

2024年宮川アマゴ調査の結果 —個体数と遺伝的特徴—



三重大学大学院 生物資源学研究科
河村功一

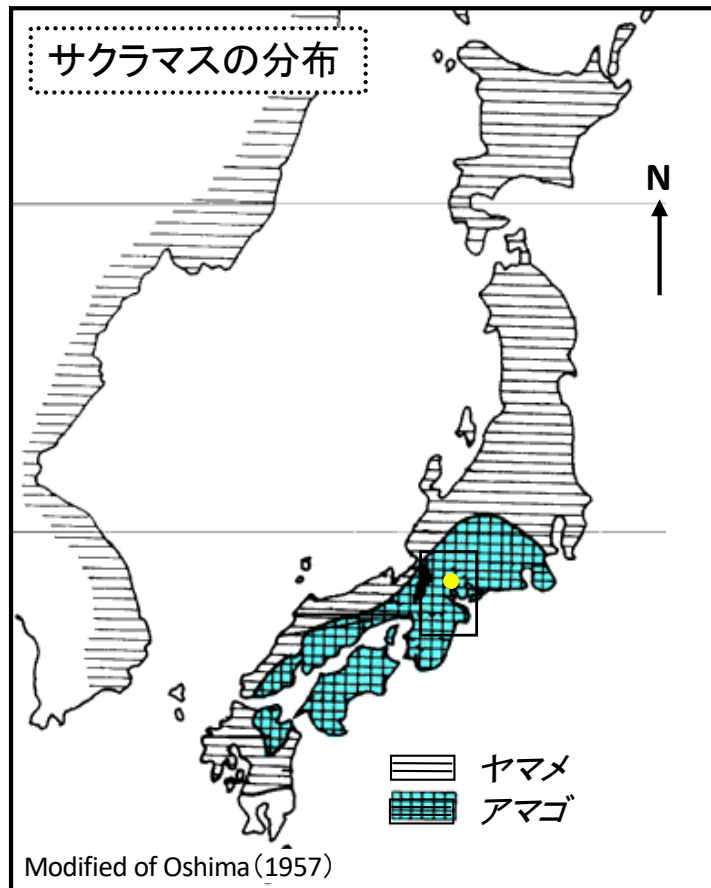
はじめに

昨年、大台町生物多様性協議会と共同で行った
犁（カラスキ）谷のアマゴの個体数推定と宮川
上流域のアマゴの遺伝的特徴調査の結果につい
てお話しします。



アマゴ *Oncorhynchus masou ishikawae*

- サケ科サケ属の一亜種、サクラマス（ヤマメ） *O. masou*の日本固有亜種
- ヤマメとは体側部の朱点の有無で識別
- 日本各地で遊漁を目的とした種苗放流が存在



ヤマメ（サクラマスの陸封型）



サクラマス

※台湾には亜種としてサラマオマスが生息

背景と目的

犁（カラスキ）谷は2026年12月31日まで禁漁区に指定

犁谷におけるアマゴの状況

2020年 親魚放流

2020年から現在まで禁漁

2023年6、9月エレクトリックショッカーによる

捕獲調査

→121個体、50個体

10月 潜水による目視調査 →241個体



(大台町生物多様性協議会事務局：大杉谷自然学校による調査)

