマス集団は各集団内で十分な遺伝的多様性を保持していると考えられた。サクラマスが遺伝的多様性を保持している理由としては、遺伝子流動があり、メタ集団を構成していることが考えられる。これらは非人為的な遺伝的変動の結果であるが、石川県内においてはかつての人工種苗放流によって他集団の遺伝子流動が人為的に引き起こされたことによって、遺伝的多様性が保持された可能性も考えられる。

また、亜種であるサツキマスについては、放流履歴のない河川の集団は放流履歴のある河川集団と比べて遺伝的多様性が低い傾向がある（岡部・小松, 2012）。したがって、非放流河川集団と見なせる曾福川集団はサクラマスの天然集団である特徴を示したのかもしれない。ただし、阿岸川集団（2個体）と松波川集団（3個体）については遺伝的多様性を評価しうるほどのサンプル数に満たないと判断し、考察に含めるべきでないと考えられた。

ハーディ・ワインベルグ平衡検定の結果から、10遺伝子座すべてにおいて有意な逸脱が認められた集団は確認されなかった。このことから、石川県内の野生サクラマス集団においては、近親交配が進むほ

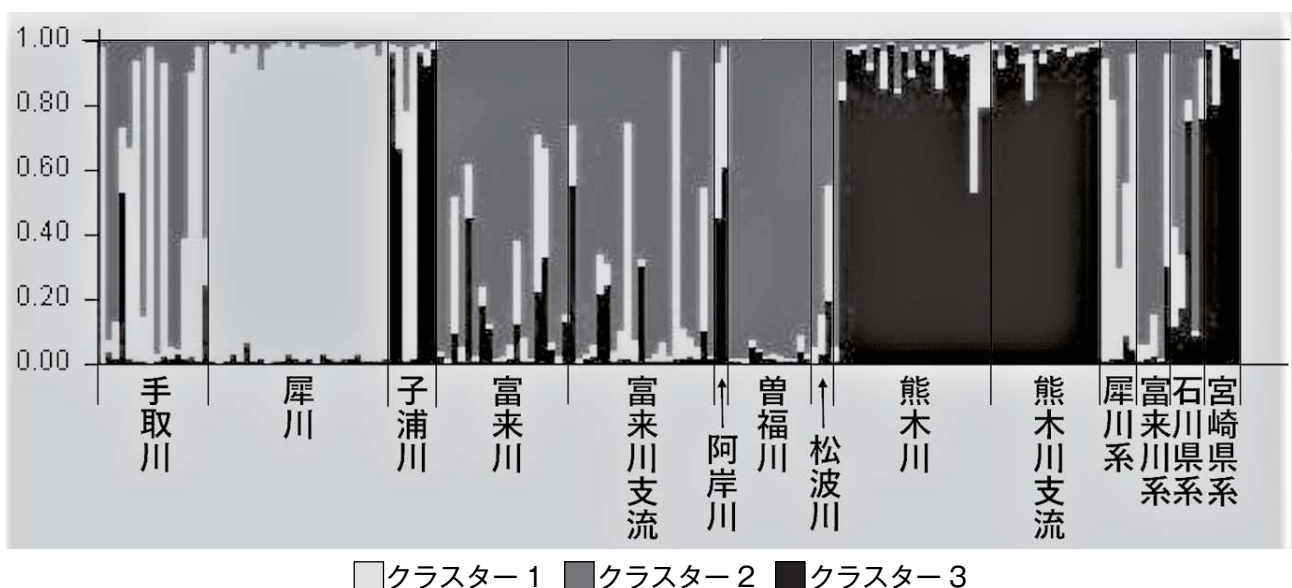


図4 野生および人工種苗サクラマス各集団（犀川系、富来川系、石川県系、宮崎県系）における  
STRUCTURE から推定された遺伝的クラスター

注：横軸は各個体を示し、黒線は各集団を分けている。

どに小集団化した集団はないと考えられる。ただし、近年では人為的影響によってサケ科魚類の遺伝的な劣化が引き起こされる例が蓄積されつつあり、その原因として特に河川構造物による生息地の分断化がもたらす影響が大きいことが指摘されている(森田・山本, 2005)。

