

琵琶湖のホンモロコの遺伝的集団構造と放流種苗の遺伝的多様性

亀甲 武志・臼杵 崇広・甲斐 嘉晃（京大フィールド研）

1. 目的

近年天然資源を増殖を目的とした種苗放流において天然魚の遺伝的多様性に配慮した増殖事業が求められている。そこで近年のホンモロコ増殖事業においては、天然魚と遺伝的に近い種苗を放流するために、毎年琵琶湖沿岸の複数の産卵場から得たホンモロコの産着卵をもととして、その第3世代まで飼育した種苗を琵琶湖に放流している。しかし、これまで琵琶湖のホンモロコ集団を対象とした遺伝的な集団構造は検証されておらず、天然集団と放流種苗の遺伝的な分化も検証されていない。そこで、琵琶湖のホンモロコ天然集団間での遺伝的な分化、放流種苗と天然集団間での遺伝的な分化、および放流種苗の遺伝的多様性は維持されているかを検証するために、mtDNAの部分塩基配列解析を行った。

2. 方法

2008年から2012年にかけて琵琶湖や内湖の複数の場所において漁獲されたホンモロコ成魚や産卵場から得た産着卵を孵化させた仔魚、そして放流用種苗合計309個体のmtDNAサイトクロームb領域の塩基配列を解析した。

3. 結果

309個体から40ハプロタイプが決定され、最節約的にハプロタイプネットワークを構築した(図1)。主要なハプロタイプはハプロタイプ3と5であり、全個体の6割がそのどちらかであった。ほかのハプロタイプはその主要ハプロタイプから数塩基置換していた。漁獲親魚、仔稚魚、放流種苗間の遺伝的な分化を Φ_{st} 値により検定したところ、集団間・集団内いずれも有意な遺伝分化は検出されなかった(図2)。ハプロタイプ多様度や塩基多様

度は漁獲親魚と比較して仔稚魚はほぼ同じレベルであったが、放流種苗は少し低下する傾向が見られた。以上から、ホンモロコ種苗放流においては、天然集団から種苗生産を行い、長期間継代飼育を行わないことが重要であると考えられた。

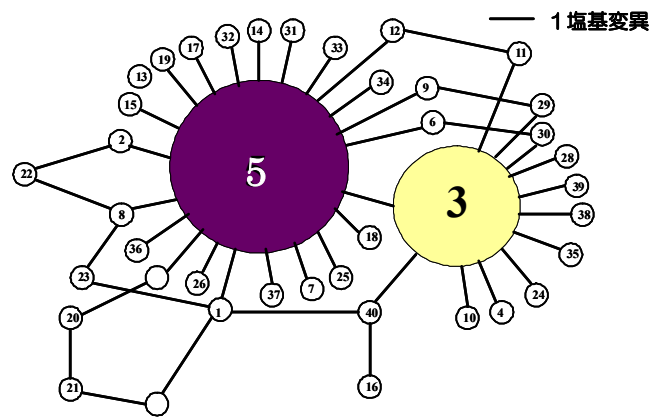


図1 ハプロタイプネットワーク樹

	漁獲親魚	仔稚魚	放流種苗
漁獲親魚	0.00019		
仔稚魚	0.001808	0.02099	
放流種苗	-0.00691	0.006722	-0.00315

図2 集団間・集団内での Φ_{st} 値

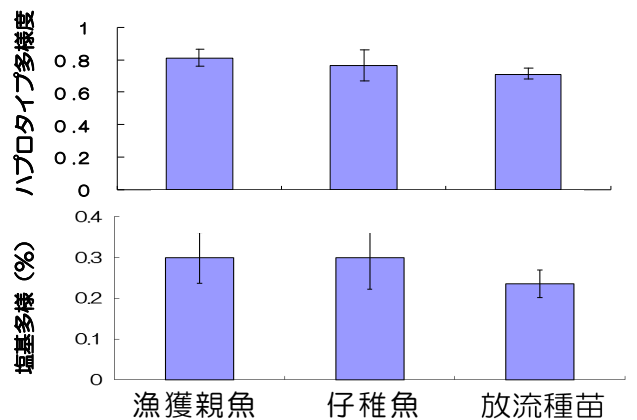


図3 各集団内の遺伝的多様性