

北海道におけるサケ野生魚の遺伝的特徴

誌名	日本生態學會誌
ISSN	00215007
著者	佐藤, 俊平 森田, 健太郎
巻/号	69巻3号
掲載ページ	p. 209-217
発行年月	2019年11月



学術情報特集 北日本の環境アイコン「サケ」の保全活動を考える

北海道におけるサケ野生魚の遺伝的特徴

佐藤 俊平*・森田 健太郎

国立研究開発法人水産研究・教育機構北海道区水産研究所

Genetic uniqueness of wild chum salmon populations in Hokkaido, Japan

Shunpei Sato* and Kentaro Morita

Hokkaido National Fisheries Research Institute, Japan Fisheries Research and Education Agency

要旨：サケの野生魚と放流魚で遺伝的特徴に違いがあるのかを調べるため、北海道内の放流河川および非放流河川に生息するサケ 13 水系 16 河川 25 集団について SNP43 遺伝子座の分析を行った。遺伝標本は、遡上したサケ親魚またはサケ稚魚の体組織から採集した。また、耳石も採集し、耳石温度標識が確認されたふ化場由来の放流魚は分析から除外した。放流魚の比較対象として既報の北海道サケ放流魚 26 集団を加え、集団遺伝学的解析を行った。遺伝的多様性を野生魚と放流魚で比較したところ、放流魚で低くなる傾向を示した。一方、野生魚についても河川間では遺伝的多様性にばらつきが見られ、自然産卵が可能な非捕獲河川の方が遺伝的多様性は高い傾向にあった。野生魚の遺伝的集団構造は、既知の北海道放流魚の 5 地域集団に区分されたが、野生魚はその 5 地域間よりも地域内の集団間の方で高い遺伝的分化を示した。石狩川水系に属するサケ調査河川集団間でその遺伝的特徴を調べたところ、3 つのグループに分かれ、同一水系内でも弱い遺伝構造が存在することが分かった。特に、野生魚で構成されている千歳川後期群のサケ集団は他のグループとは遺伝的に異なっていた。以上の結果から、北海道に生息するサケ野生魚は放流魚とは異なる遺伝的特徴を持つことが示唆された。

キーワード：サケ、野生魚、放流魚、遺伝的特徴、遺伝的多様性

Keywords: chum salmon, wild fish, hatchery fish, genetic uniqueness, genetic diversity

はじめに

1992 年に「生物の多様性に関する条約」(生物多様性条約)が採択されてから 4 半世紀以上が過ぎた。この間、生物多様性やその保全の重要性に関する研究と理解は飛躍的に進み、今では「生物多様性の保全」に異を唱える人はほとんどいないであろう。日本では、生物多様性条約の批准を踏まえ、1995 年に「生物多様性国家戦略」が初めて制定され(現在は「生物多様性国家戦略 2012-2020」)、本戦略をベースに「愛知目標」の 2020 年での達成に向けた様々な活動が展開されている(西田 2017)。

生物多様性が生み出す「生態系サービス」は各種の産業基盤を成しているが(関口 2014)、それには健全な生

態系や自然環境が保たれていることが前提となる。水産業においても健全な海洋生態系や豊かな自然環境が維持されていることが、持続的な漁業を行う上で重要である(森田 2015)。そのため、漁業活動が生態系や自然環境、ひいては生物多様性へ与える影響をなるべく小さくすることが求められる。漁業活動が生態系や生物多様性へ与えるインパクトとして、混獲・観測されない漁獲死亡・食物網の攪乱・生息環境の破壊等があるが(勝川 2015)、種苗放流もその中の一つとして考えられる。

種苗放流(ふ化放流)は、もともと野外で採集した親魚から卵と精子を取り出して人工授精させ、死亡率が高い稚仔魚の時期を人間の管理下で飼育し、ある程度大きくなってから放流するというものである。水産業では資源増大の手段の一つとして 19 世紀後半から行われてきたが、20 世紀後半になると人工飼育下で継代飼育された個

*e-mail: shuns@fra.affrc.go.jp

体を親魚として成熟させ、そこから種苗を生産する技術が確立された(森田 2015)。サケマス類は成熟すると母川に回帰し産卵する性質を持つことから親魚の確保が容易であり、そのため日本を含む世界中でサケマス類の種苗放流は盛んに行われてきた。一方、大量の人工種苗を自然界に放流するという手法は生態系に負の影響を与えるという懸念が、1980年代後半から強く指摘されてきた(例えば Hilborn 1992)。また北米のスチールヘッド(降海型のニジマス、*Oncorhynchus mykiss*)では、放流魚の適応度(生残率や繁殖成功率)が野生魚と比較し低くなると報告され(Araki et al. 2007)、放流魚は野生集団の遺伝的不適応をもたらし、その結果、野生集団の個体群存続にマイナスの影響を与えることが懸念されてきた。生物多様性国家戦略では、サケマス類のふ化放流事業について「北太平洋の生態系との調和を図り、生物としても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」(環境省 2012)と明記されており、生態系の保全や野生魚の存続を念頭に置いたサケマス類のふ化放流事業の実践が求められている。

