

開放性海域におけるヒラメ放流魚の移動および産卵群への 加入過程の定量的評価

藤井徹生*

Migration of released hatchery-reared Japanese flounder *Paralichthys olivaceus* along the Sea of Japan

Tetsuo FUJII*

Abstract A method of tracking released Japanese flounder *Paralichthys olivaceus* was developed. The mitochondrial DNA of the Japanese flounder is characterized by the extremely high sequence variability especially in the control region. In this method, sequences of hatchery-reared juveniles should be analyzed first. The sequence data are then registered in a database, so that when the flounder later caught, where they originally been produced can be determined. Results from mtDNA tag showed that released Japanese flounder began to migrate in their second winter mainly against Tsushima current, which streams from southwest to northeast. Some of them migrated more than 300km and flounder from several hatcheries were recaptured together. The mitochondrial DNA tag is useful not only for the elucidation of the migration but also for the monitoring of the genetic diversity.

Key words: Japanese flounder, mtDNA tag, migration,

ヒラメの種苗放流事業は1970年代に始まった。放流量は1980年代にはいって急激に増加し、近年は全国で年間2,500万尾の種苗が放流されている。放流技術の進歩により回収率（漁獲尾数／放流尾数）が30%を上回る事例も報告されるようになり、海域によっては混獲率（漁獲物中に放流魚が占める割合）が50%近くに達している。回収率や混獲率で示される数値はいわば直接的な放流効果であるが、間接的な放流効果として放流魚の再生産への貢献が考えられる。放流魚が再生産に大きく貢献していれば種苗放流を行わない場合に比べて次世代以降にわたって資源が上積みされることが期待できるが、その反面、種苗放流が天然集団におよぼす遺伝的な影響が懸念される。本研究では分子生物学的な手法を用いてヒラメ放流魚がどの程度再生産に貢献しているかを明らかにし、次世代以降の資源に放

流魚由来のヒラメが占める割合や種苗放流が天然集団におよぼす遺伝的な影響を評価することを最終的な目的とする。そのためにはまず、産卵親魚群にどのような遺伝的特性をもった放流魚がどれくらい加入しているかを把握する必要がある。そこで第1期では日本海沿岸を調査海域として、ヒラメ放流魚の移動および産卵群への加入過程を定量的に評価することを目的とした。

DNA標識について

主に天然ヒラメの標識放流・再捕調査の結果から、ヒラメは時には府県境を越えて数百kmにも及ぶ移動をすることが知られているが、それらの調査結果の多くは定性的であり定量的な結果はほとんど得られていないのが現状である。放流ヒラメについては無眼側の色



Fig. 1. Typical abnormal pigmentation found on the blind side of the hatchery-reared Japanese flounder. (Upper fish. Lower fish is a wild one.)