長期的な在来個体群の保全と資源管理を考える上で、遺伝情報が必要
しかしながら

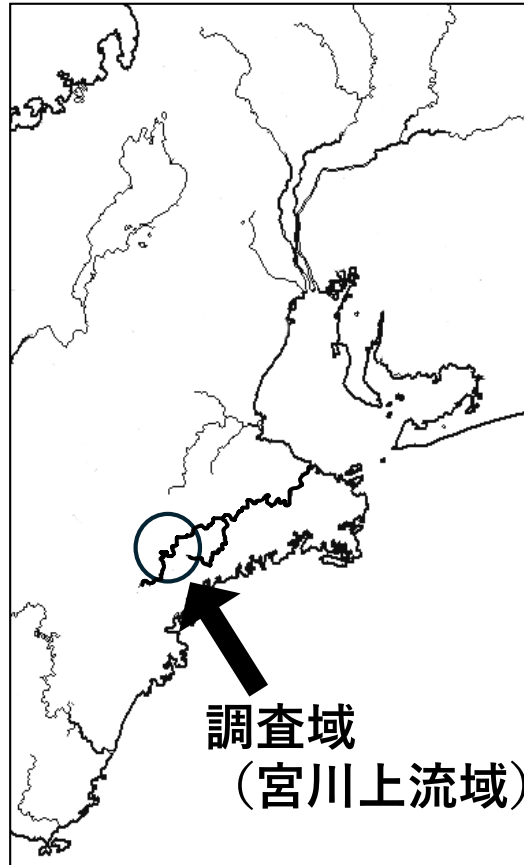
犁谷のアマゴの遺伝的特徴についての情報はない



目的 I 犁谷における遺伝的多様性の評価、個体数推定

背景と目的

宮川上流域におけるアマゴの現状



放流は宮川上流域由来の種苗のみを使用

➡ 宮川水系上流域独自の遺伝的特徴を保有

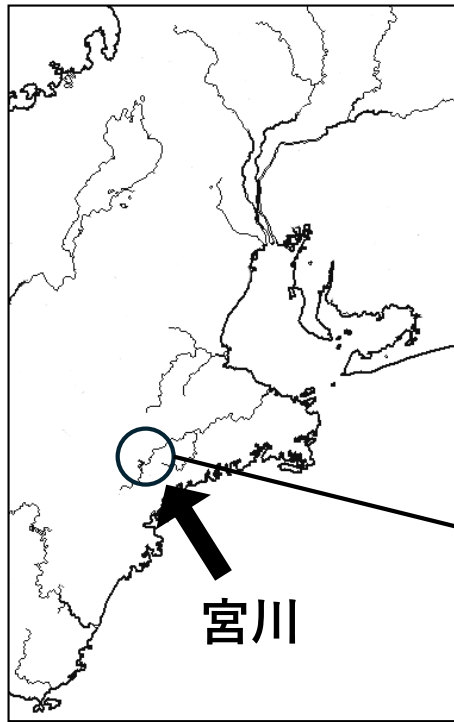
2007年まで遺伝的特徴の調査を行っていたが、それ以降の調査は無し。



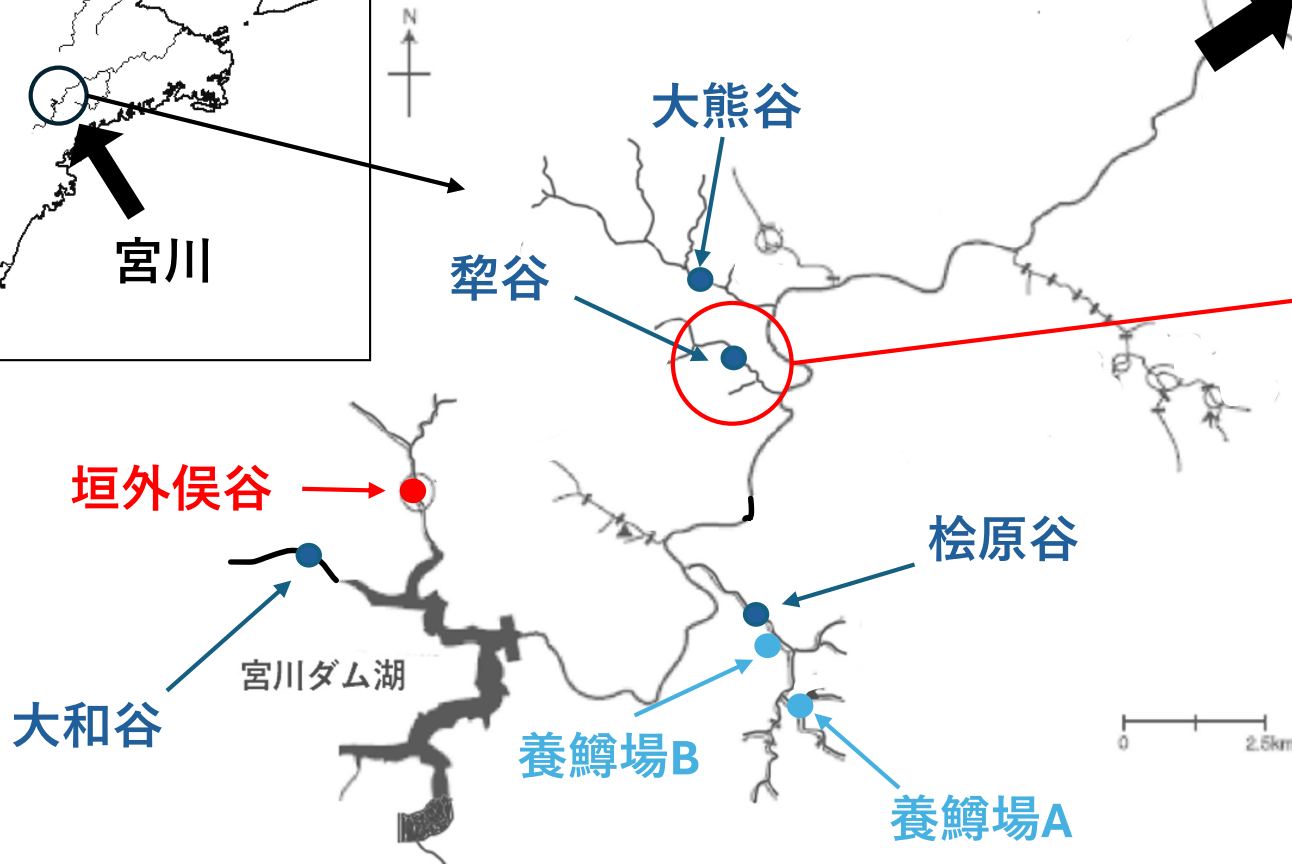
目的Ⅱ

宮川上流域におけるアマゴの遺伝的特徴の再調査

調査地の概要



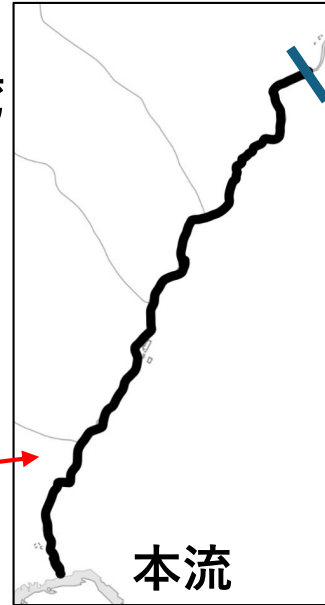
赤：在来集団（放流履歴なし）
青：在来集団（放流履歴あり）
薄青：養鱒場



犁谷

伊勢湾

堰堤



調査区間は
本流との合流地点
から堰堤までの1.3km
捕獲個体数を調査

調査方法

カラスキ→エレクトリーショッカーを用いて採集
その他→釣りで採集、養鱒場から提供（計105個体）

分析方法

鱒組織からDNAを抽出

mtDNA分析
(ND1領域 975bp)

PCR
シーケンス解析
(MEGA-XI)

ハプロタイプ
ネットワークの作成
(PopART)

核DNA：SNP分析

MIG-seq法による
SNPs 検出

- ・ 遺伝的集団構造の推定
(Structure v.2.3.4)
- ・ 主成分分析
(R-adeqenet package)
- ・ 遺伝的多様度の評価
(π , アリルリッチネス)

標識再補調査
(2024年6月, 9月)

1回目の捕獲調査

尾鰭を切る

放流
1週間程度あける

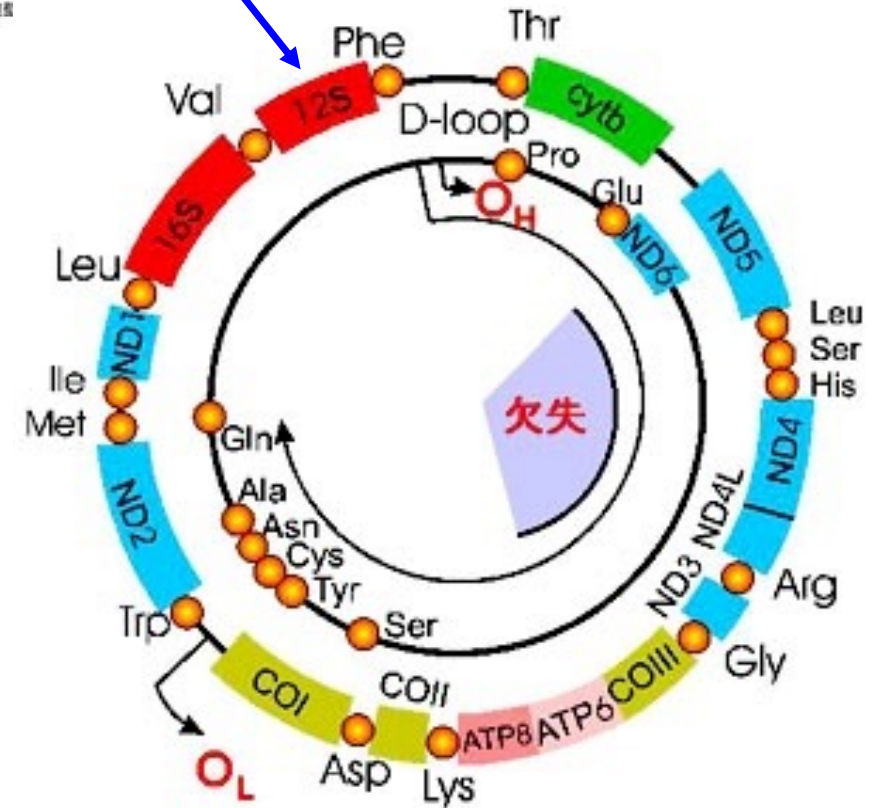
2回目の捕獲調査

再捕率により
生息個体数を推定
(ピーターセン法)

ミトコンドリアDNA(mtDNA)とは？



1. ミトコンドリアの中に特異的に存在するDNA
2. 環状構造(loopを形成)
3. 長さ: 16,000~17,000塩基

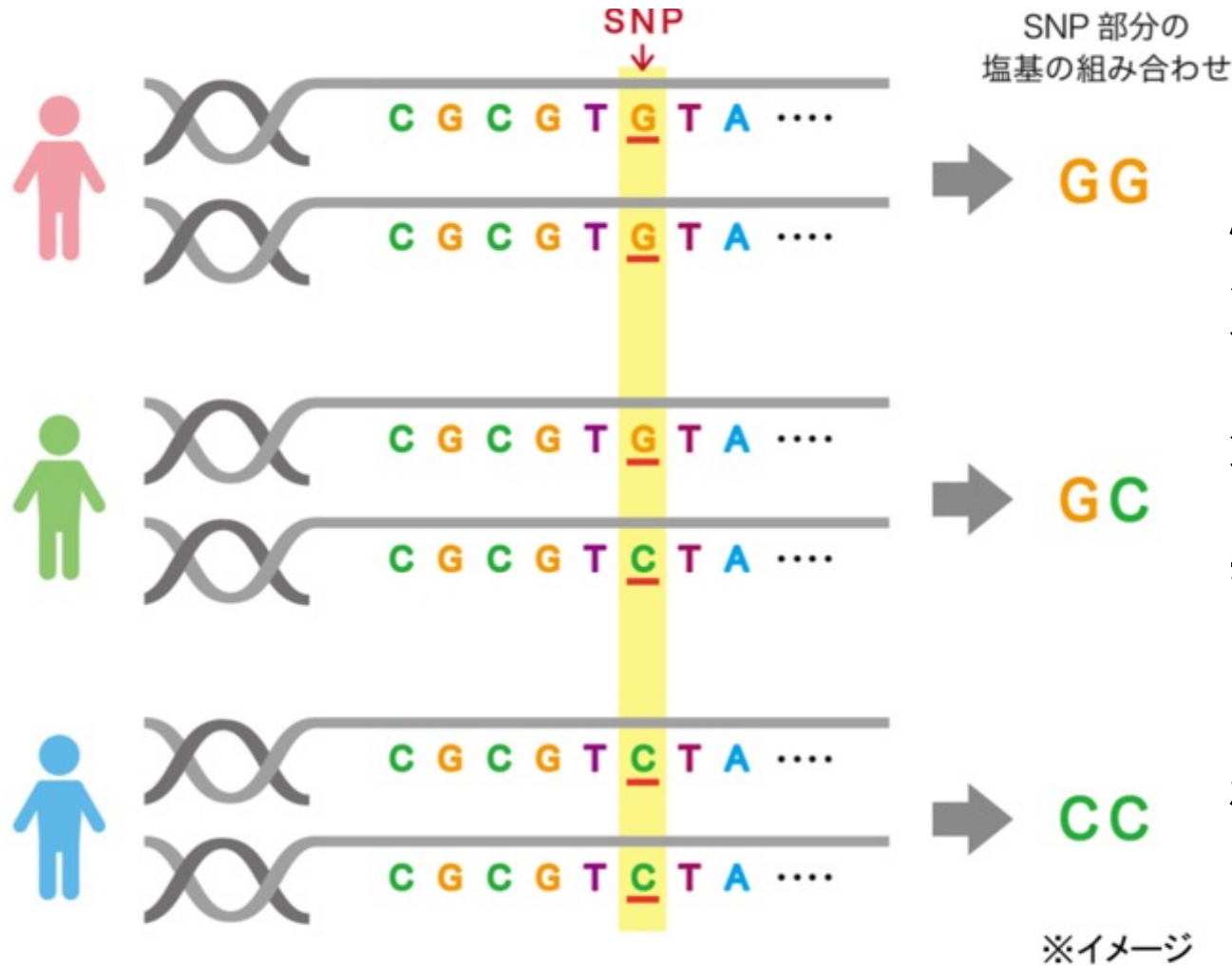


DNAには3種類ある！

1. 核DNA
2. ミトコンドリアDNA(ミトコンドリアの中に存在)
3. 葉緑体DNA(植物の葉緑体の中に存在)

ミトコンドリアDNAと葉緑体DNAは母親由来(母系遺伝)

SNP (DNA1塩基多型解析) とは？



原理

次世代シーケンサーを用いてゲノム解読を行い、多量のSNPを検出し、個人ならびに集団レベルで解析を行う

長所

- 1) 共優性マーカー
- 2) データ量が膨大
- 3) DNAの状態が低くても分析可能 (マイクロサテライトと異なる)

個人間でDNAの塩基配列はほとんど同じだが、一塩基だけ異なっている部分がある(SNP)。ヒトのゲノム(30億個)の中には、このような箇所が約1000万箇所あると推定されている。

