

研究成果情報

DNA から見た日本系サケの遺伝的集団構造とその多様性

さとう しゅんぺい

佐藤 俊平 (北海道区水産研究所 さけます資源部)

はじめに

サケ (シロザケ) *Oncorhynchus keta* は北太平洋一帯に広く分布しており, 日本をはじめ韓国・ロシア・カナダ・米国において重要な水産資源の一つとなっています。その資源量は太平洋サケ属ではカラフトマス *O. gorbuscha* について多く, またその商業漁獲量も 2010 年では沿岸 5 カ国で約 31 万 3000 トンとなっています (NPAFC Statistical Yearbook, <http://www.npafc.org/>)。サケはその水産資源としての重要性から, 古くよりふ化放流事業による資源造成が行われてきました。2010 年の北太平洋におけるサケの総放流数は約 31 億尾で, そのうち日本からの放流数は約 18 億尾と総放流数の約 58% を占めています (NPAFC Statistical Yearbook)。

一方, ふ化放流事業により放流された種苗が生態系に負の影響を与えるのではないかと指摘が以前よりされています (例えば Hilborn 1992)。また近年では, 「遺伝的多様性の保全」が強く叫ばれるようになってきました。遺伝的多様性とは種多様性・生態系多様性と共に生物多様性の構成要素の一つとされるもので, 個体や集団内で見られる遺伝的な変異の大きさのことであり, 生物多様性の根幹をなすものと考えられていますが, ふ化放流事業が遺伝的多様性に与える影響も懸念

されています。日本では, 2012 年 9 月に「生物多様性国家戦略 2012-2020」が閣議決定されており, その中でさけます増殖事業は「北太平洋の生態系との調和を図り, 生物として持つ種の特性と多様性を維持することに配慮して実施する」とともに「天然魚との共存可能な人工種苗放流技術の開発の高度化を図り, 河川及びその周辺の生態系にも配慮した, さけます増殖事業を推進する」と明記されています。つまり, さけます類の生物多様性や遺伝的多様性を持続的に守るような増殖 (ふ化放流) と資源管理を実行することが求められているといえます。そのためには, まず日本系サケがどのような遺伝的集団構造や遺伝的特徴を持ち, また遺伝的多様性は現在どのような状況であるのかを正確に把握することが重要となります。

ここでは, これまで行われてきた日本系サケおよび北太平洋サケの遺伝的集団構造や遺伝的多様性に関する研究を紹介するとともに, 今後の課題について考えてみたいと思います。

DNA を用いて日本系サケと北太平洋サケの遺伝的集団構造を明らかにする

2000 年以降, 日本系サケおよび北太平洋サケの遺伝的集団構造解析は, ミトコンドリア DNA やマイクロサテライト, 一塩基多型 (SNP) とい

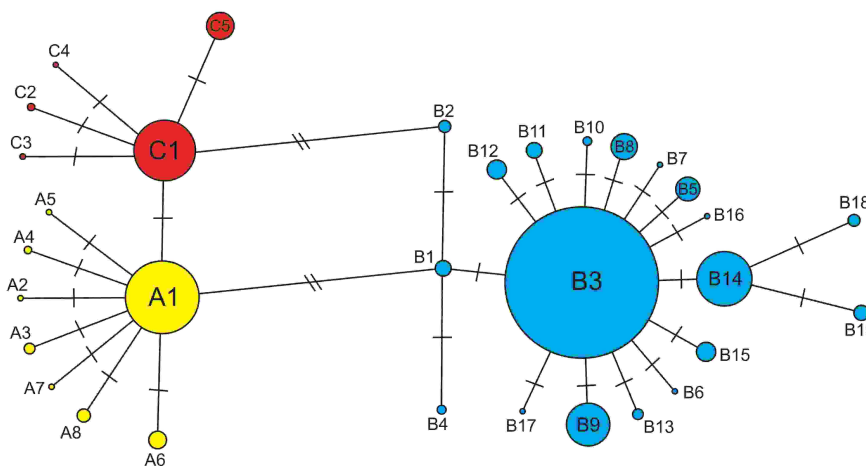


図 1. サケミトコンドリア DNA ハプロタイプのネットワーク図. (Yoon et al. 2008 を改変). スラッシュは 1 塩基の変異を, 数字はハプロタイプ番号を示す. 円の大きさは当該ハプロタイプの出現頻度に比例する.