今回調査したいずれの河川においても、大小の程度はあるが、河川横断構造物が確認されている。ダムや堰堤といった河川を横断するような人工構造物は、生活史の中で河川の上流域から下流域まで広く移動するサクラマスなどの魚類にとって多大な影響を与える(福島, 2005)。実際に、構造物で分断化され、その上流部に取り残された集団は顕著な遺伝的劣化を示し、特にその構造物建設から時間が経つほどその遺伝的劣化の程度は大きくなると推定されており(森田・山本, 2005)、今後もその影響を注視していく必要がある。

## (2) 遺伝的集団構造

石川県内の野生サクラマス集団の遺伝的クラスターについて、クラスター1への帰属性確率は特に犀川集団内で高く、一部手取川集団でも高かったことから、加賀地方のサクラマス集団を表していると考えられる。犀川系人工種苗集団でもクラスター1への帰属性確率が高かったが、犀川系の人工種苗は犀川に由来する系統から繁殖させており、これらの遺伝的特徴が反映されたものと考えられる。またクラスター2への帰属性確率は能登地方の各集団内、特に曾福川集団において高いことから、能登地方のサクラマス集団を表していると考えられる。富来川系人工種苗集団においてもクラスター2が優占しているが、富来川系の人工種苗は富来川に由来する系統から繁殖させており、これらの遺伝的特徴が反映されたものと考えられる。クラスター1における犀川集団およびクラスター2における曾福川集団については、単一集団の帰属性確率が高いことから、各クラスターは在来集団を示しているのかもしれない(岡部・小松, 2012)。

一方で、クラスター3への帰属性確率は、野生集団においては熊木川、熊木川支流の各集団内で特に高く、子浦川や阿岸川集団でも確認されており能登地方の各集団で確認されたが、宮崎県系の人工種苗集団内でも高かった。このことから、クラスター3は宮崎県系の人工種苗集団を示していると考えられた。宮崎県系の人工種苗は系統群の名前の通り、宮崎県から石川県へ持ち込まれており、石川県内の河川に由来した系統群ではない。したがって、宮崎県系と熊木川水系のクラスターが一致したことは、宮崎県系の人工種苗が熊木川水系で過去に放流され、

今では定着した可能性が関係すると考えられる。

このほか、手取川、富来川および富来川支流の各野生集団では一部に複数のクラスター要素が入り混じる個体が見受けられるが、これらについてもクラスター1あるいはクラスター2の要素を持った個体については、犀川系あるいは富来川系の人工種苗の放流によって、各河川集団に遺伝子が浸透していることを示しているのかもしれない。降海型および河川残留型という2つの分岐を持つサクラマスは、その分布域において高緯度地域ほど降海型が出現する割合が高まり、反対に低緯度地域ほど河川残留型の割合が高くなるという地理的な傾向が認められる(大熊, 2002)。石川県においても降海型が確認されているが(橋, 2005)、降海型出現の南限域に近いことから(大熊, 2002)、石川県では河川残留型の割合が高い。実際に本研究で採集されたサクラマスは降海型サクラマスが1個体のみであり、ほとんどすべてが河川残留型であった。したがって、石川県においては、降海型は一回産卵であることに対して、河川残留型は複数回産卵であること(木曾・小坂, 1994)、また河川残留型の方が若齢で性成熟することなど理由から、遺伝子の浸透が促進されやすい可能性がある。

## (3) サクラマス資源の保全及び管理に向けて

サクラマスをはじめ、多くのサケ科魚類は漁業資源やスポーツフィッシングの対象としての価値を有した魚種である。特にサクラマスは河川上流部まで遡上するという生態特性から、かつては山間部で採集できる貴重なたんぱく源としても活用されていたという文化的な価値もある(橋, 2005)。以上のことから、サクラマスをはじめサケ科魚類については、資源量の確保が求められることは自明である。ただし、本研究が示すように、遺伝的な特性を無視した人工種苗の放流は在来の遺伝的構造を意図せず改変してしまう可能性がある。在来魚が持つ遺伝的構造は、生息地域への適応だけでなく、各地域集団が経験してきた歴史的背景や、将来の環境変動等への適応可能性をもはらんでいる(北西, 2021)。そのため、資源管理のためとはいえ、やむを得ず種苗放流が必要になる場合は、少なくとも日本魚類学会(2005)が提唱する生物多様性の保全をめざした魚類の放流ガイドラインを参照すべきである。