サケ(シロザケ、*Oncorhynchus keta*)は北日本の重要な漁業資源であり、またふ化放流事業の代名詞のような魚種である。日本では1870年代に茨城県的那珂川や札幌偕楽園などでふ化放流に関する試験が行われ、北海道では民間ふ化場も建設された。官民一体による本格的なサケふ化放流事業は1888年に千歳中央孵化場が設置されたことで始まり、2018年で130周年を迎えたが、今なお日本のサケ資源を支える重要な基盤となっている。日本のふ化放流事業では、河川遡上する個体を全て捕獲し採卵や販売等に供するという前提となっているため、回帰する個体は全てふ化場由来の放流魚と考えられていた(Kaeriyama 1999)。そのため、これまで日本には自然産卵由来のサケ野生魚はほとんど存在しないとされてきた。しかし、近年の研究から、日本でも放流河川・非放流河川を問わずサケが遡上し、自然再生産を行っていることが明らかとなってきた(宮腰ほか 2011; Miyakoshi et al. 2012; Iida et al. 2018)。例えば、北海道札幌市を流れる石狩川水系豊平川では、毎年約20万尾(2016年からは毎年約7万~8万5000尾)が放流されているが、過去の調査結果から、豊平川に回帰したサケ親魚の約70%が野生魚であることが明らかとなった(有賀ほか 2014)。また、実際にサケのふ化放流事業が実施されている北海道内8河川において野生魚の割合を調べた研究では、サケ捕獲

親魚の約28%が野生魚であると推定され(森田ほか 2013b)、ふ化放流事業や漁業資源に対するサケ野生魚の貢献はこれまで考えられているよりも大きいことが明らかとなった。野生魚は沿岸の定置網漁業でも人工ふ化放流事業の現場でも放流魚と区別せずに利用されることから(大熊ほか 2016)、自然再生産由来となるサケ野生資源を適切に維持することは、漁業資源の増加や安定性、ひいてはふ化放流事業の改善を図る上でも重要であろう。

サケの野生資源を適切に維持・管理するためには、サケ野生魚がもつ生物学的特性を把握し、放流魚との違いを明らかにしておく必要がある。近年、サケ野生魚と放流魚の生態的特性について、その違いが徐々に明らかになりつつある。例えば、耳石温度標識によりサケ野生魚と放流魚を区別できる北海道内の三河川で、回帰親魚の体サイズ・成熟サイズ・成熟年齢を比較したところ、同一河川であっても野生魚と放流魚の間でそれらに違いが生じている場合があることがわかった(長谷川ほか 2013)。また、石狩川水系千歳川で行われたサケ野生魚と放流魚の河川回帰率を比較した研究では、降下時の体サイズが野生魚と放流魚で大きく異なるにもかかわらず、その河川回帰率には有意な違いが無いことが示された(森田ほか 2019)。これらの結果は、体の大きさや繁殖に至るまでの年齢あるいは降下した幼稚魚の生残率などの生物特性が、サケ野生魚と放流魚で異なっている可能性を示唆している。一方で、サケマス類の野生魚と放流魚の遺伝的特性の違いや放流魚(あるいは養殖魚)が野生魚に与える遺伝的影響について調べた研究は海外では見られるものの(例えばタイセイヨウサケ *Salmo salar*、Vasemägi et al. 2005; Karlsson et al. 2016)、国内のサケ野生魚と放流魚ではほとんど無い。これまで日本系サケ集団の遺伝構造や遺伝的特徴を調べた研究(例えば Beacham et al. 2008; Sato et al. 2001, 2004, 2014; 佐藤・浦和 2015)でも、対象はいずれもふ化放流事業を行っている河川集団であり、分析に野生魚集団は含まれていない。そのため、サケ野生魚の適切な管理に必要な遺伝的情報は現時点ではほとんど無いのが現状である。本稿では、現在、水産研究・教育機構北海道区水産研究所で進めているサケ野生魚の遺伝分析調査と放流魚との比較について、これまでに明らかになった結果の概要を述べる。