5 ... æ& ¥••i? •Ûi
 æ Í î ¶ j • í ' 1 R ¾4Š í ' 1 R0Y4Š»•• ^
 ' 1 R>•• ^ ¥•• b œ0£ 7 X b ... æ7ÿ K _ (?
 € • G \ @ & g I € r K S > & Beacham et al. 2008»
 r S Ð - j ß § , Û - ° 14 4G Ê Û b P'g4G
 Ê b 1 ' Í \ œ0£ X c ß © " í í (•7ÿ K | ~ v ¥
 •7ÿ K [9× C>»4G \$× "] ö @ ¥ • (Ô § £ [± A
 8 G \ @ & g I € r K S > ,] _ > * í ' 1 R 2 / b

§ £ 381 7ÿ K > & ¥ • 26 7ÿ K > * 8Q \ 1 7ÿ K > * ß ©
 " 34 7ÿ K > * • ¼ 2 185 7ÿ K > * (\ 135 7ÿ K > ' †
 P1B _ > * L Ð - j ß § , Û - ° 14 4G Ê Û †
 Q W Z (Ò K S) Ý [v > * x c ~ ¥ • (Ô § £ 7ÿ K
 c ß © " í í (•7ÿ K \ š3Q K Z P'g4G Ê b 1 '
 Í \ œ0£ X @ 9 × C > * Q b 4G \$ × "] ö c í ' 1 R
 § £ 7ÿ K 2 / b p [v ± A 8 G \ @ & g I € r K
 S > , r S 3Æ7 ,) æ 2 _ | • (Ô) + ž [v > * ¥ • 7ÿ K
 c Q b Ú b 7ÿ K \ Â & _ (? € Z 8 • G \ @ & g I
 € r K S > & Beacham et al. 2009a»

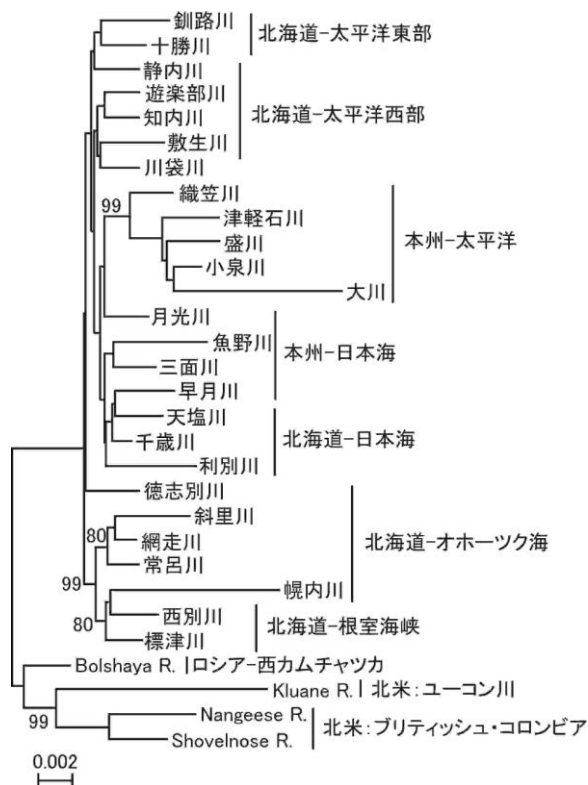
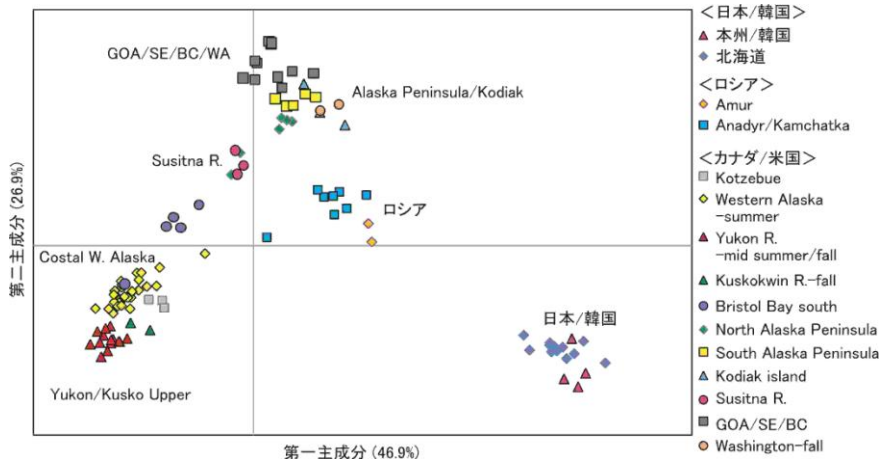