近年では、特にサクラマスについては、分断化されていた上流域への遡上の補助をすることで産卵環境が増加し、個体数が回復する見込みが報告されている(下田ら, 2019)。こういった生息地の回復は遺伝的な汚染を招かないという点だけでなく、海由来の栄養を上流や森林域に還流するという点で優れ

ている。今後の河川環境の改善が、サクラマスという貴重な水産資源を保全・増殖してゆく上でも重要である。

### 謝辞

本研究を進めるにあたり石川県内水面水産センター、石川県立自然史資料館、石川県三平クラブおよび各町の地域住民の方々にはサンプルや情報の収集に多大なるご協力をいただいた。このほか、環境科学科流域環境学研究室の大学院生および学生には現地調査を手伝っていただいた。以上の各位に深謝する。

### 引用文献

石川県農林水産部水産課. 2013. 石川県水産統計指標 平成24~25年.  
ト部浩一・藤原真・宮腰靖之・神力義仁・下田和孝・川村洋司・佐々木義隆・隼野寛史. 2013. 後志管内におけるサクラマス自然再生産個体群の現状について. 北水試研報 84: 39-45.  
大熊一正. 2002. サケ科魚類のプロファイル2 サクラマス.(独立行政法人さけ・ます資源管理センター発行) National Salmon Resources Center (NASREC) Newsletter SALMON さけ・ます資源管理センターニュース No.8 2002年2月.  
岡部正也・小松章博. 2012. 高知県奈半利川水系における在来アマゴの識別と個体群構造の推定. 水産増殖60: 89-97  
川那部浩哉・水野信彦(編). 1989. 日本の淡水魚, 156-168. 山と溪谷社.  
木曾克裕・小坂淳. 1994. 三陸地方南部の河川における河川残留型サクラマス雌の多回繁殖. 水産増殖. 42:71-77.  
北西滋・向井貴彦・山本俊昭・田子泰彦・尾田昌紀. 2017. サクラマス自然分布域におけるサツキマスによる遺伝的攪乱. 日本水産学会誌. 83: 400-402.  
北西滋. 2021. サクラマスにおける個体群の遺伝的構造と個体群間の遺伝的交流. SALMON情報 No.15 2021年3月. 国立研究開発法人水産研究・教育機構 北海道区水産研究所.  
佐藤正人・菊池賢一・坪井潤一. 2016. サクラマス雄の生活史型と産卵環境および発眼卵の関係. 日本水産学会誌. 82: 581-586.  
下田和孝・ト部浩一・川村洋司. 2019. 魚道設置後のサクラマス資源の増加過程. 日本水産学会誌. 85: 305-313.  
水産総合研究センター北海道区水産研究所. 主な道県別の事業実績. < <http://salmon.fra.affrc.go.jp/zousyoku/result/result.htm> >. 2016年2月3日参照.  
鈴木研一・小林敬典・松石隆・沼知健一. 2000. ミトコンドリアDNAの制限酵素切断型多型解析から見た北海道内におけるサクラマスの遺伝的変異性”. 日本水産学会誌. 66: 639-646.

