

マイクロサテライトDNAマーカーからみた 信濃川サケの遺伝的特徴

○木伏宏俊・柘本 拓・原田泰行(JR東日本)・塚越英晴(岩手大三陸水研セ)

【目的】信濃川中流域にあるJR東日本の宮中取水ダムの魚道では、毎年遡上時期の早いサケを対象に遡上個体数の調査が実施されているが、これらのサケがどのような遺伝特性を有しているのか不明である。当河川には、遡上時期の早いサケと遅いサケが存在し、遡上時期の早いサケが中流域まで遡上するように、中流域と下流域の漁協間で捕獲時期を調整している。そのため、サケの遡上時期や捕獲時期の調整により、信濃川中流域と下流域集団間において遺伝的に分化していることが予想される。そこで、本研究では信濃川に遡上するサケの遺伝特性を把握するために、当河川の中・下流域において、遡上時期の異なる集団を対象に4年間継続した遺伝特性分析を行った。

【方法】信濃川中流域および下流域の4地点で、遡上時期の異なる23集団からヒレ標本を各々採集した(2018年309個体、2019年284個体、2020年336個体、2021年409個体)。採集された標本から全ゲノムDNAを抽出し、msDNAマーカー10座から遺伝子型を決定した。得られた遺伝子型情報に基づき、アレリックリッチネス(A_r)の推定や集団間の遺伝的分化指数(F_{ST})を算出した。また、近隣結合法により、23集団間の遺伝的類縁関係を推定した。

【結果】信濃川23集団から推定された A_r は7.3から8.1であった。これら23集団について遺伝的類縁関係を推定した結果、中流域と下流域の2つの遺伝グループがあることが示唆され、2つのクラスターに含まれる標本集団の遡上時期は10月と11月で異なっていた。また、集団間の F_{ST} からも同様の傾向がみられた。これらの結果から、信濃川サケには少なくとも遡上時期に対応した2つの遺伝的クラスターがあり、その特徴は遡上年度にかかわらず維持されていることが示唆された。