調査および分析方法の概要

北海道内の13水系16河川25集団(図1)から得られた3,062個体を分析対象とした。調査河川は放流・捕獲

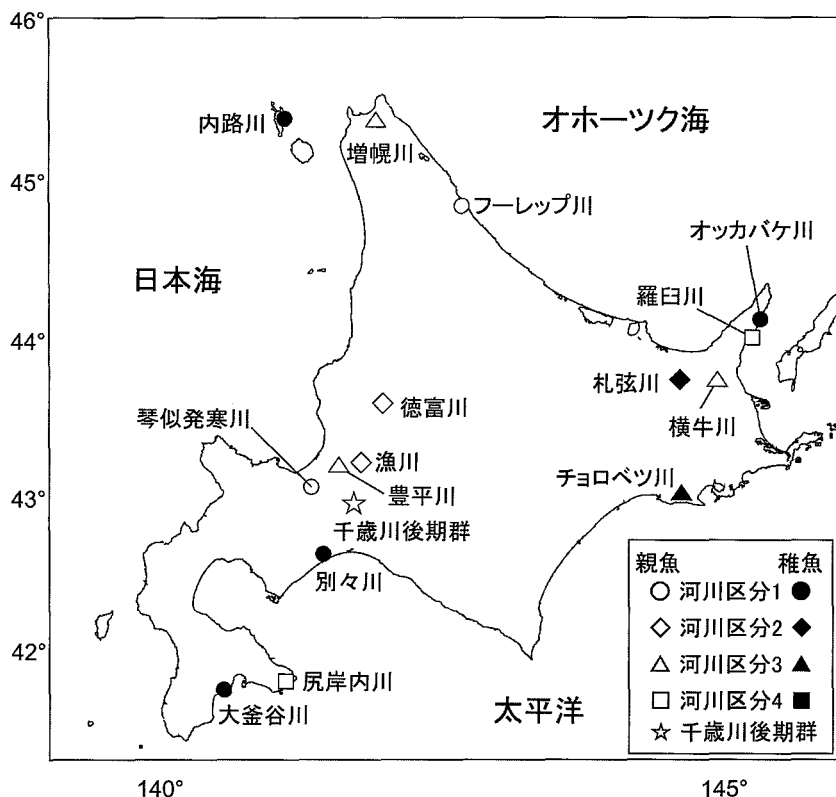


図1. 今回の分析に用いた北海道サケ25集団（13水系16河川）の標本採集地点。河川区分については表1を参照。

の有無から4つの河川区分に定義した（表1）。秋から冬に各調査河川に遡上し自然産卵したサケ親魚の斃死個体、または春に浮上した後河川を降下しているサケ稚魚から体組織を採集し、99.5%エタノールで固定して遺伝標本とした。また一部調査河川では親魚から耳石も採集し、耳石温度標識の有無を確認した。耳石温度標識が確認された放流魚については、以下の遺伝分析から除外した。採集した組織標本から Puregene DNA Extraction Kit (QIAGEN) を用いてDNAを抽出した後、既知のサケ SNP (single nucleotide polymorphism、一塩基多型) マーカー43遺伝子座を用いて各個体の遺伝子型を決定した。集団遺伝学的解析として、各集団のアレリックリッチネス (AR)、平均ヘテロ接合度の観察値 (Ho) と期待値 (He) を求めるとともに、近隣結合法による集団系統樹を作成した。また、遺伝的分化の程度を明らかにするため、地域集団間の Pairwise F_{ST} を求めるとともに、AMOVA 分析を行った。サケ野生魚と放流魚の遺伝的多様性や遺伝構造を比較するため、既知のサケ放流魚集団の遺伝分析データ（北海道26集団、Sato et al. 2014）を対照として加え、サケ野生魚の遺伝的特徴の把握を試みた。なお、千歳川

表1. 河川区分の定義。

河川区分	
河川区分1：非放流河川（水系内放流なし）	・調査河川および同一水系内で放流が行われていない河川 ・野生魚が主体
河川区分2：非放流河川（水系内放流あり）	・調査河川で放流は行われていないが、同一水系内の他河川では放流が実施されている河川 ・野生魚が主体だが放流魚も存在
河川区分3：放流・非捕獲河川	・調査河川またはその周辺で放流が行われているが、捕獲はない河川 ・野生魚と放流魚が混在
河川区分4：放流・捕獲河川	・調査河川で放流・捕獲が行われている河川 ・放流魚が主体

*ここで言う「放流」は、市民団体等による非公式な小規模放流を除く。

は河川区分4に含まれる日本の代表的なサケの増殖河川であるが、サケの遡上時期が前期群（10月ピーク）と後期群（12月ピーク）の二峰型を示し、後期群は野生魚であることが知られている（森田・大熊 2015）。今回分析

表2. 各河川区分および放流魚における遺伝的多様性。

AR: アレリックリッチネス、Ho: ヘテロ接合度の観察値、
He: ヘテロ接合度の期待値。

	AR	Ho	He
河川区分1	1.837	0.282	0.278
河川区分2	1.860	0.274	0.283
河川区分3	1.839	0.276	0.280
河川区分4	1.821	0.255	0.266
千歳川後期群	1.791	0.271	0.274
放流魚 (Sato et al. 2014)	1.792	0.269	0.278

*放流魚の値は、Sato et al. (2014) で用いた北海道26集団について再計算したものの。

に用いた標本は12月-2月に千歳川上流域で自然産卵した個体から採集し、また耳石温度標識の調査結果から多くが野生魚だったことから(データ未掲載)、表1で示した河川区分1-4とは別に「千歳川後期群」として分析した。

北海道におけるサケ野生魚と放流魚の 遺伝的多様性および遺伝構造

遺伝的多様性の指標となるAR、Ho、およびHeを表2に示す。野生魚が主体となる河川区分1と2ではARが1.837-1.860、Hoが0.274-0.282、Heが0.278-0.283、放流魚が混在あるいは主体となる河川区分3と4でもARが1.821-1.839、Hoが0.255-0.276、Heが0.266-0.280となり、既知の北海道サケ26集団のデータ(Sato et al. 2014)から計算したサケ放流魚の値(AR:1.792、Ho:0.269、He:0.278)と比べて高くなる傾向を示した。一方、千歳川後期群の集団はARが1.791、Hoが0.271、Heが0.274となり、放流魚と同程度の値となった。

調査河川集団の遺伝構造を明らかにするため、調査河川に北海道26集団を加えて近隣結合法による集団系統樹を作成したところ、調査河川は基本的に既知の北海道5地域集団(日本海・オホーツク海・根室・太平洋えりも以東・太平洋えりも以西)に分かれた(図2)。この結果をもとに、調査した河川集団を地域ごとにグルーピングし、Pairwise F_{ST} を求めたところ、5地域間で0.0029-0.0152の値を示した(表3)。またその値は全ての地域集団間において統計的に有意であった($P < 0.05$)。さらにAMOVAにおいても5地域集団間で非常に弱い有意な遺伝的分化が示された(表4a、0.72%、 $P < 0.001$)。既知の北海道サケ26集団(放流魚)についても同様のAMOVA分析を行い、調査河川集団(野生魚)と比較したところ、地域