図3. マイクロサテライト14遺伝子座のデータを元にした、日本系サケ26集団および外国系サケ4集団の近隣結合法による系統樹。Beacham et al. (2008)を改変。数値は1000回繰り返しによるブートストラップ値を示す。

■ SNP> _ | • % Ê ' 2 [c > * Ñ
 ° ¥ â » Û " DNA x Ð - j ß § , Û - ° \ c ,]
 , 4 * W S) Ý @ & g I € Z 8 r M > , SNP \ c > * 7 ö
 4Ä 4 V b M 7 ö _ 0 b } € • š \$ b : U > * M è V
 b 8 - Ø & + a 1 % è V > [0 { 9 I € • v b † æ K > *
 3Æ ° 4G Ð î • î \ K Z < # Ý I € • | : _ ^ W Z
 A r K S > , í ' 1 R b § £ 114 7ÿ K > & ¥ • 16 7ÿ
 K > * 8Q \ 1 7ÿ K > * ß © " 10 7ÿ K > * • ¼ 2 í í (•
 87 7ÿ K > ' _ X 8 Z > * SNP53 4G Ê Û † 4G Ð î
 • î # Ý 8 Z z B ((Ò † / æ W S \ G • * G € r
 [b § X b 4G Ð î • î _ | •) Ý] > * ¥ • (Ô
 § £ 7ÿ K c ¥ \ 7ÿ K \ ± A C \$ ^ W Z 8 r K S
 > & W 4 » , K ? K > * 4G \$ × "] ö b æ † b M X [
 6 • 1 ' Ê , ß K œ Ø x " Û Ý Û µ 3 ç < c > * G
 € r [\ \$ ^ ~ ¥ \ 7ÿ K | ~ v ,] , * 8 Í † & g K
 r K S > & Seeb et al. 2011» , ¥ • (Ô § £ 7ÿ K b 4G
 \$ × "] ö _ X 8 Z > * SNP (Ò b) Ý @ Ú b § X b
 4G Ð î • î _ | •) Ý \ \$ ^ # . # ä c # ~ b \
 G • Y Â [M > , # ~ § £ [Q # Ý I € Z 8 • SNP
 Ð î • î c > * í (• (Ô § £ 7ÿ K 6ë [š3Q \$ × š \$ ö b
 9 × 8 v b @ f > K Z 4E ¥ I € Z 8 • b [> * ¥ • (Ô
 7ÿ K \ í (• (Ô 7ÿ K 6ë [4G \$ × "] ö † š3Q M •
 b _ c Y ¥ A ^ b ? v K € r O † > , SNP † # Ý 8
 S § £ b 4G \$ × 7ÿ K S 4 _ 6ö M • % Ê ' 2 c r T r
 W S d ? ~ [M b [> * Ò < b 4 Ž _ † ... M • \ G
 • [M > ,

図4. SNP53 遺伝子座の解析データを元にした、北太平洋サケ114集団の主成分分析結果。Seeb et al. (2011)を改変。図は分析したサケ集団間の遺伝的距離を視覚化したもの。



□ 3 X b % Ê' 2) Ý c > * " a " > * I _ ¥ • (Ô
§ £ b 4 G \$ × 7 Ÿ K S 4 @ > * í ' 1 R 2 / † 0 b ú K
Z v ' I © \$ × [6 • G \ † ö • \$ × _ & g K Z 8 r M > ,
4 # d _ / æ f € S % Ê' 2 _ > 8 Z v > * " a " > & " I _
¥ • (Ô > b § £ 7 Ÿ K c í • b 7 Ÿ K \ § 3 Q K Z 4 G
\$ × _ ? ^ ~ \$ ^ • G \ @ & g I € Z 8 r M & & [<
d Taylor et al. 1994; Seeb and Crane 1999 > Q K Z > *
" a " b § £ 7 Ÿ K @ G b | : ^ 4 G \$ × 7 Ÿ K S 4
x 4 G \$ × "] ö † â X * ü \ K Z > * f , a b ì æ
_ Ê b < 3 â ^] [" a " _ [A S P Ç × " a "
> & refuge > * 3 â 4 J d > ' b Ñ ~ @ s 8 j K Z 8 • \ N
9 I € Z 8 r M > & Taylor et al. 1994; Beacham et al.
2009 a > , ¥ • (Ô § £ 7 Ÿ K c " a " b p [v Q b (
x æ b ! 7 H _) * (K Z 8 • G \ ?) > * Q b 4 G \$ ×
7 Ÿ K S 4 x 4 G \$ × "] ö _ c > † # d _ 2 s G W S ...
2 A Ū \$ × ^ # " C § . @ ± A C s 8 j K Z 8 • b ? v K
€ r O † > ,