結果：個体数推定

犁谷の個体数（Petersen法）

6月

1回目 84尾



推定：606.7尾

2回目 65尾（9尾再捕）

（95%信頼範囲：343-1140）

9月

1回目 36尾



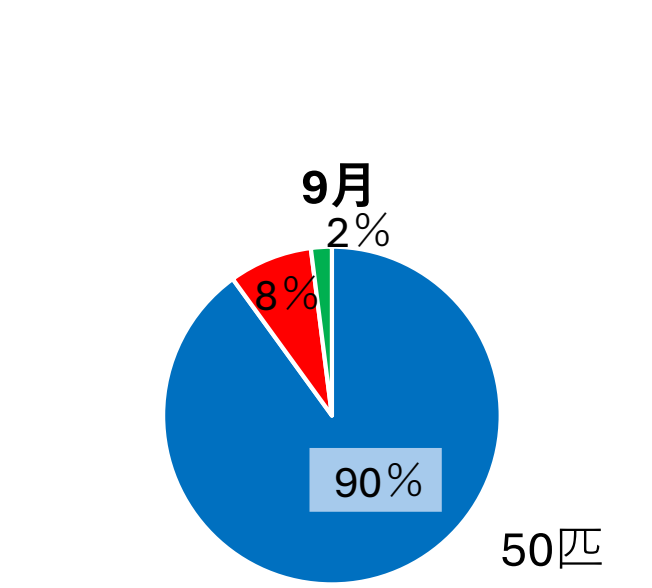
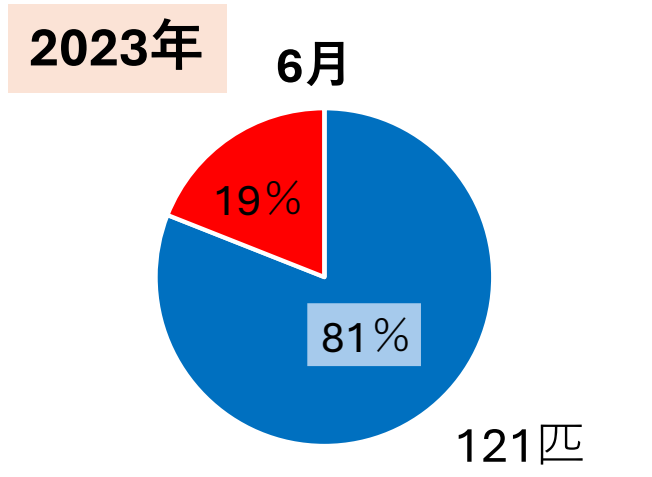
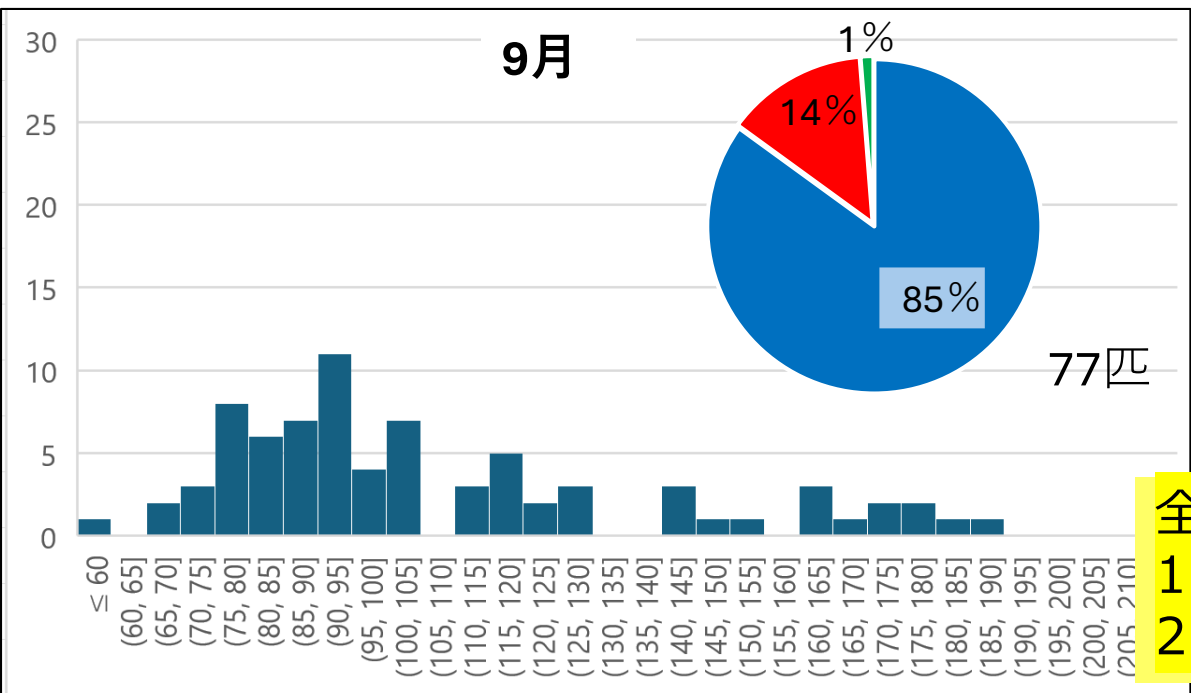
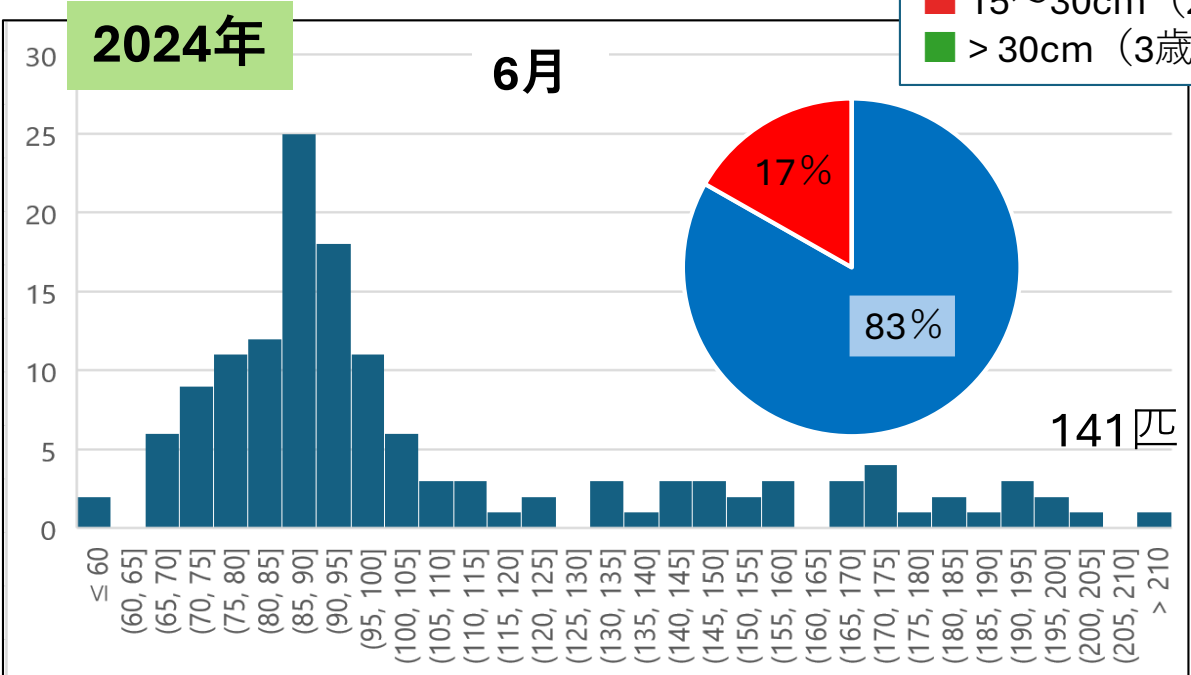
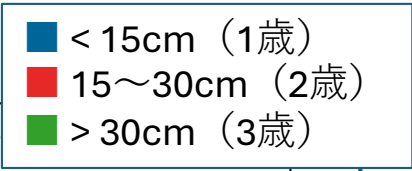
推定：528尾