内集団間の変異の割合は野生魚集団で高く、また地域内集団間および集団内の F_{SC} および F_{ST} も野生魚集団で高い値を示した(表4aおよびb)。

今回の分析結果では、全ての河川区分において野生魚集団の遺伝的多様性は放流魚集団よりも高かった。ワシントン州Hood Canalにある複数の河川に遡上する夏ザケ系群の放流魚と野生魚についてその遺伝的多様性を調べた研究では、放流魚と比較して野生魚で遺伝的多様性が有意に高くなることが示されており(Small et al. 2014)、今回の我々の結果と一致している。一方、各河川区分における遺伝的多様性はそれらの間で若干異なっており、野生魚が主体と考えられる河川区分1-2および放流魚と野生魚が混在している河川区分3で高く、放流魚が主体と考えられる河川区分4で低くなる傾向を示した。また、同じ野生魚でも千歳川後期群のサケ集団では、河川区分1-2と異なり遺伝的多様性は放流魚と近い値を示した。非捕獲河川では自然産卵が可能であるため、捕獲河川と比較して野生魚が多く存在し、遡上親魚に占める野生魚の割合も高くなると予想される。もしかしたら各河川区分における放流・捕獲の有無や自然産卵の程度、あるいは放流魚と野生魚の割合などが遺伝的多様性に影響しているのかもしれない。今後は耳石温度標識などを用いて放流魚と野生魚の区別が可能な河川において、より詳細に検討していく必要がある。

集団系統樹を作成して各調査河川の遺伝的集団構造を調べたところ、それらは河川区分にかかわらず既知の北海道5地域集団にそれぞれ区分された。この北海道5地域集団は、これまでサケ放流魚集団を中心に行われた日本系サケの集団遺伝学的解析で示されものだが(Beacham et al. 2008; Sato et al. 2014; 佐藤・浦和 2015)、今回の結果はこの区分が北海道のサケ野生魚集団にもそのまま当てはまることを意味する。また、調査した集団間で行ったAMOVA分析やPairwise F_{ST} の結果からも、5地域集団間で遺伝的分化や遺伝構造が存在することが明らかとなった。さらに野生魚は放流魚と比較して地域内集団間に占める変異割合や集団間の遺伝的分化の程度が高いことが示されたが、これは野生魚集団が母川により適応し、独自の遺伝的固有性を持っているためではないかと考えられる。これらのデータは、北海道のサケ野生魚の管理や保全を考える上で、基礎的な遺伝学的情報になると考えられる。

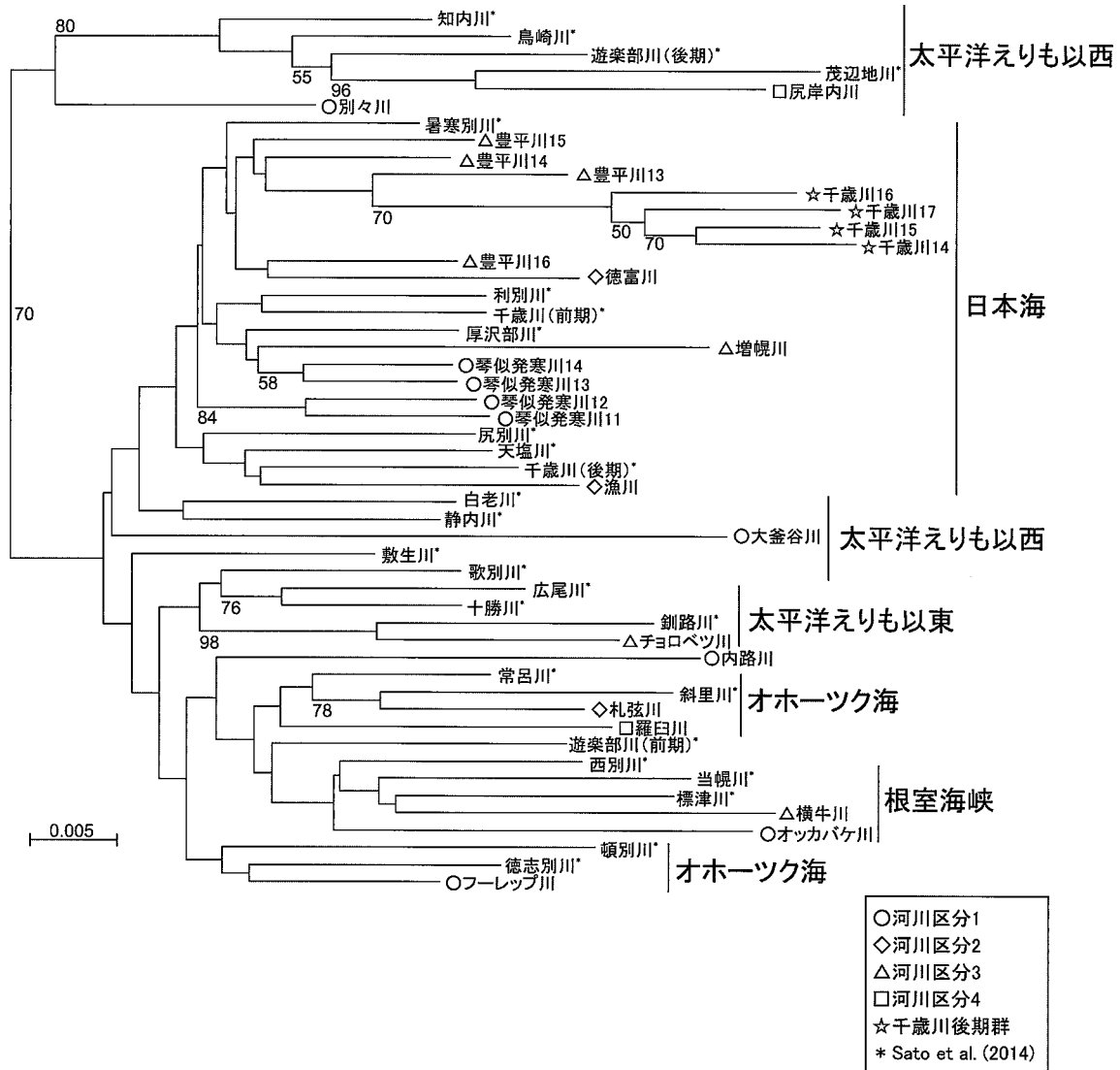


図2. SNP (一塩基多型) 43 遺伝子座のデータをもとにした、北海道サケ 25 集団と放流 26 集団の近隣結合法による集団系統樹。放流 26 集団は Sato et al. (2014) のデータを使用。図中の数字は 1000 回繰り返しによるブートストラップ値で、値が 50% 以上のものを示す。