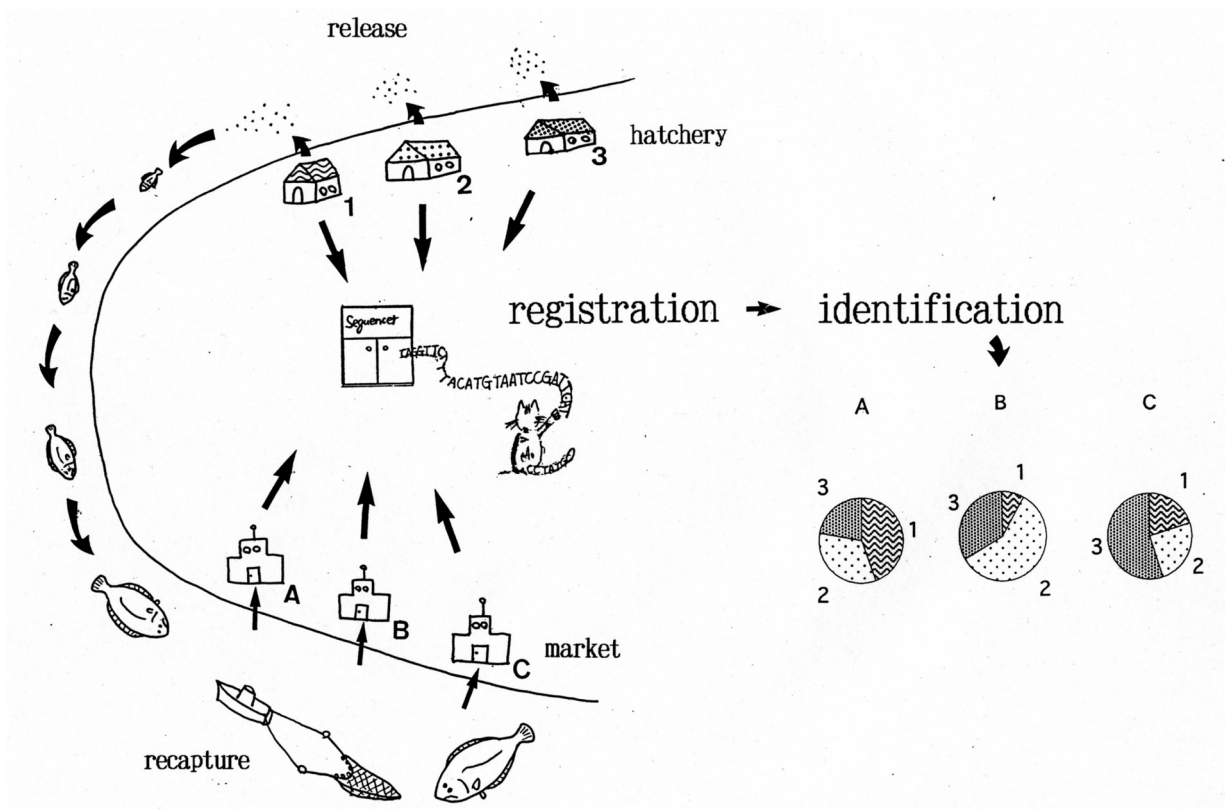


Fig. 2. Concept of a mitochondrial DNA tag.

素異常 (Fig. 1) を指標に放流効果の調査が行われてきたが、この方法ではどこで放流されたものであるかはわからない。従来の標識を放流種苗に装着するには脱落、稚魚への負担、手間、発見率、コスト等の問題があり、その移動の実態解明の障壁となってきた。そこで、本研究ではミトコンドリアDNA (mtDNA) の塩基配列の変異を標識にして放流ヒラメの由来を明らかにすることを試みた。

この手法は放流種苗のミトコンドリアDNA (mtDNA) の調節領域と呼ばれる部分の塩基配列を放流する前に分析しておき、漁獲された放流魚 (無眼側に体色異常のあるヒラメ) のそれと照合してどこで生産、放流されたものであるかを明らかにするものである (Fig. 2)。

ミトコンドリアDNAは核DNAの約10倍の進化速度があるといわれているが、中でも調節領域は変異に富んでおり、天然ヒラメではほとんど個体ごとに塩基配列が異なるくらいの高い変異性が報告されている (Fujii and Nishida, 1997)。種苗生産施設の親魚も元を正せば天然魚であるから種苗生産施設ごとに異なったタイプのmtDNAを持つ親魚があり、当然種苗のmtDNAの型も施設ごとに異なると考えられる。このことがmtDNA分析による漁獲された放流魚の由来の特定を可能にするのである。この手法には以下のような利点がある。まず、mtDNA分析はごく少量の試料からも可能であり、試料の鮮度もあまり問題にならない。つまり鱗1枚やヒレの先端からでも分析できるため、魚体を買上げる必要がない。もちろん脱落や変質の心配がなく、個体ごとの情報を得ることができる。さらには種苗や再捕された放流魚の遺伝的多様性に関する情報も得ることができる。1検体分析するのにかかる試薬・消耗品代は筋肉組織からで400円、鱗からでは800円程度であり、週に200個体程度の分析が可能である (Fujii, 2003)。

放流種苗の分析結果

日本海沿岸14カ所の種苗生産施設で生産されたヒラメ人工種苗59生産群2,110個体および親魚11群648個体のmtDNA調節領域前半部分375塩基対の塩基配列分析を行い、出現した塩基配列のタイプ (ハプロタイプ) を明らかにした。検出したハプロタイプはDNASIS[®] Pro (日立ソフト) を用いてパソコン上のデータベースに登録した。また、各府県の年度ごとの種苗生産および放流記録から各生産群の放流海域を把握した。

日本海北部においては生産施設ごとに異なったハプロタイプを持つ種苗が生産されており、DNA分析によ

り種苗の由来が明らかにできることが確認されたが、西部では一部の隣接する施設で同じ親魚群に由来する魚を親魚として養成していたり、卵をやりとりした例があり、これらの種苗の生産施設をDNA分析により特定することは現状では不可能であった。

ヒラメ種苗の分析により検出されたハプロタイプの数は親魚の数よりも親魚の由来 (天然親魚か養成親魚か) に依存し、天然親魚から生産された種苗では1群あたり5~18のハプロタイプが検出されたのに対し、養成親魚から生産された種苗では1~4のハプロタイプしか検出されなかった。ハプロタイプの頻度の偏りの指標になるハプロタイプ多様度も同様に親魚の数よりも親魚の由来に依存し、天然親魚から生産された種苗では0.62~0.91であったのに対し、養成親魚から生産された種苗では0~0.66であった。ハプロタイプ多様度が0 (つまり、ひとつのハプロタイプしか検出されなかった) であった生産群は2カ所の種苗生産施設で認められた。いずれも経代飼育した養成親魚を用いている施設であり、親魚の早急な入れ替えが必要であると考えられる。