2回目 44尾（3尾再捕）

（95%信頼範囲：195-1565）

個体数は、ほぼ同じ（500～600匹程度）

結果：捕獲個体の体長組成

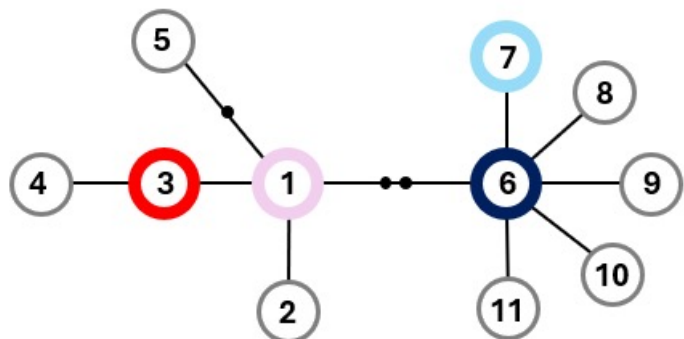


全体的な特徴

1. 体長組成に殆ど違いが見られず
2. 8割以上が1歳魚

結果：mtDNAからみた宮川上流域のアマゴの遺伝的特徴

紀伊半島におけるアマゴのハプロタイプネットワーク

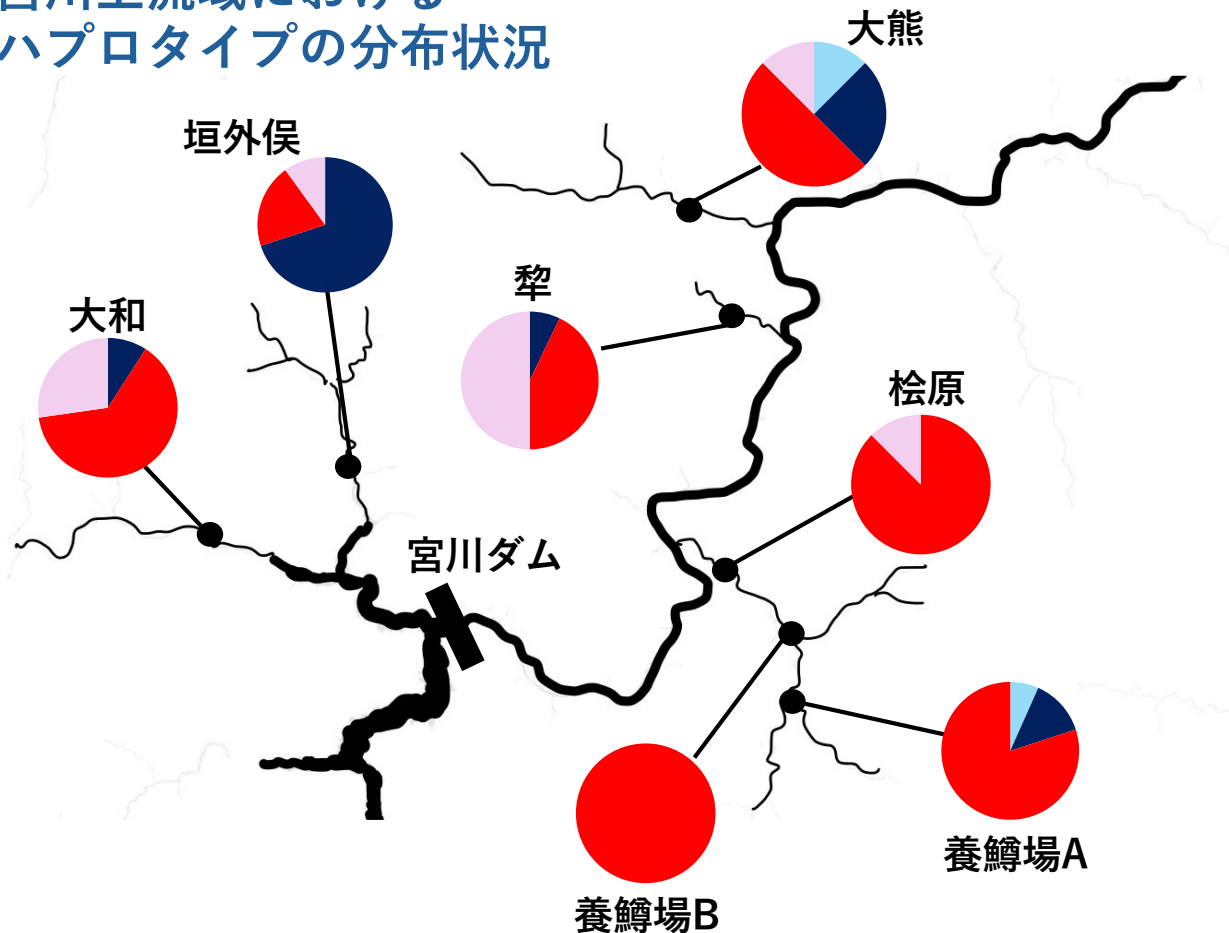


本研究で確認された
4ハプロタイプ (1,3,6,7)



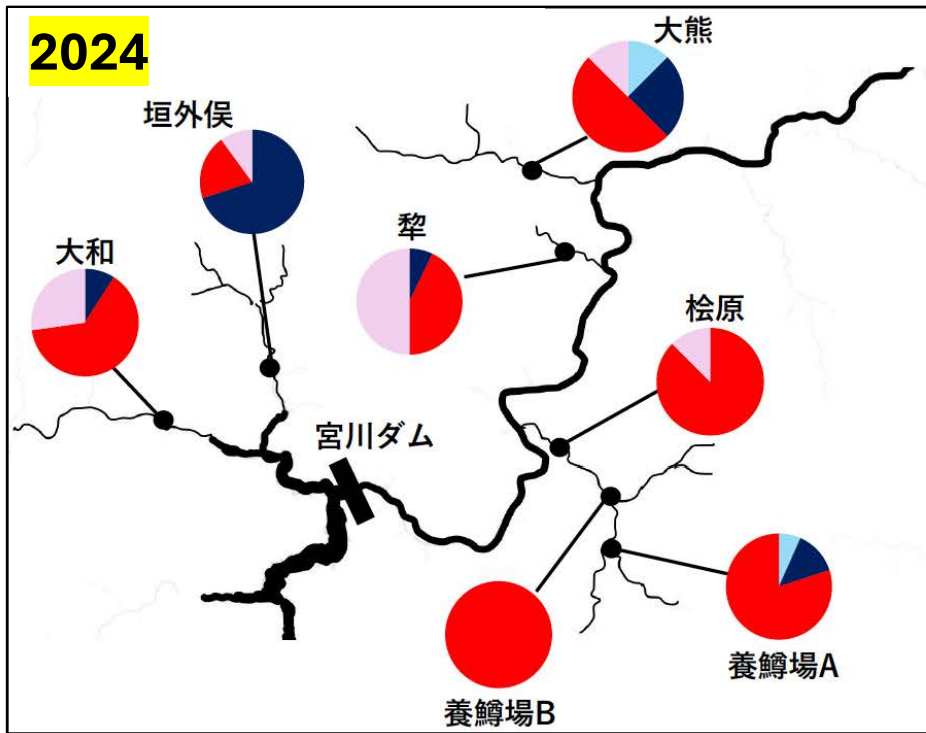
先行研究 (宮川上流域) と同じ

宮川上流域におけるハプロタイプの分布状況

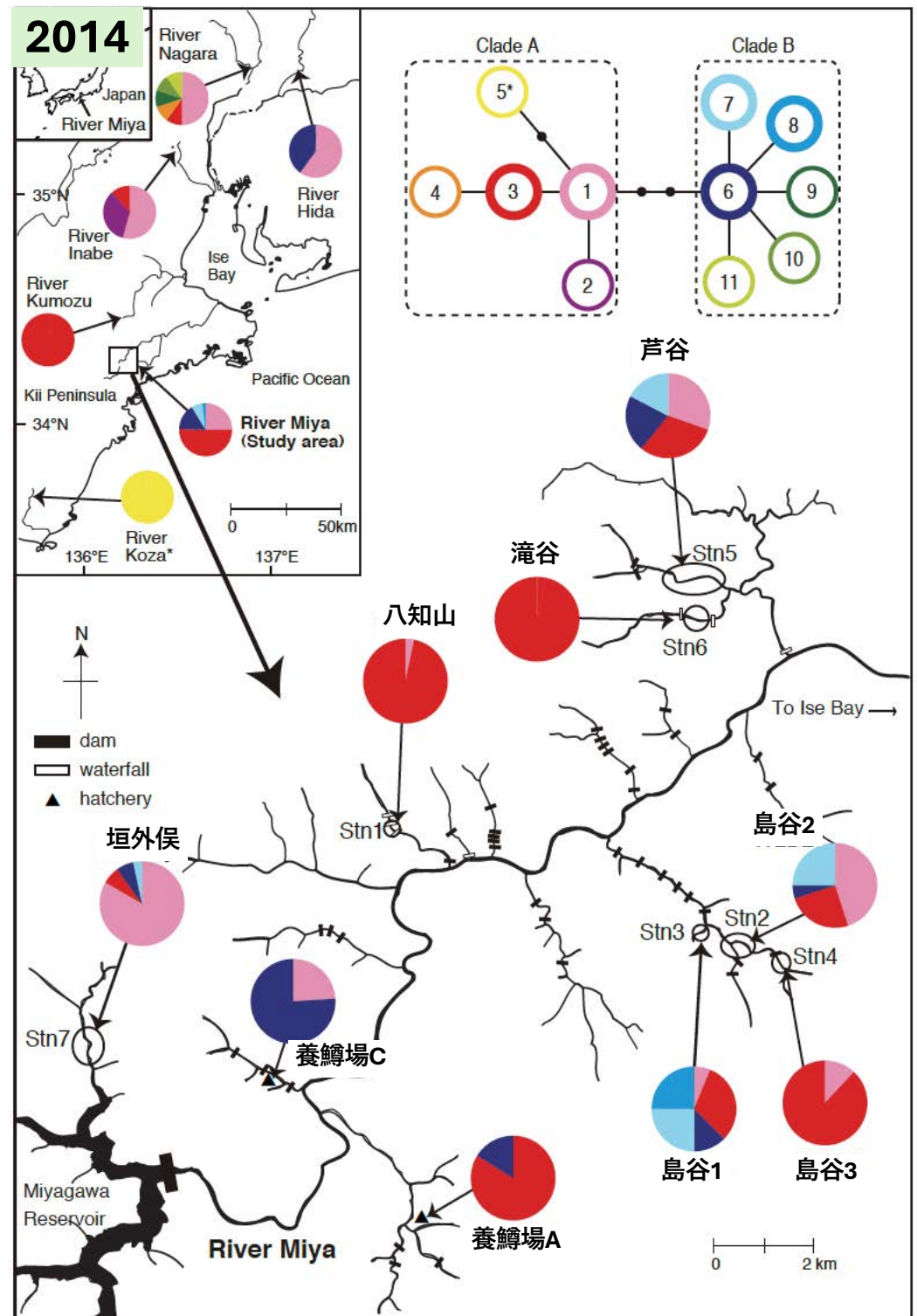


- ・ **ハプロタイプ3** が全体の68%を占める
- ・ 犁谷は養鱒場で見られない**ハプロタイプ1**が多い
- ・ 養鱒場Bのハプロタイプ多様性は0 ($h=0$)

