

Sato, S., H. Kojima, J. Ando, H. Ando, and 10 others. (2004)

Genetic population structure of chum salmon in the Pacific Rim inferred
from mitochondrial DNA sequence variation

Environ. Biol. Fish. **69** : 37-50

ミトコンドリア DNA 塩基配列から推定した
太平洋におけるシロザケの遺伝的個体群構造

シロザケ *Oncorhynchus keta* は太平洋のサケ科の中で最も広く分布しており、韓国、日本北部、ロシアの極域沿岸、北部アメリカからオレゴン南部まで生息する重要な商用魚である。本種は他の太平洋産のサケと同様に成体は生まれた川を遡上し産卵を行う。このように限られた生息地でのみ再生産を行うため個体群間の交流が行われず、明確な遺伝的孤立が生じる。本研究では、上述の各地域に生息するシロザケの個体群間、個体群内の遺伝的構造を明らかにすることにより、本種の分布様式や回遊個体の出生地を判別する手法の基礎を作ることを目的とした。

実験では 1998 - 2000 年にかけて、日本(4 個体群)、韓国(1)、ロシア(10)、北アメリカ(21)から得た 1617 検体のシロザケより採取した肝臓、血液、筋肉を用いた。採取された試料からフェノール・クロロホルム法で DNA 抽出を行い、mtDNA の 5'末端側の調節領域について DNA 増幅、塩基配列決定を行った。本研究の結果に以前の研究で決定された 537 検体についての塩基配列の結果を加え、ハプロタイプを決定し、ネットワーク解析を行った。また、塩基の多様性、個体群内間の相同性、個体群間の系統関係についても解析を行った。

48 個体群の 2154 検体について mtDNA 5'末端側の調節領域の 481bp を決定した。そのうちの 20 塩基に変異が生じており、30 のハプロタイプが存在した。ネットワーク解析の結果、ハプロタイプは 3 つの系統群、クレード A、B、C に分かれた。その各クレード内ではそれぞれ A-1、B-3、C-1 から他のハプロタイプが派生したことが推測された。日本、韓国、ロシアのアムノック川の個体群には 3 つの系統群すべてが出現した。また北アメリカ、アムノック川を除くロシアの個体群にはクレード B、C のみが出現した。ロシア、北アメリカの個体群よりも日本の個体群の遺伝的多様性が高いことから、日本の個体群の歴史が長いことが推測できた。また、近隣結合法を用いた個体群のクラスター解析では、日本/韓国、ロシア、北西アラスカ、その他の北アメリカの地域の 4 グループに分かれ、シロザケの地域的グループ間には明確な遺伝的解離があることが明らかになった。しかし、日本と北アメリカにおいてそれぞれの地域内個体群間の遺伝的構造は比較的類似していた。これは日本では人為的に個体群間での移動が行われたこと、北アメリカでは氷河期の影響を受けたことが原因だと推測された。

立花 静華

次回(6/10)は北辻・栗山両氏にお願いしています。