地域集団内におけるサケ野生魚の遺伝的特徴：
石狩川水系の事例

これまで北海道全体におけるサケ野生魚の遺伝的特徴を見てきた。それでは地域内におけるサケ野生魚の遺伝的特徴はどうか。石狩川水系の徳富川（河川区分 2）、漁川（河川区分 2）、豊平川（河川区分 3）、千歳川後期群および新川水系琴似発寒川（河川区分 1）（図 3）に千歳川放流魚集団（Sato et al. 2014）のデータを加えて主座標分析を行った（図 4）。分析の結果、琴似発寒川は他の河川集団と大きく異なる場所に位置していた。琴似

発寒川はかつて石狩川の支流であったが、石狩川（千歳川）で本格的なふ化放流事業が開始される前の 1887 年に分離された（山口 1983）。また、過去に琴似発寒川でサケが放流された記録はない。徳富川や漁川では市民団体の放流が行われた記録も残されているため、琴似発寒川には石狩川水系の本来の遺伝的特徴が残されているのかもしれない。また千歳川後期群の集団も他の河川集団とは異なるグループを形成した。一方、徳富川と漁川は千歳川放流魚集団と同じ場所にグルーピングされ、豊平川は千歳川後期群集団と他の河川の間付近に位置した。4つのグループ間および石狩川水系内の 3つのグループ間に

表3. 北海道5地域間におけるサケ野生魚の Pairwise F_{ST}

	1	2	3	4	5
1. オホーツク海	-				
2. 根室海峡	0.0080	-			
3. 日本海	0.0079	0.0041	-		
4. 太平洋えりも以東	0.0152	0.0109	0.0029	-	
5. 太平洋えりも以西	0.0072	0.0037	0.0032	0.0072	-

全て $P < 0.05$ で有意 (Bonferroni 補正後)。

における遺伝構造を把握するため AMOVA 分析を行ったところ、それぞれ 0.90% と 0.89% と非常に弱いものの有意な遺伝的変異性があることが確認された ($P < 0.001$)。一方、石狩川水系の3グループ間において Pairwise F_{ST} を求めたところ、千歳川後期群集団と豊平川集団あるいは漁川・徳富川集団間において有意な遺伝的分化が見られた。

久保・小林 (1953) は石狩川本流・千歳川・豊平川で採集したサケ遡上親魚について、計数形質である脊椎骨数を比較し、千歳川と石狩川本流および豊平川の個体群間で明確な違いがあることを示した。今回の遺伝分析の結果でも、千歳川後期群集団、豊平川集団、漁川・徳富川集団の3グループ間で弱い遺伝構造が存在すること、千歳川後期群集団と豊平川集団間または漁川・徳富川集団間で有意な遺伝的分化が生じていることが示され、同一水系内であっても支流間で遺伝的に異なる個体群が存在する可能性が示唆された。一方、豊平川集団と漁川・徳富川集団間では有意な遺伝的分化は見られなかったことから、千歳川上流域に後期群として遡上するサケ野生魚集団は、石狩川水系内でも特に遺伝的に異なる個体群であると言える。

千歳川上流域のサケは、増殖事業に使用するサケ親魚の捕獲が終了する12月中旬以降に遡上し、1月を遡上ピークとする自然産卵の集団である (森田ほか 2013a; 長

谷川ほか 2014)。また耳石温度標識の分析結果から、この時期に千歳川に遡上するサケの大部分が野生魚であることも明らかとなっている (森田・大熊 2015)。先行研究から、千歳川のサケでは野生魚が放流魚よりも高齢かつ大型であることが示されており (長谷川ほか 2013)、その理由の一つとして千歳川の従来の主群であった「後取り群」(毎年12月-2月に河川回帰する群)の生物特性がサケ野生魚において強く残されているためとしている。サケは親の採卵時期と子の回帰時期に親子間で正の相関関係があることが知られており (高橋 2013)、遡上時期による遺伝的分化が存在するとされている (森田・大熊 2015)。今回の分析結果から、千歳川上流域のサケ野生魚が石狩川水系内でも遺伝的に異なることが示されたが、これは12月以降に遡上する千歳川「後取り群」の遺伝的特性が、現在も千歳川のサケ野生魚に残されている可能性を示唆している。

北海道におけるサケ野生魚の遺伝的な存在意義

これまで示した結果から、北海道におけるサケ野生魚が持つ遺伝的特徴の一端が明らかになった。特に、北海道においてサケ野生魚の遺伝的多様性は放流魚と比較して高い傾向にあること、同一水系内であっても集団間で遺伝的分化が生じており、特にサケ野生魚集団間では顕著であることなどが分かってきた。これは、北海道では放流魚とは遺伝的に異なる特徴を持つサケ野生魚が存在することを意味する。

北海道においてサケ野生魚が存在する意義として、以下のようなことが考えられる。一つは、北海道のサケ全体の遺伝的特性の維持に対する貢献である。北海道ではサケマス類の増殖事業として毎年約10億尾 (北海道を5

