

[成果情報名] 県内におけるサクラマス（ヤマメ）の遺伝的特性と交雑状況

[要 約] サクラマス幼魚から核 DNA 情報を取得し、その遺伝的特性や非在来種苗である関東系ヤマメとの交雑を調査した。結果、各地域で異なる遺伝的背景をもつ集団が確認され、さらに関東系ヤマメとの交雑は広範囲に広がっている可能性が確認された。

[部 署] 山形県内水面水産試験場・資源調査部

[連絡先] TEL 0238-38-3214

[成果区分] 政

[キーワード] サクラマス、マイクロサテライト、遺伝的特性、交雑

[背景・ねらい]

近年の水産資源評価には遺伝情報の取得が不可欠であるが、県内での事例はごく少数であるため、こうした基礎的情報を得るとともに、サクラマス資源減少の一因と疑われている関東系ヤマメとの交雑（人為的、非意図的な放流が原因のものを含む）を自然界で検証することを目的とした。

[成果の内容・特徴]

1. サクラマス幼魚の採集 2016年4月から7月にかけて県内6河川においてサクラマス幼魚（0年魚）の採集を行った（図1、平田川集団のみ0年魚に限らない）。また、県内の種苗生産業者1社と内水試保存の関東系ヤマメのサンプルをあわせ、計8集団を解析に供した。
2. マイクロサテライト DNA 解析 既報の4遺伝子座（Yamamoto et al. 2013）を用いて集団中の遺伝的基礎情報を得た（表1）。Omas3 遺伝子座においては、養殖種苗および内水試保存集団の検出アレル数が他集団よりも少なく、遺伝的多様性が低いことが示唆された。また、五十川集団ではどの遺伝子座においても検出アレル数が多く、遺伝的多様性が高いと考えられた。
3. STRUCTURE 解析 得られた4遺伝子座の情報から集団構造を比較検討するため、STRUCTURE（Pritchard et al. 2000）を用いてクラスタリングを行った。シミュレーションから求められたクラスター数（想定集団）は4で、図2の通りとなった。本結果から、主要なクラスターが異なる五十川、羽黒川、丹生川・月布川の集団は異なる遺伝的背景を持つことが示唆された。また、養殖種苗集団は内水試保存の集団とほぼ同じ遺伝的構造をしており、関東系ヤマメであると考えられた。さらに、五十川をのぞく他の集団には上記2集団に類似した遺伝的構造を持つ個体が存在しており、幅広い地域において集団中での関東系ヤマメとの交雑が強く疑われた（図2）。

※マイクロサテライト DNA：核ゲノム中に存在する数塩基の繰り返し配列であり、その DNA マーカーは遺伝的集団構造・多様性の比較や作物の品種同定等に用いられる。

※検出アレル数：遺伝的多様性の指標の1つ。1遺伝子座（マーカー）にいくつの対立遺伝子（アレル）が検出されたかを表す。一般に数が多いほど多様性が高いが、個体数にも依存する。

※STRUCTURE 解析：複数の遺伝子座を用いて遺伝的特性から見た集団の判別、各個体のゲノムの混合具合などを解析する。図2中では、縦棒が1個体を示す。また、色の異なりとその割合はクラスター（想定集団）の異なりとゲノム上での混合具合を示す。

[成果の活用面・留意点]

1. 遡上親魚の交雑状況は不明であるが、交雑によるスモルト率の低下は実験的に確かめられており、サクラマス種苗生産ではこうした交雑魚を親魚として用いるべきではない。
関連成果情報：平成22年度「関東系ヤマメ、地場産サクラマスと両者の交雑群とスモルト」（政）
：平成22年度「関東系ヤマメ、地場産サクラマスの県内における河川放流実態」（政）

[具体的なデータ]

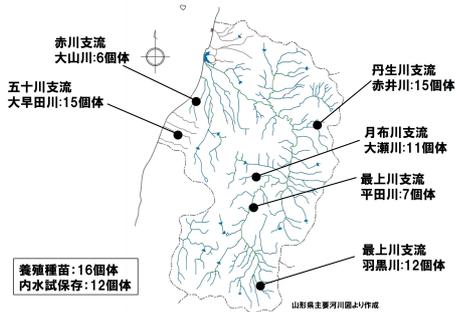


表 1 各集団における遺伝的多様性の指標

採集地	指標	遺伝子座				採集地	指標	遺伝子座			
		omas3	omas4	omas5	omas7			omas3	omas4	omas5	omas7
赤川 (n=6)	検出アレル数	8	7	9	6	五十川 (n=15)	検出アレル数	12	9	12	10
	アレル多様度			7.5			アレル多様度			10.8	
	平均ヘテロ接合体度 (観察値)			0.958			平均ヘテロ接合体度 (観察値)			0.917	
羽黒川 (n=12)	検出アレル数	5	6	7	7	内水試保存 (n=12)	検出アレル数	3	4	5	4
	アレル多様度			6.3			アレル多様度			4.0	
	平均ヘテロ接合体度 (観察値)			0.605			平均ヘテロ接合体度 (観察値)			0.708	
平田川 (n=7)	検出アレル数	7	6	5	5	丹生川 (n=15)	検出アレル数	7	9	7	7
	アレル多様度			5.8			アレル多様度			7.5	
	平均ヘテロ接合体度 (観察値)			0.786			平均ヘテロ接合体度 (観察値)			0.850	
養殖種苗 (n=16)	検出アレル数	3	5	7	6	月布川 (n=11)	検出アレル数	7	6	7	5
	アレル多様度			5.3			アレル多様度			6.3	
	平均ヘテロ接合体度 (観察値)			0.657			平均ヘテロ接合体度 (観察値)			0.842	
平均						検出アレル数	6.5	6.5	7.4	6.3	
						アレル多様度			6.7		
						平均ヘテロ接合体度 (観察値)			0.791		