遺伝マーカーによる遺伝的集団構造解析結果の応用と今後の課題

-
-
-
-
-
-
-
-
-

Beacham et al. 2009 b > 9 Sato et al.
2007 > 9 Seeb et al. 2011 > # ' ~ > * ¥ • [c Ÿ b Ê î
Û â ç • [I E r M 8 @ b 2 (; # Ô Â 1 * † / æ W Z 8
r M @ > * Q b 1 * Æ b M X _ > * Ê î Û â ç • [
G 7 Ÿ I € S § £ b ... # . \$ × 2 s ; _ X 8 Z 4 G \$ × m 2
_ | • N @ 6 ~ r M > , Ñ ° ¥ â » Û " DNA †
ö = ^ 1 î ± # Ÿ 8 Z § £ b ... # . \$ × 2 s ; b N † / æ
W S % Ê' 2 [c > * ¥ • (Ô § £ c Ê î Û â ç • 2 / _
È C (x M • G \ > * Q b (x) ' _ c ë ~ @ 6 •
G \ ^] @ Â } ? _ ^ W Z A r K S & [< d Sato
et al. 2009 > , G b) Ý c > * æ • æ _ > E • ¥ •
(Ô § £ b 2 (; · Â b • q x 0 ò (ý ^ G 4) 2 ° b N
^] _ z ' g X v b \ * f < } € r M > ,

-
-
-
-
-
-
-
-
-
-

Olsen et al. 2008 > , r S í • 4 (! 4 Š b 4
& 4 Š] [c > * § £ b S † 4 3 V * L \ < † 4 3 V * L [4 G
\$ × (i @ # Ô L Z 8 • G \ @ & g @ I € Z 8 r M & p
N 200 4 > 9 Yokotani et al. 2009 > , ' 1 R I E r M 8 @
> & § £ í â " £ O . kisutch í Đ « À « £ O .
tshawwytsha í • Ū Ç ° Đ « > ' b 4 3 V ì † x # Ø 8 / æ
· _ c ì 0 £ 4 G Ê \ ç d € • 4 G Ê @ 6 ò Z K
Z 8 • G \ @ & g @ I € Z 8 r M @ > * i 0 £ 4 G Ê _
c ' 6 ë > / g ' Æ [š \$ > & "] ö > ' @ Ñ ~ M • G
> * Q b "] ö c § £ > / g Đ « À « £ [I 8) <
Ø ; Ū - â † † & g M G \ > * Q K Z Q b "] ö @ 4 :
Â \$ × _ > A 4 3 V ì † x # Ø 8 / æ · † I * (K Z 8 • •
+ ö @ 6 • G \ † & g K S % Ê' 2) Ý v 6 ~ r M
> & Malley et al. 2010 > , ¥ • _ > 8 Z v > * Q j
] _ • W Z A S § £ 0 v : 6 b 4 3 V ì † \ G 8 ì † b
6 ò € † I * m S \ G • > * § £ 0 v : 6 c Q € } @ G 8 I
€ S ì † \ o p L ± - Ñ â ç [4 3 V K > * G b 4
¥ c ° < K _ ? ? f } N L [6 • G \ @ & g I € r
K S & 9 × « 2013 > , G b) Ý c > * ¥ • (Ô § £ b 4 3
V ì † v V 0 ° [& g K S ì 0 £ 4 G Ê ^] b > A
_ | ~ > † G \$ × _ ò I € Z 8 • • + ö @ 6 • G
\ † & g @ K Z 8 r M > , G b | : ^ § £ b 4 3 V ì †
\ 4 G S 4 4 G \$ × "] ö _ 6 ò M • % Ê' 2 c > * G €
? } < M m A 5 0 [^ 1 " 8 Ÿ b M X \ * f < Z > ~ > *
í • 4 (Ê # Ø % Ê' 2 d [v # ' ~ 4 / æ p b " U † p
† 0 £ # ì b p [v ~) s † 6 ä K S \ G • [M > ,

おわりに

-
-
-
-
-
-
-
-
-
-
-
-
-
-
-
-
-
-
-
-
-
-

*) < Ø ; Ū - â > 8 *) < Ø ? } 9 ×) < Ø _ ? E Z # Ô L > * 6 • g
2 A b 4) F \$ × ^ š ì > ,