表4. 分子分散分析 (AMOVA) による (a) 北海道サケ25調査河川集団および (b) サケ26放流魚集団の遺伝的変異性。

(a)	自由度	変異成分	変異の割合	F 統計量	P 値
地域間	4	0.04311	0.72	$F_{CT} = 0.0072$	< 0.001
地域内集団間	20	0.06205	1.04	$F_{SC} = 0.0105$	< 0.001
集団内	6099	5.87213	98.24	$F_{ST} = 0.0176$	< 0.001
合計	6123	5.97729			

(b)*	自由度	変異成分	変異の割合	F 統計量	P 値
地域間	4	0.03891	0.83	$F_{CT} = 0.0083$	< 0.001
地域内集団間	21	0.02629	0.56	$F_{SC} = 0.0056$	< 0.001
集団内	4892	4.64034	98.61	$F_{ST} = 0.0139$	< 0.001
合計	4917	4.70554			

*Sato et al. (2014) のデータをもとに再計算。

北海道におけるサケ野生魚の遺伝的特徴

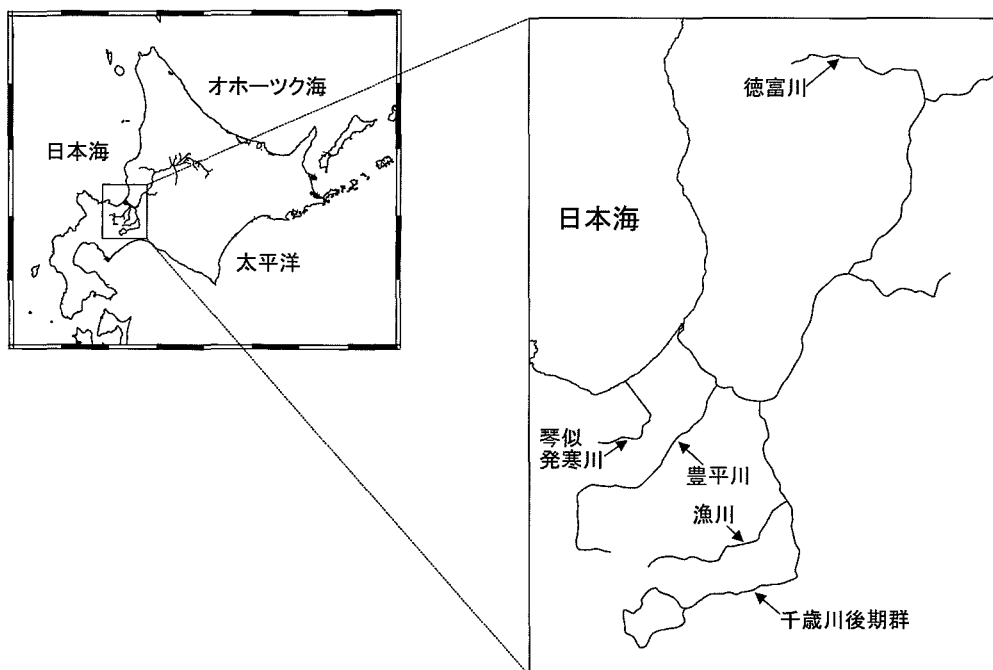


図3. 石狩川水系および新川水系において調査した河川。徳富川、漁川、千歳川後期群、豊平川は石狩川水系、琴似発寒川は新川水系の河川。

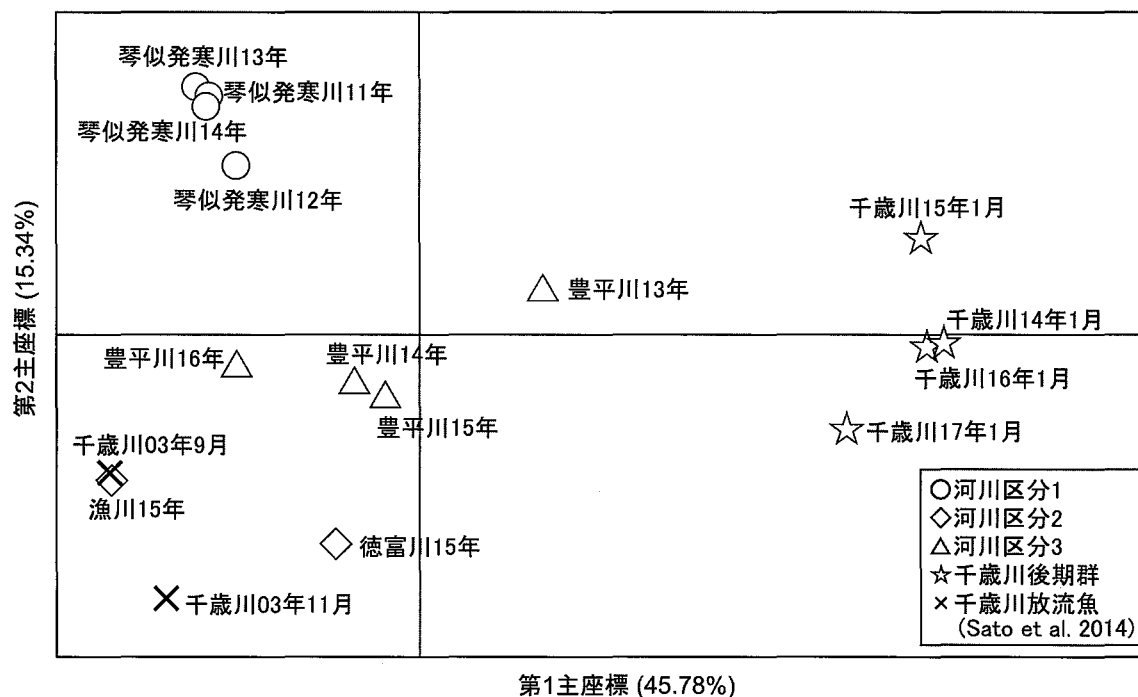


図4. SNP43 遺伝子座のデータをもとにした、石狩川水系4河川（11 集団）および新川水系1河川（4 集団）の主座標分析結果。比較のため、2003年9月および11月に千歳川で捕獲されたサケ放流魚（Sato et al. 2014）も加えて分析。