検出アレル数: 検出された対立遺伝子の数
 アレル多様度: 遺伝子座あたりの検出アレル数の平均
 平均ヘテロ接合体度: 各遺伝子座におけるヘテロ接合体割合の合計を全遺伝子座数で除した値

図 1 天然魚 (0 年魚) の採集地点

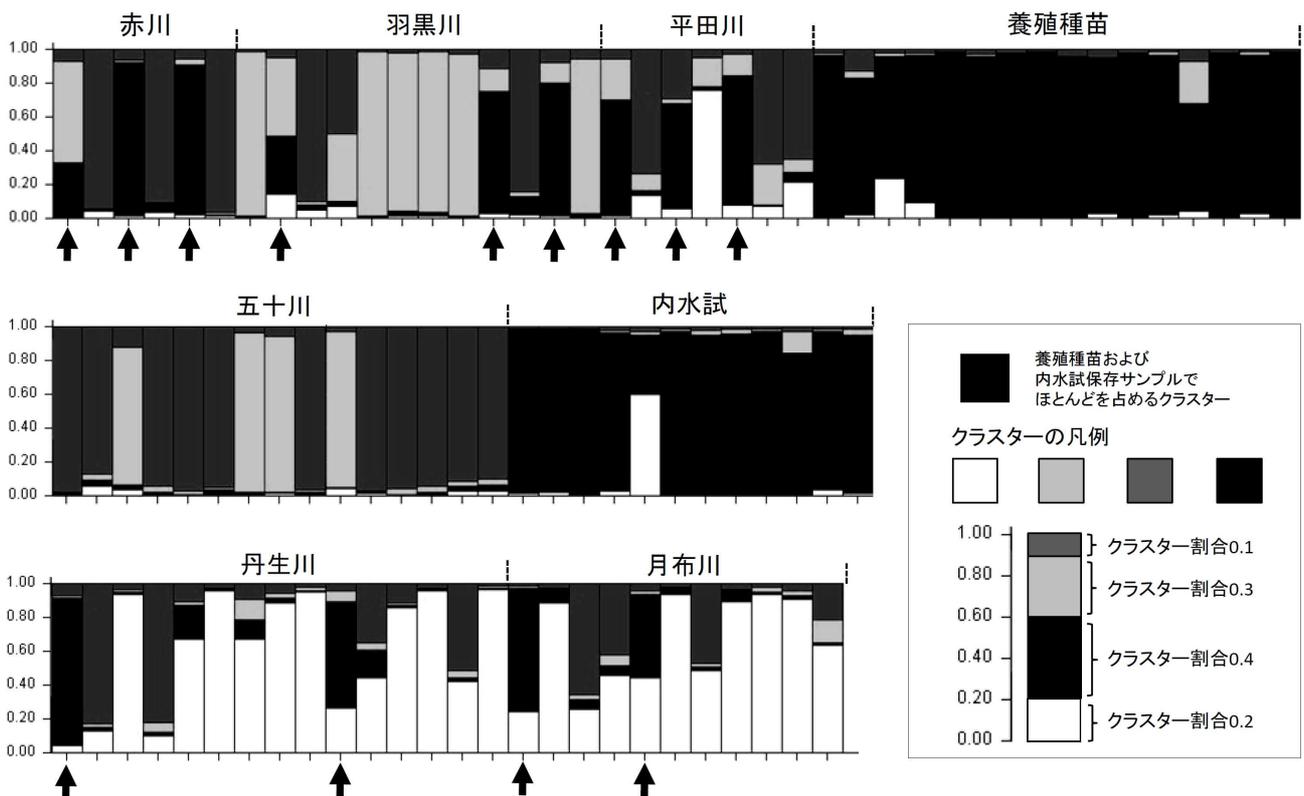


図 2 STRUCTURE 解析による Barplot 縦棒は 1 個体を、色の異なりとその割合はゲノム上のクラスター (想定集団) の異なりとその混合具合を示す。矢印が非在来種苗との交雑が強く疑われる個体を示す。本個体は養殖種苗および内水試保存サンプルでほとんどを占めるクラスターが高い割合でみられる。

[参考文献]

Shoichiro Yamamoto, Tadahide Kurokawa, Masashi Sekino, Motoshige Yasuike, Kenji Saitoh. Tetra-Repeat Microsatellite Markers for the Masu Salmon (*Oncorhynchus masou masou*) and Its Application in Cross-Subspecies Amplification. *Int J Mol Sci.* 2013;14(11)23153-23159.

Jonathan K. Pritchard, Matthew Stephens and Peter Donnelly. Inference of Population Structure Using Multilocus Genotype Data. *Genetics.* 2000;155(2)945-959.

Evanno G, Regnaut S, Goudet J. Detecting the number of clusters of individuals using the software STRUCTURE: a simulation study. *Molecular Ecology.* 2005;14(8)2611-2620.

[その他]

研究課題名: 山形県内におけるサクラマス (ヤマメ) の遺伝的特性の解明 (若手チャレンジ研究)
 予算区分: 県単 研究期間: 平成 28 年度 (平成 28 年度) 研究担当者: 鈴木悠斗 発表論文等: なし