過去（2014）の結果との比較

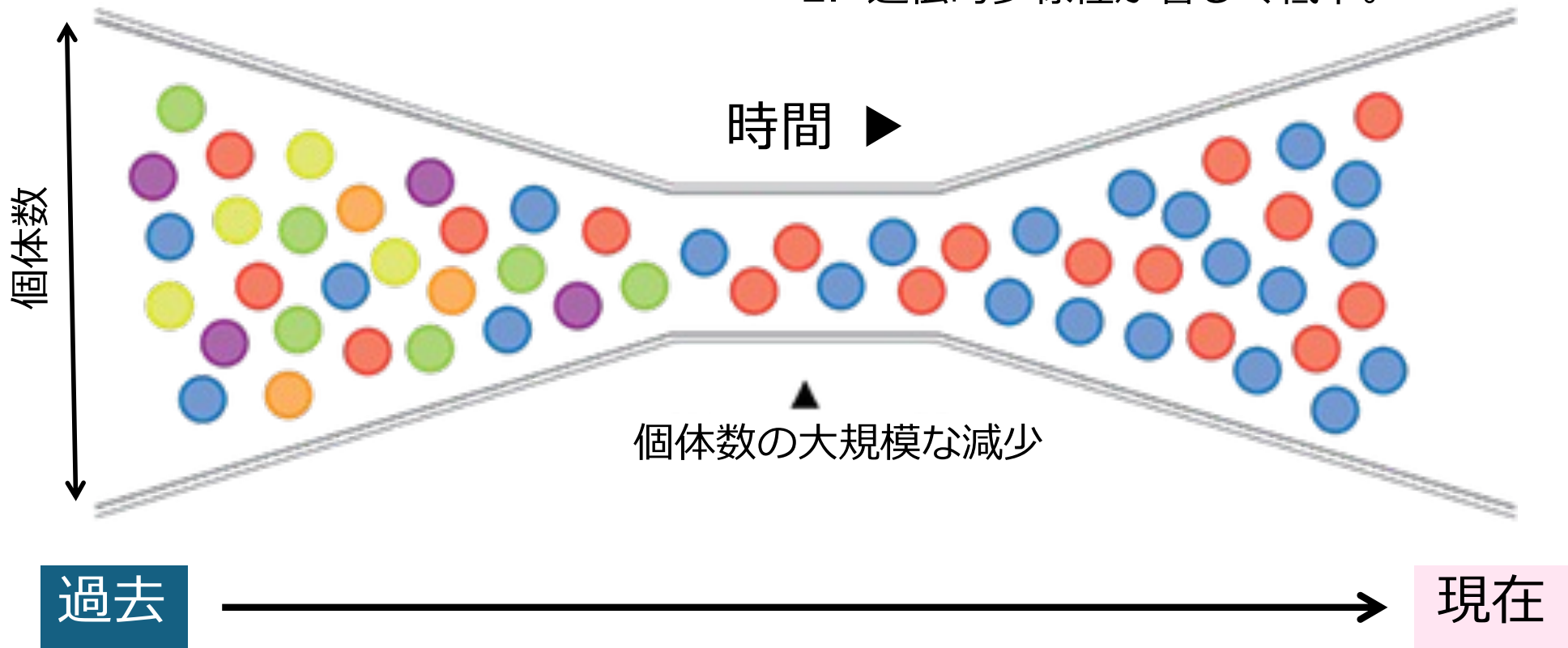


1. ハプロタイプの数と同じ
2. 垣外俣の頻度組成は大幅に変化
→ 個体数が大きく変動（ビン首効果！）



ビン首効果とは

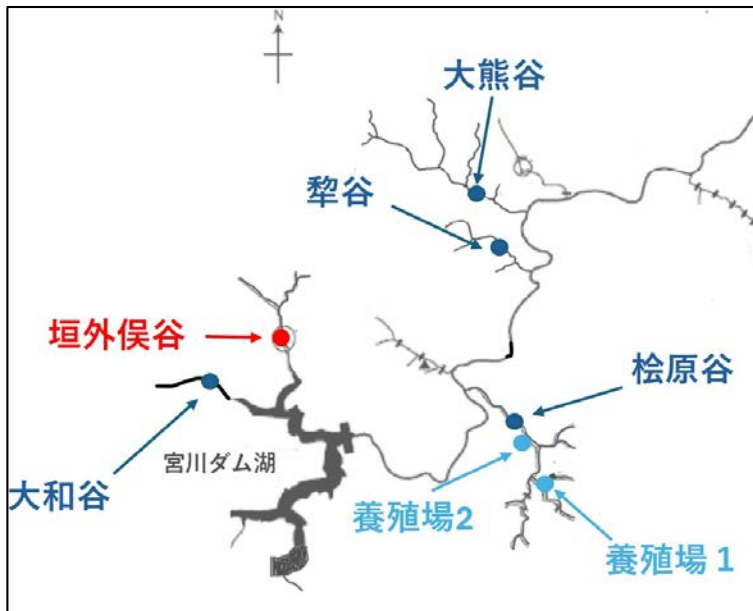
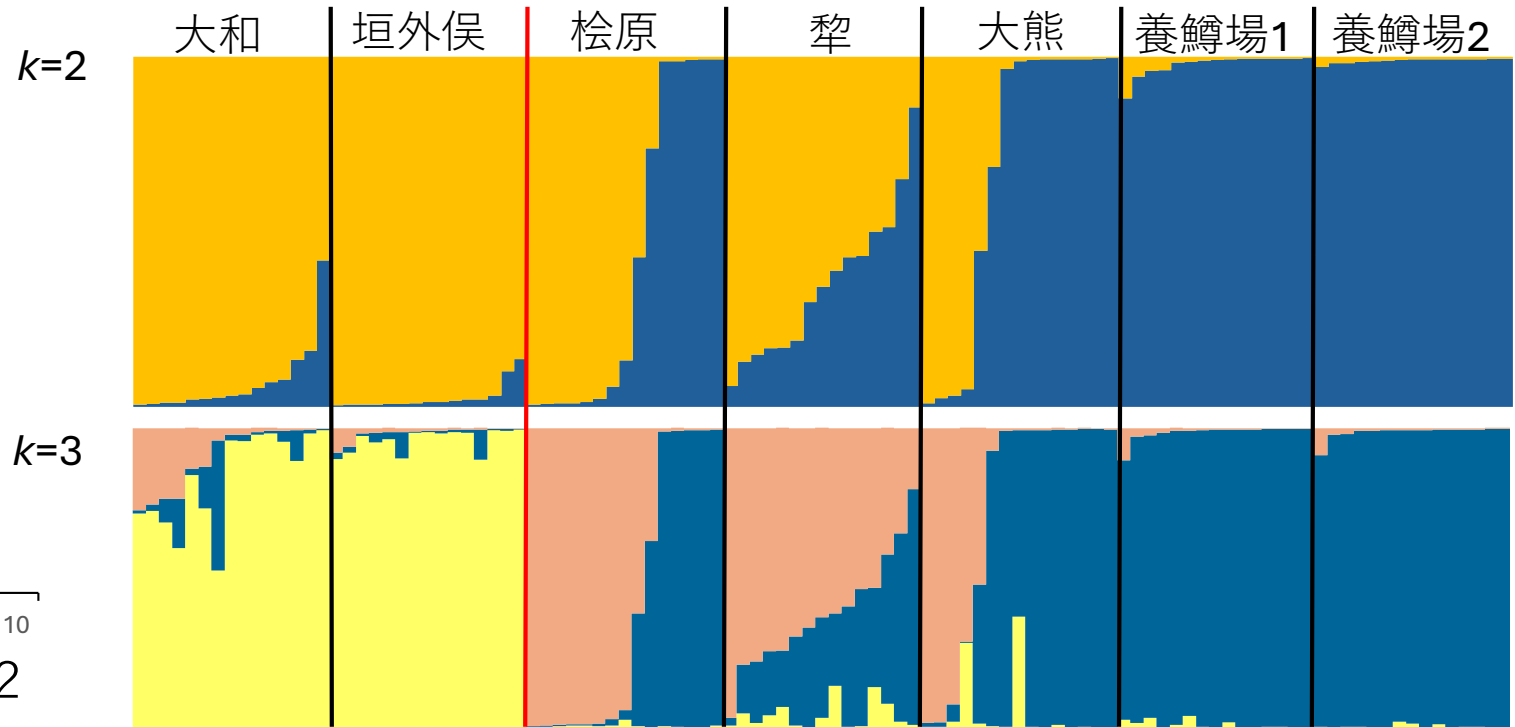
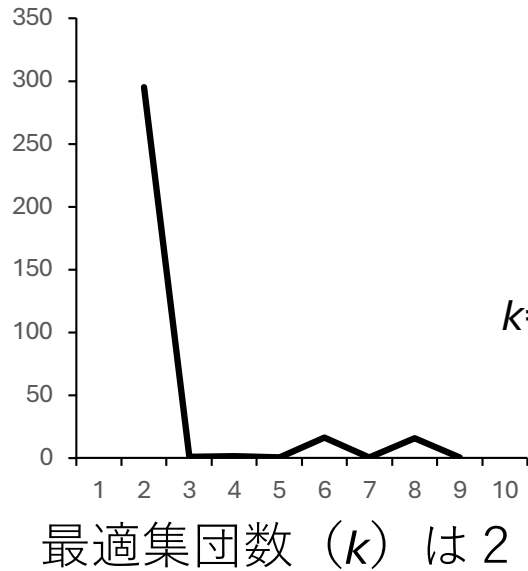
1. 減少前と減少後で遺伝子組成異なる。
2. 遺伝的多様性が著しく低下。



