

さけ・ます増殖事業における種卵の長距離移殖に対する考え方

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 さけます資源研究部

北海道を含む日本のサケ資源は、基本的にふ化放流を中心とする増殖事業で維持されており、その放流数は現在日本全体で年間約 20 億尾に達する。一方、日本におけるサケ回帰資源量は、放流数が一定であるにもかかわらず増減が大きく、近年では減少傾向にある。さらに北海道内においては、サケ回帰資源量の地域間格差が広がってきている。

北海道におけるサケの増殖事業（捕獲・採卵・放流）は、毎年北海道が「さけ・ます人工ふ化放流計画」を策定し、それに基づき民間増殖団体が中心となり実施されている。サケの放流数については北海道全体で約 10 億尾（北海道を 5 つの海区に分け、各海区約 2 億尾）とされ、この 10 年間は一定である。この放流計画数を達成するため、民間増殖団体は漁業者や行政機関と協議しながら、必要に応じて網揚げ等の漁業規制を実施し、種卵確保に努めてきた。しかしながら、先に述べたように北海道におけるサケの回帰資源量は減少しており、また地域間格差も大きくなっていることから、近年では現在の漁業規制のみで放流計画数の確保が困難な自体に直面することが多くなり、他海区から種卵の供給を受ける「移殖放流」を検討せざるを得ない事態が出てきた。

種卵の長距離移動を伴う海区間の移殖放流は、回帰資源の平準化・早期回帰資源の造成・種卵不足の際の補填といった目的から 1990 年代半ばまで実施されていた（事業区分の関係で一部河川間では現在も海区を跨ぐ形での短距離の移殖放流が実施されている）。しかしながら、研究の進展に伴い、地域個体群や遺伝的多様性の保全あるいは生物多様性に配慮したふ化放流事業の実施といった新しい考え方が主流となり、移殖放流に対する懸念が指摘されるようになった。そのため、北海道では基本的に種卵の海区間移殖は主要な増殖方法として採用されていない。一方で、同一海区内における種卵確保のための移殖放流は頻繁に行われており、また昨今の種卵不足に対応するために必要最低限の海区間移殖を実施したいという声も出てきている。これらを踏まえ、ここでは移殖放流に関するいくつかの研究結果を紹介すると共に、種卵の長距離移殖に対する当所の考え方を示す。

1. 移殖放流は資源造成に効果があるのか？

水産業で移殖放流を行う目的は、放流先における対象種の資源の増大であり、さけ・ます類であれば回帰資源量を多くすることであろう。また資源が全くない場所であれ

ば、移殖放流を行うことで新たな資源を造成し、それらを漁業資源として利用することが狙いとなる。しかしながら、いくつかの例外を除き、その狙いとは裏腹に、移殖放流を行ってもそれらはほとんど定着せず、期待するような資源造成効果が得られない場合が多く見られる。

例えば、米国アラスカ州の Puget Sound において 1950 年代～1960 年代にかけて行われたカラフトマス偶数年級群確立の試みでは、1949 年～1959 年にアラスカ州の他地域の河川あるいはカナダのブリティッシュ・コロンビア (BC) 州の河川からカラフトマス稚魚約 170 万尾を、1959 年～1964 年には BC 州の河川からカラフトマス卵約 3,200 万粒をそれぞれ移殖放流した。しかしながら親魚として回帰したカラフトマスは皆無であり、Puget Sound における移殖放流による偶数年級群の確立は失敗に終わった (Quinn 2005)。日本国内でも北海道の遊楽部川や岩手県の安家川において、北海道オホーツク海からの移殖放流によるカラフトマスの資源造成が試みられたが、いずれにおいても移殖群の定着は見られなかった (稲荷森・佐藤 1997 ; 田中 2012)。

北海道の尻別川と斜里川において実施されたサクラマスの交換放流試験では、いずれの河川においても在来個体群の方が移殖放流群よりも再捕数や再捕率ははるかに高いという結果が得られた (真山他 1989, 表 1)。また、北米においてふ化場産のギンザケを用いて行われた移殖放流試験では、基本的に移殖元と移殖先のふ化場間の地理的距離が大きくなるほど、移殖先に回帰した移殖放流群の (相対的な) 再捕率が指数関数的に減少することが示された (Reisenbichler 1988, 図 1)。興味深いことに、上述の真山他 (1989) で得られた結果は図 1 の近似曲線にもあてはまり、ギンザケとサクラマスで同様の定量的傾向を示すことがわかった。