つの地域（海区と呼ばれる）に分けて各地域約2億尾のサケ稚魚が放流されている。これまでの研究から、北海道を含む日本系サケの遺伝的多様性は、ロシアや北米などと比較しても同程度かそれよりも高いことが示されている（Sato et al. 2004, 2014；佐藤・浦和 2015）。一方、同一地域（海区）内では種卵の確保を目的として河川間で種卵の移殖放流が頻繁に行われており（2002–2004年のサケ移殖卵の割合 = 47.6%；Morita et al. 2006）、遺伝的固有性の減少や遺伝的な均質化が危惧される。実際、今回の分析結果から、サケ放流魚集団は野生魚集団と比べ、5地域内の集団間に占める変異割合が小さいことが示された。これは、地域内の移殖を含むふ化放流事業により、元々地域内の集団間に存在した遺伝的変異性が失われていった可能性を示唆している。サケ野生魚は河川環境や地域環境に適応した遺伝的特性（固有性）を持つと考えられることから、これらを保全することは北海道の各地域に生息するサケが本来有していた遺伝的特性を守ることにつながり、結果として北海道全体のサケの遺伝的特性を維持することに貢献するだろう。

もう一つは、サケ野生魚を利用することによるふ化放流事業の改善への貢献である。近年、ふ化放流事業により生産した放流魚の形質や行動などが、人工飼育の環境に適応していく「家魚化」の問題が危惧されている（森田 2015）。また継代飼育を行っている魚種では、世代が進むにつれて遺伝的多様性の低下が起こることも知られている（例えば Edpalina et al. 2004）。このような状況を改善するため、最近ではふ化放流事業に使用する親魚に占める野生魚の割合を高めようとする「融和方策（Integrated program）」と呼ばれる資源管理方策が北米では実践されている（Hatchery Scientific Review Group 2009；大熊ほか 2016）。これは、それぞれの河川や地域に適応したサケ野生魚の血（= 遺伝子）を、ふ化場で生産する放流魚に取り込んでなるべく野生魚に近づけるといふ、いわば放流魚の「体質改善」を行おうという試みであるが、それには当然ながら、北海道においてサケ野生魚が健全な状態で存在していることが必須となる。

北海道において放流魚とは遺伝的に異なるサケ野生魚が存在するという事実は、遺伝的多様性や生物多様性を守るという意味でも、持続的なサケ資源の利用という観点からも、非常に重要である。それは、サケ野生魚が北海道の生態系において重要なピースの一つとなっているだけでなく、回帰した野生魚も大部分が前浜のサケ定置網漁業で捕らえられ、漁業資源となっているからである。現在、北海道沿岸に來遊したサケの約8–9割が定置網

で漁獲されている。しかし、北海道のサケ野生魚については不明な点はまだ多いことから、引き続きサケ野生魚の遺伝的・生態的な研究を進めていくとともに、彼らが今後も存続できるような資源管理方策を考えていく必要がある。

謝 辞

有賀望氏（札幌市豊平川さけ科学館）、植田和俊氏（パブリックコンサルタント株式会社）、佐橋玄記氏（水産研究・教育機構北海道区水産研究所）および豊平川さけ科学館の皆様には分析標本の提供にご尽力いただいた。また水産研究・教育機構北海道区水産研究所の長谷川功氏、本多健太郎氏、鈴木健吾氏、佐藤智希氏、高橋悟氏、岡本康孝氏（現水産庁）には河川調査および標本採集にご協力いただいた。ここに記してお礼申し上げる。

引用文献

- Araki H, Cooper B, Blouin MS (2007) Genetic effects of captive breeding cause a rapid, cumulative fitness decline in the wild. *Science*, 318:100-103
- 有賀 望, 森田 健太郎, 鈴木 俊哉, 佐藤 信洋, 岡本 康寿, 大熊 一正 (2014) 大都市を流れる豊平川におけるサケ *Oncorhynchus keta* 野生個体群の存続可能性の評価. 日本水産学会誌, 80:946-955
- Beacham TD, Sato S, Urawa S, Le KD, Wetklo M (2008) Population structure and stock identification of chum salmon *Oncorhynchus keta* from Japan determined by microsatellite DNA variation. *Fisheries Science*, 74:983-994
- Edpalina RR, Yoon M, Urawa S, Kusuda S, Urano A, Abe S (2004) Genetic variation in wild and hatchery populations of masu salmon (*Oncorhynchus masou*) inferred from mitochondrial DNA sequence analysis. *Fish Genetics and Breeding Science*, 34:37-44
- 長谷川 功, 宮内 康行, 清水 智仁 (2014) 北海道千歳川で冬季に自然産卵する野生サケの現状. *魚類学雑誌*, 61:125-127
- 長谷川 功, 森田 健太郎, 岡本 康孝, 大熊 一正 (2013) 人工ふ化放流河川におけるサケの成熟年齢・サイズの野生魚–放流魚間比較. 日本水産学会誌, 79:657-665
- Hatchery Scientific Review Group (2009) Predicted fitness effects of interbreeding between hatchery and natural populations of Pacific salmon and steelhead. Columbia River Hatchery Reform Project, Final Systemwide Report-Appendix A. White Paper No. 1:1-38
- Hilborn R (1992) Hatcheries and the future of salmon in the northwest. *Fisheries*, 17:5-8
- Iida M, Yoshino K, Katayama S (2018) Current status of

