

アユ種苗の継代数と遺伝的多様性の関係

—マイクロサテライトとミトコンドリア DNA マーカーによるモニタリング—

○池田 実・谷口順彦(東北大院農)

キーワード:アユ・人工種苗・継代・遺伝的多様性・DNA マーカー

[目的]アユの放流種苗の生産現場では、継代個体を親魚として使用する場合が多い。一方で、このような種苗を天然水域へ放流することの是非が問われるようになった。この課題への回答を与えるためには、継代に伴う遺伝的变化を野生集団との比較から検証する必要がある。本研究は、各地で継代維持されているアユ種苗と野生集団の遺伝的変異性をマイクロサテライト(MS) DNA 分析とミトコンドリア(mt)DNA の配列分析によって調べ、継代数と遺伝的多様性の関係について検討することを目的とした。

[方法]継代種苗は、各地の水産試験場や漁連で維持されている1-31代の10種苗を対象とした。また、比較の対象として、野生の海産および湖産の6標本集団も併せて検討した。MS-DNA 分析は *Pal-1*~7の7マーカー座を検出し、各標本集団について30-50個体を調べた。mtDNA 分析では、調節領域前半部(340bp)を対象としたダイレクトシーケンスにより、各標本集団について19-24個体の塩基配列を決定した。標本集団内の遺伝的多様性は、MS-DNA 分析では平均ヘテロ接合体率(H_e)と座あたりの平均アليل数(A/L)、mtDNA 分析ではハプロタイプ多様度(h)と有効ハプロタイプ数(n_e)によって定量化を行った。

[結果および考察]MS-DNA 分析では、野生集団の A/L が11.0-13.8(平均12.5)、 H_e が0.756-0.798(平均0.776)であった。一方、継代種苗の A/L は3.6-12.7(7.2)、 H_e は0.355-0.782(0.625)と野生集団に比べて低く、種苗間で大きく異なった。mtDNA 分析でも同様に、継代種苗の値[n_e : 1.0-10.0(3.9)、 h : 0.000-0.906(0.534)]は野生集団[n_e : 8.2-20.6(17.0)、 h : 0.897-0.972(0.955)]に比べて低かった。これらの多様性の指標と継代数との関係を検討した結果、全て強い負の相関を示した。特に、 A/L および n_e では指数回帰により継代数との関係が説明され、継代が開始されると速やかにアليلまたはハプロタイプが消失することが示唆された。種苗間の継代数の差と F_{ST} 値の間には強い正の相関が認められ、継代数の増加に伴い種苗内の多様性は減少し、種苗間の分化程度は増大することが示唆された。

継代初期の種苗においても野生集団との間に有意な遺伝的差異が認められたことから、種苗放流における継代魚の使用には、継代が初期であっても十分な注意を払う必要があると考えられた。また、継代の途中で野生個体を加えた種苗においても、その多様性は野生集団のレベルに全く達していなかった。このことは、採卵および採精に用いた親魚には野生個体がほとんど含まれていない可能性を暗示しており、今後、種苗の遺伝的多様性を回復させるためには生産過程における遺伝的モニタリングが必須と考えられた。