田子泰彦. 2002. サクラマス生息域である神通川へのサツキマスの出現. 水産増殖 50: 137-142.  
橘礼吉. 2005. 手取川源流域におけるマス・イワナ漁について—奥山人の溪流資源の利用例—その1. 石川県白山自然保護センター研究報告. 32: 55-66.  
日本魚類学会. 2005. 生物多様性の保全をめざした魚類の放流ガイドライン. < <https://www.fish-isj.jp/iin/nature/guideline/2005.html> >. 2021年9月21日参照.  
野口大毅・池田実・中嶋正道・谷口順彦. 2003. サクラマス集団解析のためのマイクロサテライトDNAマーカーの開発とその特性について. 水産育種. 33: 61-66.  
野口大毅・谷口順彦. 2007. マイクロサテライトDNAマーカーによるサクラマスの遺伝的多様性と集団の遺伝的分化. 水産増殖. 55: 521-527.  
福島路生. 2005. ダムによる流域分断と淡水魚の多様性低下—北海道全域で過去半世紀のデータから言えること. 日本生態学会誌. 55: 349-357.  
真山紘. 1992. サクラマス*Oncorhynchus masou*(Brevoort)の淡水域の生活および資源培養に関する研究. 北海道さけ・ますふ化場研究報告. 1-156.  
森田健太郎・山本祥一郎. 2004. ダム構築による河川分断化がもたらすもの～川は森と海をつなぐ道～.(前川光司編)サケ・マスの生態と進化, pp. 281-312. 文一総合出版, 東京.  
Earl, D.A. and vonHoldt, B.M. 2012. STRUCTURE HARVESTER: a website and program for visualizing STRUCTURE output and implementing the Evanno method. Conservation Genetics Resources. 4:359-361.  
Evanno, G., Regnaut, S. and Goudet, J. 2005. Detecting the number of clusters of individuals using the software STRUCTURE: a simulation study. Mo Ecol. 14: 2611-2620. <https://doi.org/10.1111/j.1365-294X.2005.02553.x>  
Kitanishi, S., Yamamoto, T. and Higashi, S. 2009. Microsatellite variation reveals fine-scale genetic structure of masu salmon, *Oncorhynchus masou*, within the Atsuta River. Ecol Fresh Fish. 18: 65-71  
Olsen, J.B., Wilson, S.L., Kretschmer, E.J., Jones, K.C., Seeb, J.E., 2000. Characterization of 14 tetranucleotide microsatellite loci derived from sockeye salmon. Mol Ecol. 9: 2185-2187.  
Peakall, R., Smouse, P.E. 2006. GENALEX 6: genetic analysis in excel. Population genetic software for theaching and research. Mol Ecol Notes 6: 288-295. <https://doi.org/10.1111/j.1478286.2005.01155.x>  
Pritchard, J.K., Stephens, M. and Donnelly, P. 2000. Inference of population structure using multilocus genotype data. Genetics. 155:945-959.  
Rodriguez, F., Rexford, C. E. and Palti, Y. 2003. Characterization of twenty-four microsatellite markers for rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*). Mol Ecol Notes. 3: 619-622.

# **Genetic Population Structure of Masu Salmon *Oncorhynchus masou masou* in Ishikawa Prefecture : Effects of Artificial Stocking Fish**

Kitaichi, Hitoshi (Department of Environmental Sciences, Ishikawa Prefectural University,  
Graduated in fiscal 2015 / Ishikawa prefecture Hakusan Nature Conservation Center)

Nakayachi, Osamu (Research Institute for Bioresources and Biotechnology, Ishikawa Prefectural University)

Yanai, Seiji (Department of Environmental Sciences, Ishikawa Prefectural University)

## **Abstract**

The genetic population structure of Masu salmon (*Oncorhynchus masou masou*) was investigated by using 10 microsatellite loci among a total of 165 fish representing 10 populations collected from Ishikawa prefecture and 4 populations for artificial stocking from the fisheries experiment station of Ishikawa prefecture in 2015. As a result, expected heterozygosity showed that 8 of 10 populations of Masu salmon have high genetic diversity (He: 0.709 – 0.880). An assignment test revealed that Masu salmon populations were divided into 3 genetically distinct groups: the Noto region, Kaga-region, and artificial stocked groups. The cluster analysis demonstrated a hierarchical structure in the Noto region cluster, suggesting that the release of artificial stocking fish artificially created the cluster. Therefore, it is considered that the wild Masu salmon population in Ishikawa Prefecture may have been genetically disturbed by the release of artificial stocking fishes in the past.

Key words : masu salmon / *Oncorhynchus masou masou* / artificial stocking fish / genetic population structure / microsatellite DNA