- natural spawning of chum salmon *Oncorhynchus keta* in rivers with or without hatchery stocking on the Japan Sea side of northern Honshu, Japan. *Fisheries Science*, 84:453-459
- Kaeriyama M (1999) Hatchery programmes and stock management of salmonid populations in Japan. In: Howell BR, Moksness E, Svåsand T (ed), *Stock Enhancement and Sea Ranching*, 153-167. Fishing News Books, Malden
- 環境省 (2012) 生物多様性国家戦略2012-2020 - 豊かな自然共生社会の実現に向けたロードマップ - . 環境省, 東京
- Karlsson S, Diserud OH, Fiske P, Hindar K (2016) Widespread genetic introgression of escaped farmed Atlantic salmon in wild salmon populations. *ICES Journal of Marine Science*, 73:2488-2498
- 勝川 俊雄 (2015) 野生生物資源の管理と持続的利用. (日本生態学会 編) *人間活動と生態系*, 213-230. 共立出版, 東京
- 久保 達郎, 小林 哲夫 (1953) 石狩川のサケの二三の魚群と脊椎骨数及びウロコの数について. *日本水産学会誌*, 19:297-302
- 宮腰 靖之, 卜部 浩一, 安藤 大成, 實吉 隼人, 青山 智哉, 坂本 博幸, 春日井 潔, 永田 光博 (2011) 北海道におけるサケ自然産卵個体群の分布 (資料). *北海道水産試験場研究報告*, 80:51-64
- Miyakoshi Y, Urabe H, Saneyoshi H, Aoyama T, Sakamoto H, Ando D, Kasugai K, Mishima Y, Takada M, Nagata M (2012) The occurrence and run timing of naturally spawning chum salmon in northern Japan. *Environmental Biology of Fishes*, 94:197-206
- 森田 健太郎 (2015) 漁業の特性と生物の適応. (日本生態学会 編) *人間活動と生態系*, 149-166. 共立出版, 東京
- 森田 健太郎, 福澤 博明, 鈴木 健吾 (2019) 北海道千歳川におけるサケ野生魚と放流魚の回帰率の比較. *水産技術*, 11:9-14
- 森田 健太郎, 平間 美信, 宮内 康行, 高橋 悟, 大貫 努, 大熊 一正 (2013a) 北海道千歳川におけるサケの自然再生産効率. *日本水産学会誌*, 79:718-720
- 森田 健太郎, 高橋 悟, 大熊 一正, 永沢 亨 (2013b) 人工ふ化放流河川におけるサケ野生魚の割合推定. *日本水産学会誌*, 79:206-213
- 森田 健太郎, 大熊 一正 (2015) サケ：ふ化事業の陰で生き長らえてきた野生魚の存在とその保全. *魚類学雑誌*, 62:189-195
- Morita K, Saito T, Miyakoshi Y, Fukuwaka M, Nagasawa T, Kaeriyama M (2006) A review of Pacific salmon hatchery programmes on Hokkaido island, Japan. *ICES Journal of Marine Science*, 63:1353-1363
- 西田 貴明 (2017) 次世代の経済・社会と生物多様性の政策統合に向けて. *日本生態学会誌*, 67:197-204
- 大熊 一正, 長谷川 功, 佐藤 俊平, 岸 大弼, 市村 正樹, 飯田 真也, 森田 健太郎 (2016) 平成27年度さけます資源部第1回連絡会議ワークショップ「野生魚を活用した持続可能なさけます漁業と増殖事業」. *Salmon情報*, 10:30-37
- Sato S, Ando J, Ando H, Urawa S, Urano A, Abe S (2001) Genetic variation among Japanese populations of chum salmon inferred from the nucleotide sequences of the mitochondrial DNA control region. *Zoological Science*, 18:99-106
- Sato S, Kojima H, Ando J, Ando H, Wilmot RL, Seeb LW, Efremov V, LeClair L, Buchholz W, Jin DH, Urawa S, Kaeriyama M, Urano A, Abe S (2004) Genetic population structure of chum salmon in the Pacific rim inferred from mitochondrial DNA sequence variation. *Environmental Biology of Fishes*, 69:37-50
- Sato S, Templin WD, Seeb LW, Seeb JE, Urawa S (2014) Genetic structure and diversity of Japanese chum salmon populations inferred from single-nucleotide polymorphism markers. *Transactions of the American Fisheries Society*, 143:1231-1246
- 佐藤 俊平, 浦和 茂彦 (2015) 日本系サケの遺伝的個体群構造. *水産総合研究センター研究報告*, 39:21-47
- 関口 秀夫 (2014) 沿岸海域における海洋生態学の進展と課題：生物多様性をめぐって. *沿岸海洋研究*, 51:175-189
- Small MP, Johnson TH, Bowman C, Martinez E (2014) Genetic assessment of a summer chum salmon metapopulation in recovery. *Evolutionary Applications*, 7:266-285
- 高橋 悟 (2013) サケの採卵時期の違いによる親魚の回帰時期と回帰年齢. *Salmon情報*, 7:16-18
- 山口 甲 (1983) 水を治める. (札幌市教育委員会 編) *札幌と水*, 218-231. 北海道新聞社, 札幌
- Vasemägi A, Gross R, Paaver T, Koljonen ML, Säisä M, Nilsson J (2005) Analysis of gene associated tandem repeat markers in Atlantic salmon (*Salmo salar* L.) populations: implications for restoration and conservation in the Baltic Sea. *Conservation Genetics*, 6:385-397