ビン首効果：個体数の急激な減少により遺伝的特徴が大きく変化

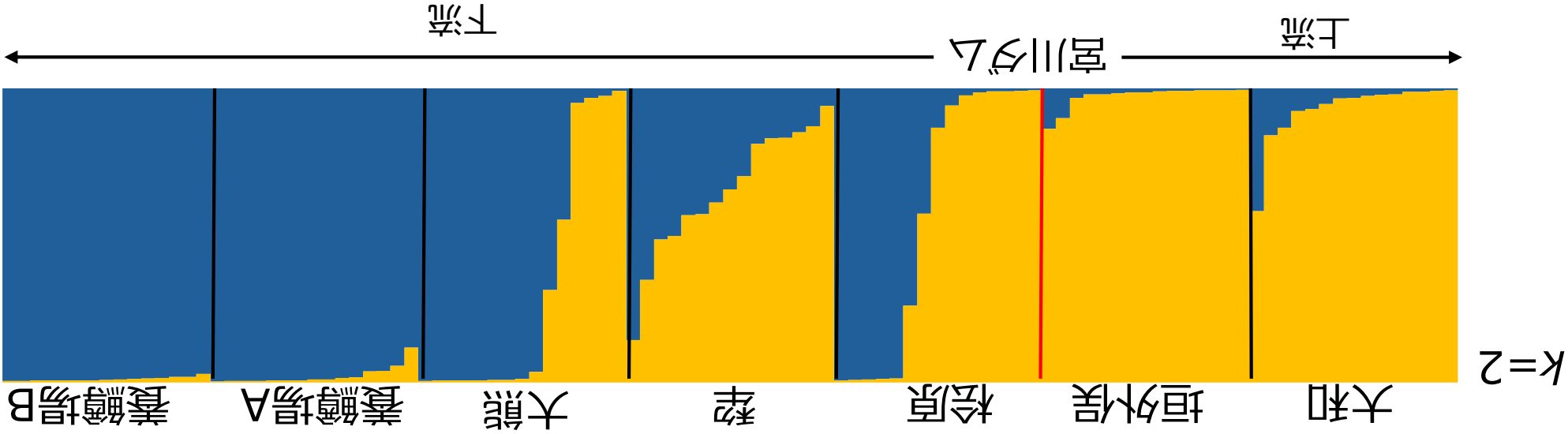
結果：SNPから見た宮川上流域のアマゴの遺伝的集団構造

分析個体数：105匹



アサイメントテスト（交雑解析）の結果
*各色は集団のゲノムを表す

宮川上流域の遺伝的集団構造 (SNP)



