

ワカサギ個体群の遺伝的分化

-中国産ワカサギの起源の検討も含めて-

○ 池田 実 (東北大院農)・片山知史 (水研セ中央水研)・木村和彦 (宮城大食産)・
白川 仁・中野俊樹 (東北大院農)

キーワード：ワカサギ・遺伝的分化・ミトコンドリア DNA・移植・産地判別

【目的】ワカサギの自然分布域は、北海道のオホーツク海沿岸と日本海沿岸、本州の日本海沿岸および東北太平洋沿岸であり、海と連結された海跡湖が主要な生息地である。この分布特性と回遊範囲が限定されているという生態的特性を考え合わせると、各湖の個体群は相互に隔離され、遺伝的に異なっていることが予測される。一方、本種は人工採卵が可能で卵も長時間の移動に耐えることから、1909年以降、各地への移植が盛んに行われるようになった。このような移植事業は、地域独自の遺伝的特性を喪失させている可能性がある。しかし、本来の地域個体群間の遺伝的分化の様相については明らかではなく、移植に伴う遺伝的影響についても不明のままであった。そこで本研究は、本来の生息地におけるワカサギ個体群間の遺伝的分化についてミトコンドリア(mt)DNA 分析により検討し、移植に起因する地域固有性の喪失が起きているのかどうかを検討することを目的とした。また、地域に特徴的な配列を明らかにすることができれば、現在流通しているワカサギ製品の産地判別や移植個体群の導入経路の推定に対する貢献も可能であろう。この可能性について検討することを第二の目的として、霞ヶ浦からの移植により形成された諏訪湖の個体群が起源とされている中国産のワカサギについても併せて調べた。

【材料と方法】日本のワカサギは網走湖、小川原湖、霞ヶ浦、北浦、宍道湖から採集した17～25個体(計130個体)を調べた。中国産は河北省および新疆ウイグル自治区から輸入された冷凍製品(それぞれ22個体と32個体)を調べた。DNA分析は、mtDNAのシトクローム*b*遺伝子領域前半部(402塩基)の配列を決定し、アラインメントによりハプロタイプの類別を行った。

【結果および考察】日本の各地域個体群のハプロタイプ数は2～7個であった(全体で19個)。各個体群の主要なハプロタイプは、霞ヶ浦と北浦を除いて、個体群間で明確に異なっていた。個体群間の差異によって生じている遺伝的変異の割合を AMOVA 分析により算出した結果、56.02%と非常に大きな値を示した。ハプロタイプの系統解析の結果、それぞれの地域個体群内の多くのハプロタイプは相互に近縁であることが示された。霞ヶ浦や小川原湖と同一のハプロタイプまたは同一のクレードに含まれるハプロタイプが比較的低頻度ながら宍道湖や網走湖でも検出されたが、これらが移植の影響によるものと推察された。以上の結果から、日本における本来のワカサギ地域個体群は、移植の影響をやはり受けてはいるものの、それぞれ独自の遺伝的組成を未だに保有していることが示唆された。中国産ワカサギではウイグルで13個、河北省で6個(全体で13個)のハプロタイプが検出された。ウイグルと河北省で共通に検出された2個のハプロタイプは霞ヶ浦でも低頻度で検出されたが、他の11個は調べた日本の地域個体群にはみられないものであった。これらのハプロタイプは、宍道湖特有のハプロタイプと同様に120番目の塩基がCに置換しており(他はT)、系統解析の結果においても宍道湖のハプロタイプと近縁であることが示された。これらの結果から、現在中国で生産されているワカサギは、霞ヶ浦からの移植により形成された諏訪湖個体群だけではなく、宍道湖以外の日本海沿岸の個体群も起源となっている可能性が示唆された。