再捕された放流ヒラメの分析結果

日本海沿岸各地で漁獲された無眼側に体色異常のあるヒラメ (放流魚とみなされている) 2760個体のmtDNA塩基配列分析を行い、放流種苗のデータベースと照合して生産された施設およびおおよその放流海域を特定した。漁獲された放流魚の約70%は全長40cm以下の1, 2歳魚で、多くの海域においては漁獲された放流魚の80%以上をその海域で放流されたヒラメが占めていた。この傾向は成熟サイズにあたる全長40cm以上のヒラメにおいても同様であり、放流ヒラメの移動は当初予想されていたよりも小さいと考えられる。

隣接する府県で放流されたヒラメが漁獲物に占める割合は晩秋から冬にかけて増加し、日本海西部では全長40cm以上、北部では35cm以上の個体においてその傾向が顕著であった。このサイズは1歳魚に相当し、放流ヒラメの移動は1歳魚以上、季節としては晩秋から冬にかけて活発になると推察された。この結果は従来の標識放流・再捕調査の結果と一致した。

長距離移動の例としては山形産のヒラメが富山湾東部で、石川産のヒラメが鳥取県で、京都産のヒラメが島根県で漁獲された例があり、対馬海流の上流方向に向かう移動が際立った。一方、島根産のヒラメが若狭湾西部で漁獲された例も4例あった。また、能登半島を越える移動については、能登半島東岸で漁獲された放流魚306個体中に富山産のヒラメが2個体 (0.82%)、

北岸の283個体中に富山産が4個体(1.4%)および福井産が9個体(3.2%)、西岸の455個体中に福井産のものが10個体(2.2%)みられた。従来の標識放流・再捕調査の結果と同様に能登半島を越えて移動した個体は認められず、能登半島北岸の輪島では富山産、福井産の放流ヒラメがともに漁獲されていた。

生産施設を特定できなかった個体に関してはその原因を検討した。原因の一つとして考えられるのはデータベースの不備である。特に3歳以上の高齢魚については本研究の開始前に放流されたものが多く、放流後からデータベース作成開始の間に親魚の入れ替えがあった場合には生産施設を特定できない。また、若齢魚の生産施設を特定できない原因としては無眼側に体色異常のある天然魚の存在が考えられる。生産施設を特定できなかった個体は体色異常の軽微なものが多く、mtDNAの多様性の指標であるハプロタイプ多様度が天然魚並みに高いことから、それらの多くは何らかの理由で無眼側の体色に異常をきたした天然魚であると推察した。

定量的評価と第2期への展望

本研究で分析した2,760個体のうち1,455個体は若狭湾西岸(京都府)から能登半島西岸(石川県)において漁獲された放流ヒラメであった。非常にデータの充実したこの海域において、全長別に放流ヒラメの移動を検討した。若狭湾中央以外の3海域においては漁獲された放流魚の約90%以上を自府県で放流されたもの(自府県産と呼ぶ)が占めていた。他府県産のヒラメ割合は全長40cm以上で高くなる傾向があったが、全長50cm以上でも71%(若狭湾東岸)から93%(能登半島西岸)を自府県産のものが占めた。若狭湾中央で漁獲された放流ヒラメは、京都府沿岸からも福井県沿岸からもほぼ等距離にあるという地理的な特徴を反映して、福井産のヒラメと京都産のヒラメの割合が拮抗した。従来、ヒラメは成長に伴って海流の上流(日本海西部では西)へ移動すると考えられていたが、漁獲された放

流ヒラメに石川産のヒラメの占める割合は若狭湾中央9.5%、若狭湾東岸2.2%、若狭湾西岸では0.46%(全長40cm以上のものに限るとそれぞれ8.9%、8.7%、0%)にとどまった。また、福井産のヒラメが若狭湾西岸で漁獲された放流ヒラメに占める割合は3.6%(全長40cm以上で8.8%)であった。以上のように放流ヒラメの移動は従来考えられていたよりも小さく、海域間の漁獲量や混獲率の違いを勘案すると石川県および福井県の場合は放流したヒラメの80%以上は自県内で漁獲されていると推察された。

ヒラメの成熟サイズは♂35cm♀40cm前後と考えられている。若狭湾中央で漁獲される成熟サイズのヒラメに放流魚が占める割合は8%前後であり、この群が若狭湾におけるヒラメの産卵群を代表すると仮定すると、放流ヒラメの個体数レベルでの再生産への貢献度は福井産4%、京都産3%、石川産1%程度であると推察された。

また、放流ヒラメの再生産への貢献を把握するための基礎資料として、漁獲された放流魚のうち性別の明らかになった1450個体の性比に検討を加えたところ、その性比は天然集団と同様にほぼ1:1で、種苗放流が天然集団の性比に与える影響は小さいと判断した。

第II期は、これらの結果をベースに若狭湾沿岸を調査海域として放流ヒラメの再生産への貢献を評価する計画である。

文 献

- Fujii T. and Nishida M., 1997: High sequence variability in the mitochondrial DNA control region of the Japanese flounder *Paralichthys olivaceus*. *Fish. Sci.*, **63**, 906-910.
- Fujii T., 2003: Tracking released Japanese flounder by mitochondrial DNA sequencing. *Proceedings of the thirtieth U.S.-Japan meeting on aquaculture*, 51-53.