垣外俣谷・大和谷は養鱒場と明瞭に分離



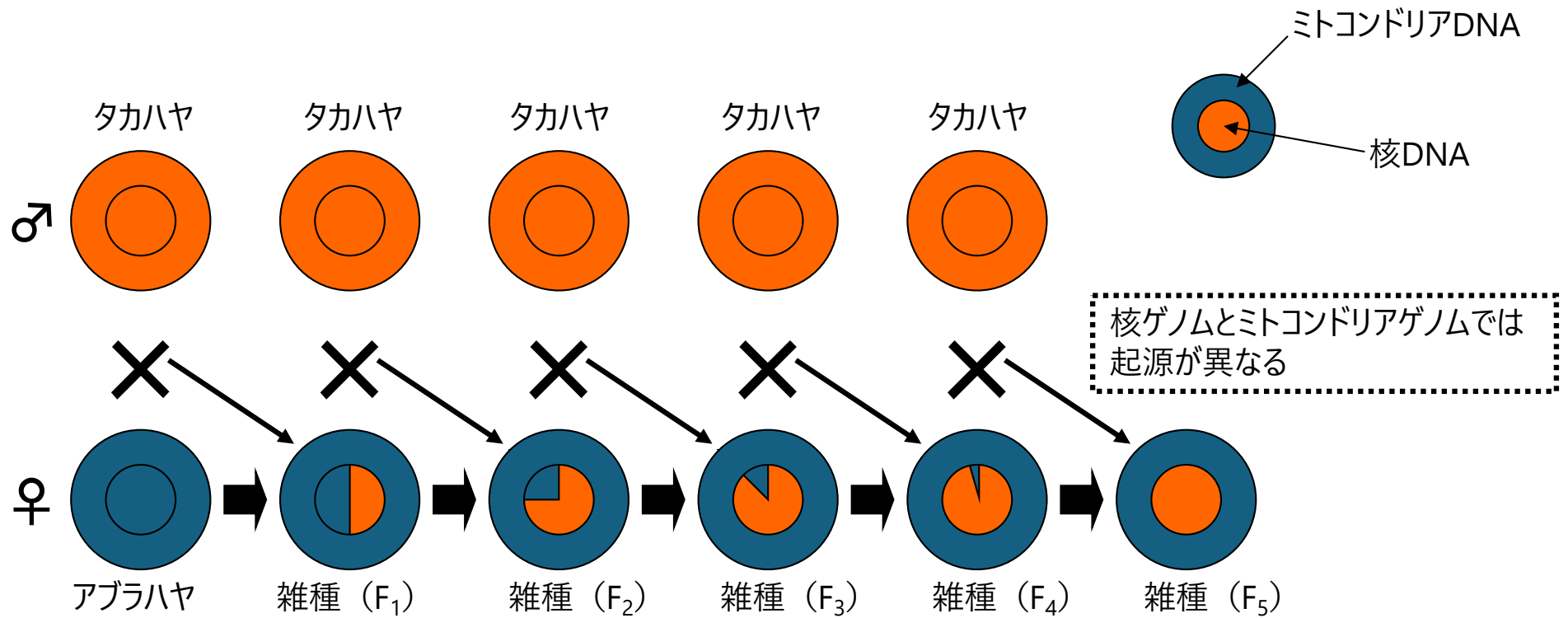
青色は養殖個体、黄色は天然個体のゲノムを表している可能性

大和谷・垣外俣谷：ほぼ全て天然個体で構成

松原谷・大熊谷：天然個体と養殖個体が存在（雑種は少ない）

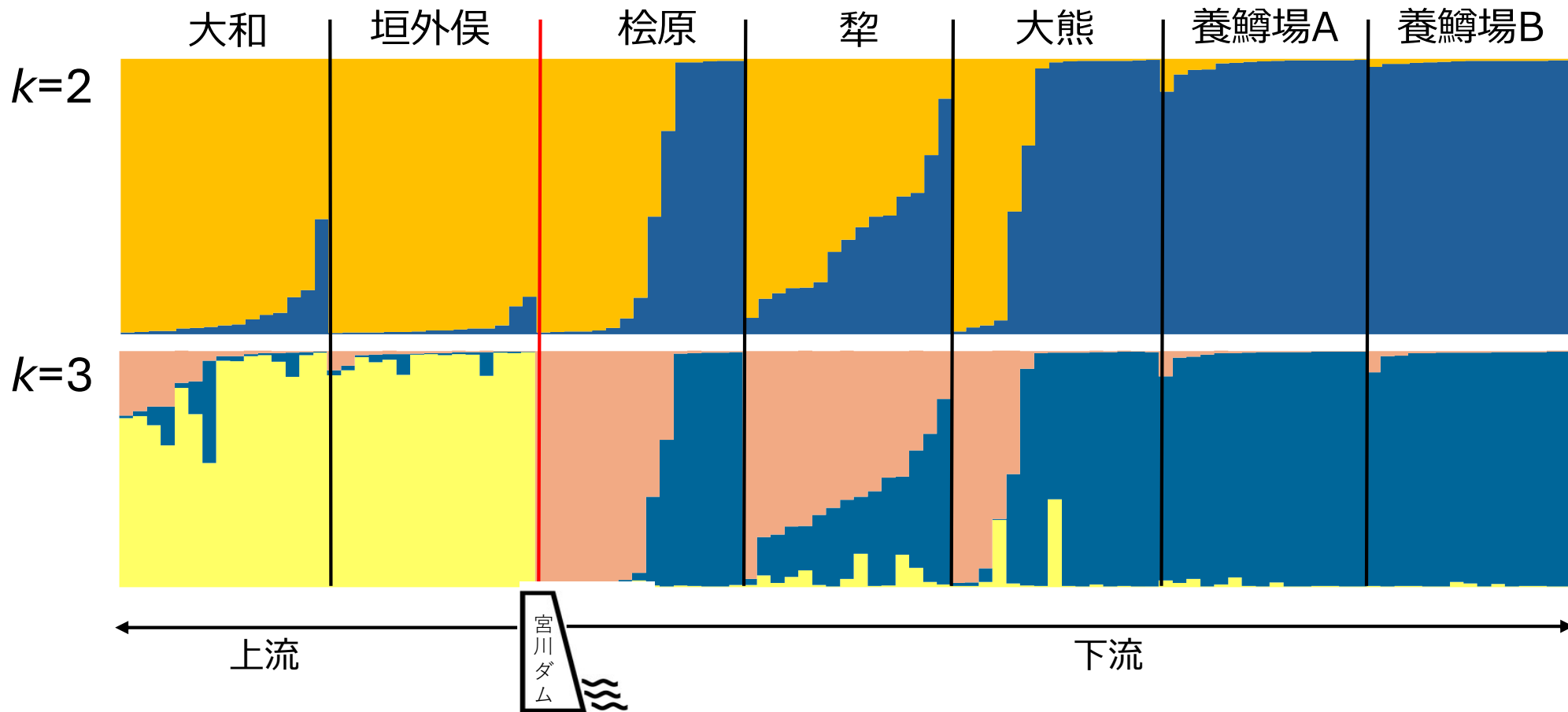
犁谷：多くの個体が天然個体と養殖個体の交雑個体（長期に渡る交雑の結果？）

戻し交雑とは？



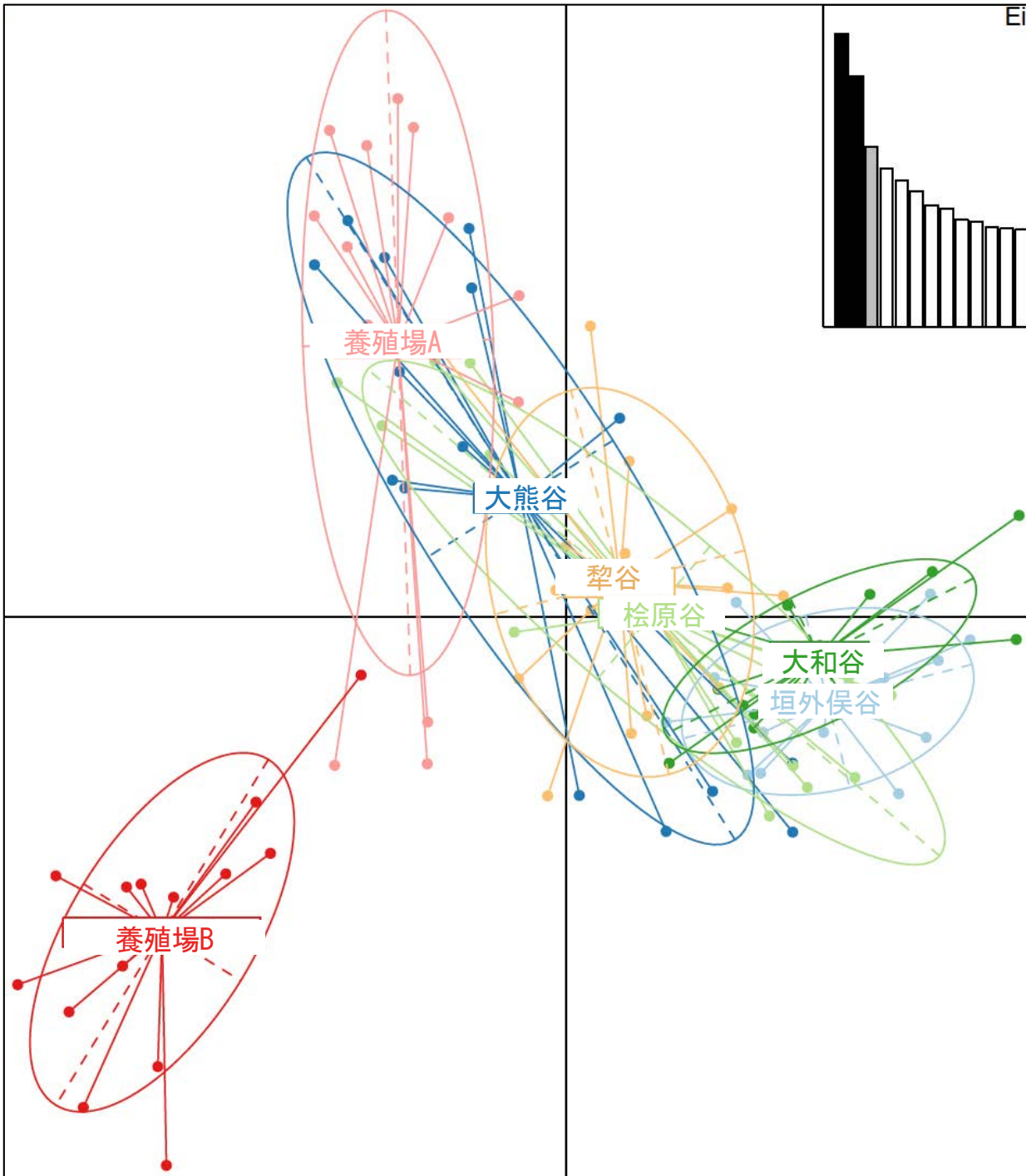
戻し交雑のイメージ

宮川上流域の遺伝的集団構造 (SNP)



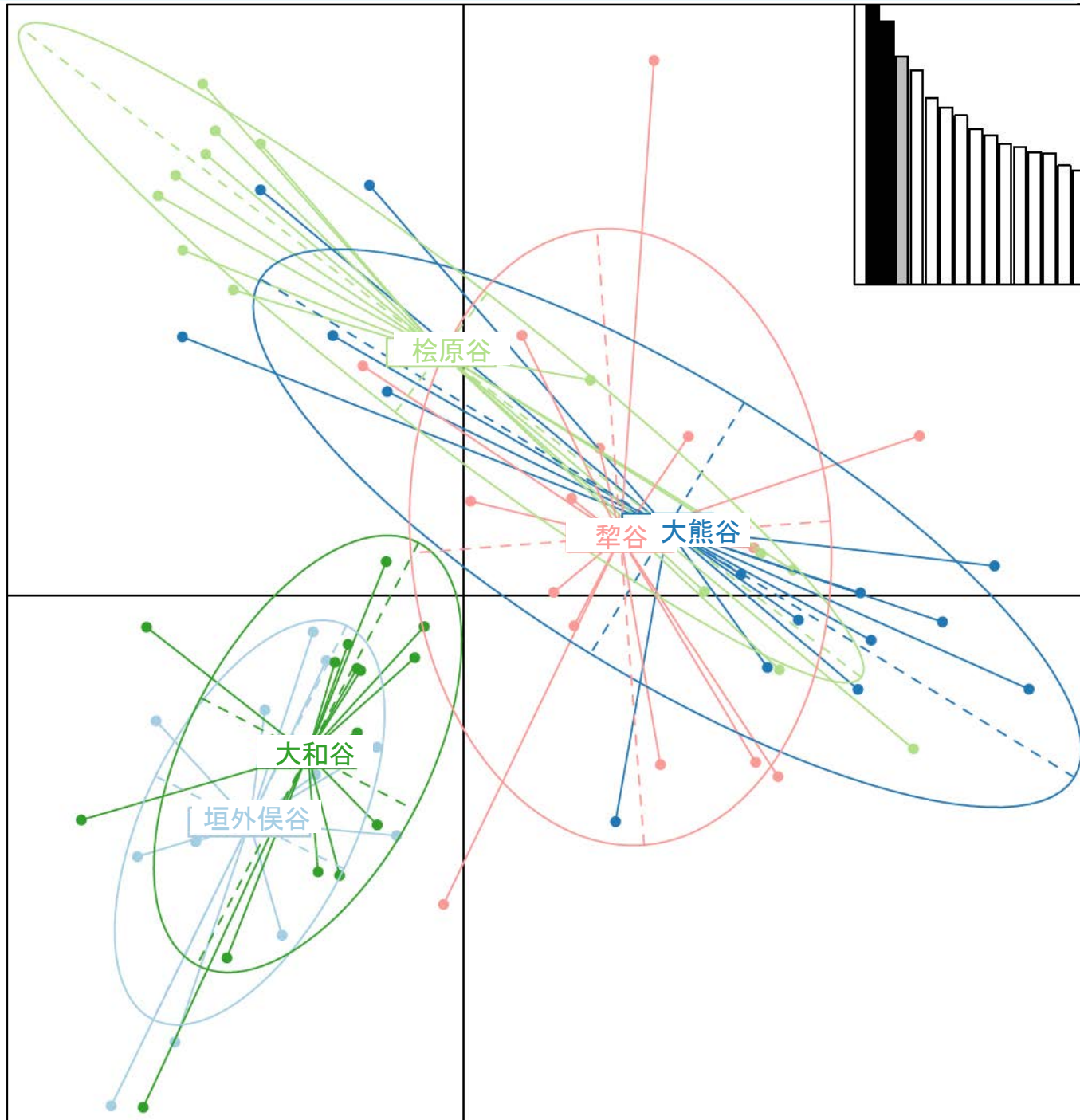
k=3では、宮川ダムを境に在来魚が2系統に分かれる
(ダムを境として遺伝的特徴がやや異なる)