引用文献

- Beacham, T. D., J. R. Candy, K. D. Le, and M. Wetklo. 2009a. Population structure of chum salmon (*Oncorhynchus keta*) across the Pacific Rim, determined from microsatellite analysis. *Fish. Bull.*, 107: 244-260.
- Beacham, T. D., J. R. Candy, C. Wallace, S. Sato, S. Urawa, N. V. Varnavskaya, K. D. Le, and M. Wetklo. 2009b. Microsatellite stock identification of chum salmon on a Pacific Rim basis. *N. Am. J. Fish. Manage.*, 29:1757-1776.
- Beacham, T. D., S. Sato, S. Urawa, K. D. Le, and M. Wetklo. 2008. Population structure and stock identification of chum salmon *Oncorhynchus keta* from Japan determined by microsatellite DNA variation. *Fish. Sci.*, 74: 983-994.
- Hilborn, R. 1992. Hatcheries and the future of salmon in the Northwest. *Fisheries*, 17: 5-8.
- Ng, S. C. 2004. *Oncorhynchus keta*. *Fish. Genet. Breed. Sci.* 7: 1-25p.
- Olsen, J. B., B. G. Flannery, T. D. Beacham, J. F. Bromaghin, P. A. Crane, C. F. Lean, K. M. Dunmall, and J. K. Wenburg. 2008. The influence of hydrographic structure and seasonal run timing on genetic diversity and isolation-by-distance in chum salmon (*Oncorhynchus keta*). *Can. J. Fish. Aquat. Sci.*, 65: 2026-2042.
- O'Malley, K. G., M. J. Ford, and J. J. Hard. 2010. Clock polymorphism in Pacific salmon: evidence for variable selection along a latitudinal gradient. *Proc. R. Soc., B* 277: 3703-3714.
- Sato, S., M. Yoon, S. Abe, and S. Urawa. 2007. Update of mitochondrial DNA baseline for stock identification of chum salmon. NPAFC Doc. 1019. 26p.
- Sato, S., S. Moriya, T. Azumaya, H. Nagoya, S. Abe, and S. Urawa. 2009. Stock distribution patterns of chum salmon in the Bering Sea and North Pacific Ocean during the summer and fall of 2002–2004. *N. Pac. Anadr. Fish Comm. Bull.*, 5: 29-37.
- Sato, S., H. Kojima, J. Ando, H. Ando, R. L. Wilmot, L. W. Seeb, V. Efremov, L. LeClair, W. Buchholz, D.-H. Jin, S. Urawa, M. Kaeriyama, A. Urano, and S. Abe. 2004. Genetic population structure of chum salmon in the Pacific Rim inferred from mitochondrial DNA sequence variation. *Env. Biol. Fish.*, 69: 37-50.
- Seeb, L. W., and P. A. Crane. 1999. High genetic heterogeneity in chum salmon in western Alaska, the contact zone between northern and southern lineages. *Trans. Am. Fish. Soc.*, 128: 58-87.
- Seeb, L. W., W. D. Templin, S. Sato, S. Abe, K. Warheit, J. Y. Park, and J. E. Seeb. 2011. Single nucleotide polymorphisms across a species' range: implications for conservation studies of Pacific salmon. *Mol. Ecol. Res.* 11: 195-217.
- Seeb, L. W., W. D. Templin, S. Sato, S. Abe, K. Warheit, J. Y. Park, and J. E. Seeb. 2011. Single nucleotide polymorphisms across a species' range: implications for conservation studies of Pacific salmon. *Mol. Ecol. Res.* 11: 195-217.
- Taylor, E. B., T. D. Beacham, and M. Kaeriyama. 1994. Population structure and identification of North Pacific Ocean chum salmon (*Oncorhynchus keta*) revealed by an analysis of minisatellite DNA variation. *Can. J. Fish Aquat. Sci.*, 51: 1430-1442.
- Yokotani, R., N. Azuma, H. Kudo, S. Abe, and M. Kaeriyama. 2009. Genetic differentiation between early- and late-run populations of chum salmon (*Oncorhynchus keta*) naturally spawned in the Yurappu river inferred from mitochondrial DNA analysis. *Fish. Genet. Breed. Sci.* 39: 9-16.
- Yoon, M., S. Sato, J. E. Seeb, V. Brykov, L. W. Seeb, N. V. Varnavskaya, R. L. Wilmot, D. H. Jin, S. Urawa, A. Urano, and S. Abe. 2008. Mitochondrial DNA variation and genetic population structure of chum salmon *Oncorhynchus keta* around the Pacific Rim. *J. Fish. Biol.*, 73: 1256-1266.