SNP情報を用いた主成分分析（全個体）



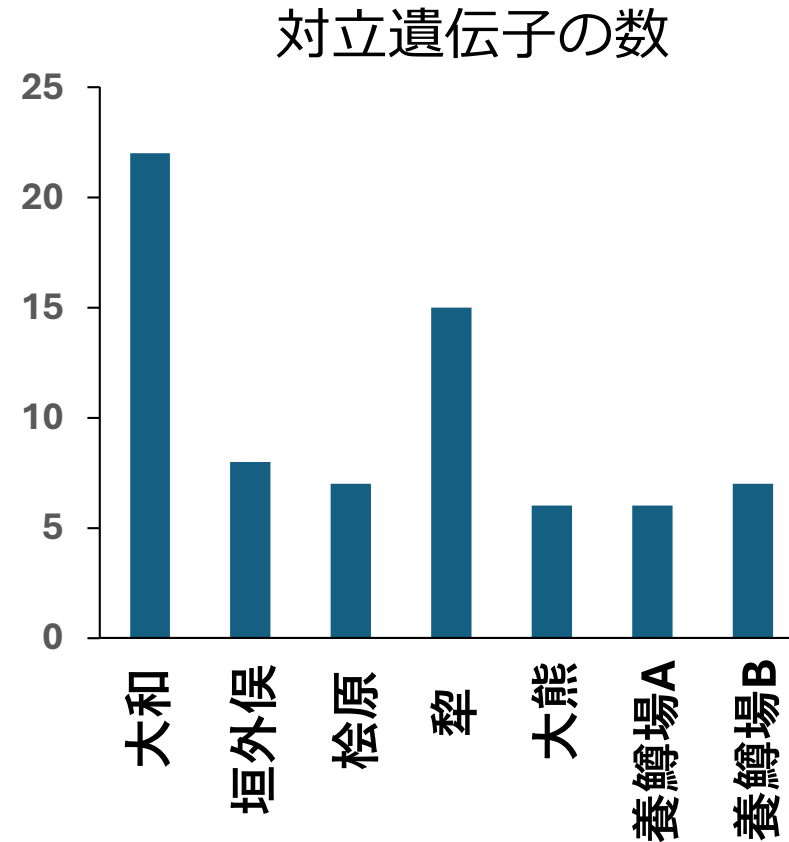
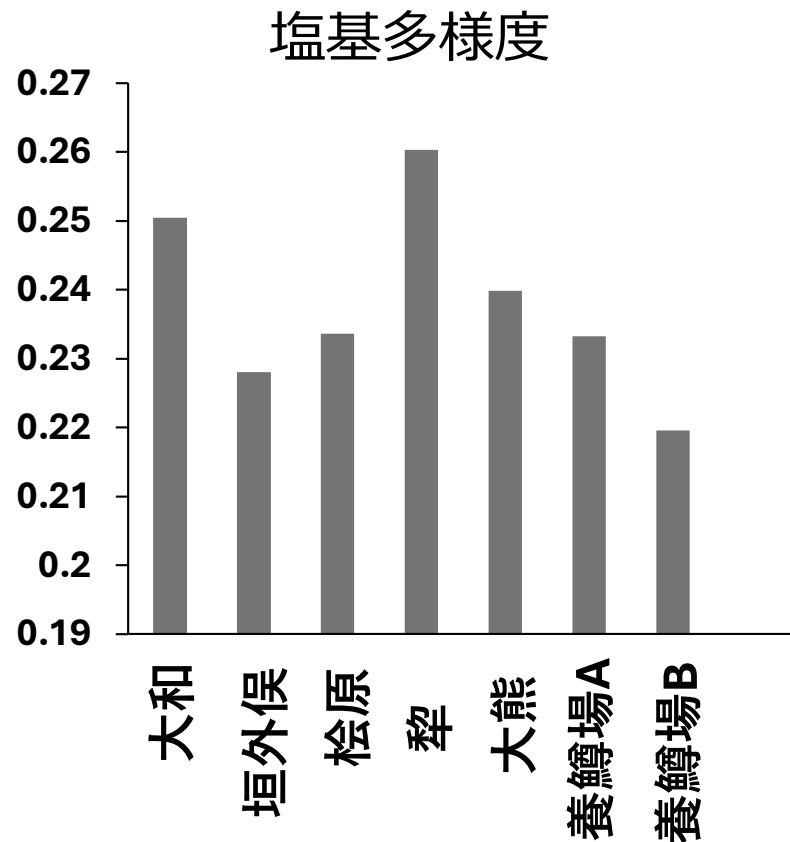
養殖場Bは遺伝的特徴が他集団と大きく異なる

SNP情報を用いた主成分分析（野外集団のみ）



- 1) 宮川ダムの上と下ではやや異なる
- 2) 垣外俣谷と大和谷は遺伝的に近い
- 3) 犁谷と大熊谷は遺伝的に近い

SNP情報を用いた遺伝的多様性の評価

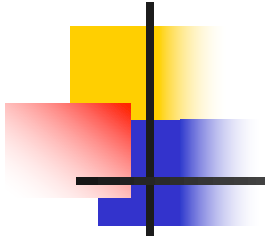


犁谷と大和谷は遺伝的多様性が高く、養殖場は低い

理由

犁谷：在来個体と放流個体の交雑による

大和谷：在来個体の遺伝的特徴がよく残っている（個体数が多い）



集団における遺伝的多様性の重要性

—なぜ、遺伝的多様性が重要なのか？—

適応進化という観点から見ると、集団の持つ遺伝的多様性の意義は、

1. 進化の原動力（自然選択は表現型の変異に対して働く）

※自然選択は集団レベルではなく、個体レベルで働くので、遺伝的多様性の高い集団は進化速度が高い

2. 環境の変化、病気に対する対応（耐病性）能力

※遺伝的多様性の低い集団は環境の変化に弱い

3. 繁殖適応度（子供を残す能力）の維持

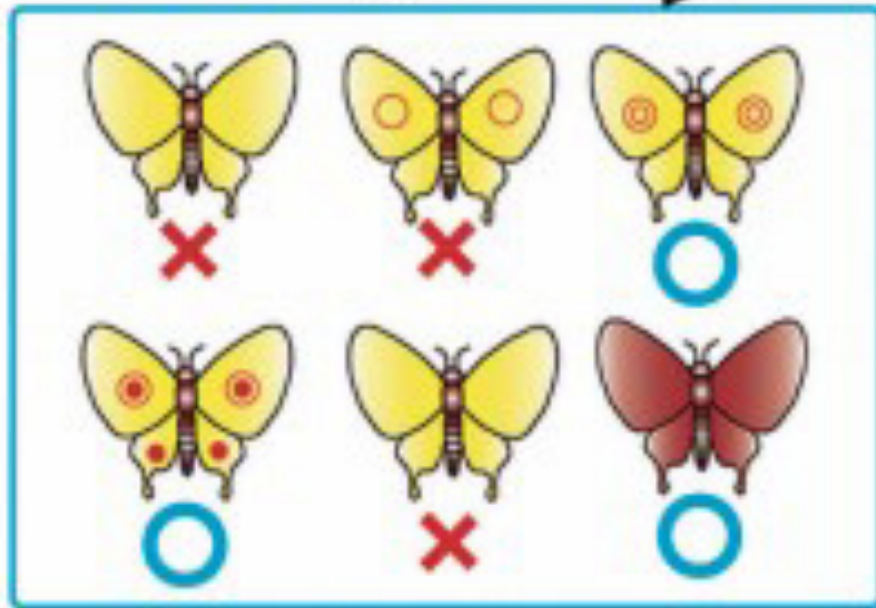
※近交弱勢の回避

自然淘汰と遺伝的多様性（遺伝的多様性の意義）

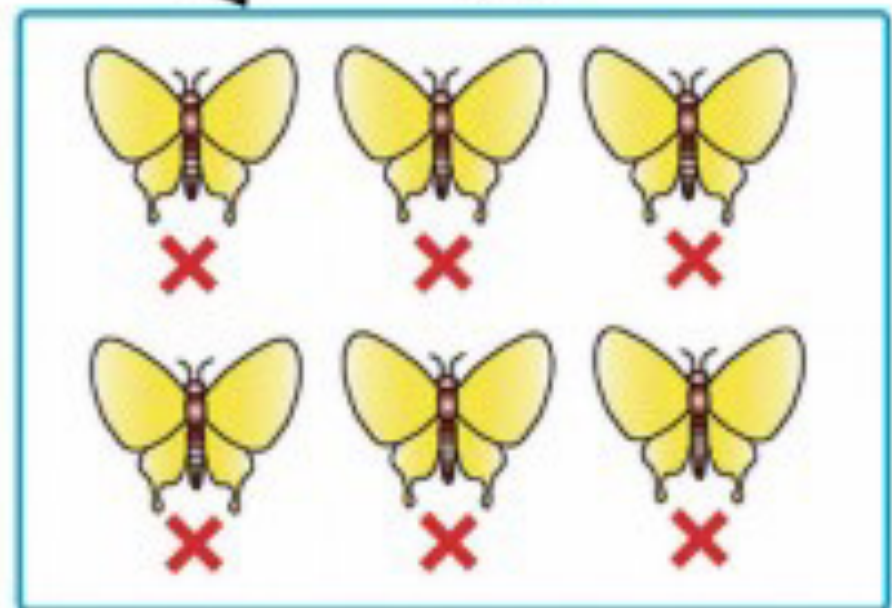
遺伝子の多様性

環境ストレス

捕食圧（新しい天敵）



遺伝的に多様な集団



遺伝的に均一な集団

遺伝的多様性の高い集団は、適応において有利



考察

1. 養鱒場の遺伝的多様性は低い

原因：長期的な継代飼育の影響の可能性

対策：遺伝的改善の必要性

方法：1) 野外から在来個体の導入、2) 養殖場間での個体交換

2. 宮川ダムより上流はほぼ天然個体が生息

3. 大熊谷・桧原谷は放流個体と天然個体に分かれる

理由：放流魚は生存率が低い（釣られやすい？）

4. 犁谷は天然個体と放流個体の交雑個体群（雑種が多い）

理由：放流魚は殆ど残らない（釣られやすい？）



まとめ

1. 犁谷の個体数は（2歳魚以上は少ない：密漁の影響？）
2. 遺伝的特徴
 - 1) ミトコンドリアDNA：養殖場は遺伝的多様性が低く、垣外俣谷は10年前と組成が大きく変化（個体数減少？）
 - 2) 核DNA：大きく在来個体と放流個体に分かれる。宮川ダムの上と下で遺伝的特徴がやや異なる。遺伝的多様性は、犁谷と大和谷が高く、養殖場は低い。



おわり