近年行われている種卵の長距離移殖の事例として、北海道根室地区へのカラフトマス種卵の移殖放流があげられる。過去のアロザイムおよびミトコンドリア DNA を用いた遺伝分析結果から、日本のカラフトマス集団は偶数年級群と奇数年級群の間に大きな遺伝的分化が存在するものの、同一年級内の河川集団間では統計的に有意な遺伝的分化が検出されず、明瞭な地域集団構造が見られないことが示唆されている (岡崎 1991 ; 虎尾・柳本 2015, 2017 ; Sato and Urawa 2017)。そのため、日本系カラフトマスはサケと異なり、各年級群でそれぞれ 1 系群と考えられている (ただし、上記の分析では基本的に過去に移殖放流が行われた増殖河川を調査対象としていること、マイクロサテライトや SNP などのより解像度の高い遺伝マーカーを用いた分析ではないことなどから、本来の個体群構造を把握しきれていない可能性がある)。カラフトマスの回帰資源量が低迷し種卵確保が困難になってきた 2012 年以降、オホーツク地区の徳志別川や斜里川などから根室地区の伊茶仁川へ、毎年 420 万～450 万尾前後のカラフトマスの移殖放流が実施されている。しかしながら、それら移殖放流群の回帰年において、伊茶仁川へのカラフトマス回帰資源量の明確な増加は現時点では見られていない (表 2)。オホーツク海区および根室海区では、2017 年度から 5 カ年計画でカラフトマス全数標識放流および回帰親魚調査を実施する予定であることから、今後カラフトマス種卵の長距離移殖およびその放流効果について検証されるものと期待される。

さらに、日本の太平洋側におけるサケ自然産卵遡上の最南限である利根川では、減少したサケ回帰資源の回復を行う目的で、利根川上流の群馬県と埼玉県からサケ稚魚の放流が行われてきた。このうち 1982 年～1996 年の 15 年間は毎年 40 万尾以上の北海道産サケが移殖放流された（斉藤 2016）。しかし、放流を行っていたこの 15 年間で利根川へ遡上するサケ親魚数は回復せず、移殖放流の効果はほとんど見られなかった（図 2）。一方、1997 年以降はサケの放流が群馬県の単独実施となったため、その放流数は減少に転じた。また放流種苗の由来も、これまでの北海道産から 1997 年～2006 年は福島県産、2007 年以降は地場卵である利根川産に順次切り替わっていった。すると、サケ稚魚の放流数が最盛期の 1/10 以下になった 2004 年以降、利根川に遡上するサケ親魚数は急激に増加し、2009 年と 2010 年は年間約 9,000 尾という利根川におけるサケ最多漁獲記録の水準まで回復した（斉藤 2016、図 2）。また 2011 年以降は年間 10,000 尾を越えるサケ遡上親魚が確認される年が出てくるようになった。これらの結果は、移殖放流を行っても移殖放流群はうまく移殖先に定着することができず、資源として貢献することが難しいことを示している。

それではなぜ移殖放流魚が移殖先でうまく定着できないのだろうか？ 現在考えられている要因の一つは移殖先における移殖放流魚の適応度の低下である。ここでの適応度とはある河川における生残率や繁殖成功率のことを指す。適応度は一般的に野生魚と比較し放流魚で低く、特に移殖放流魚と野生魚の間でその差が大きいことが知られている（Araki et al. 2008）。このことは、高い母川回帰性を持つさけ・ます類が、その進化の過程でそれぞれの河川環境あるいは地域環境に適応し、その結果それぞれの生息環境にマッチした遺伝的・生態的特性を有していることを示唆している。また別の要因として異系交配弱勢（Outbreeding depression）があげられる。異系交配弱勢とは同じ種であっても異なる環境に適応し遺伝的に離れている個体を掛け合わせると、その子供世代（F1）あるいは孫世代（F2）において適応度が低下するというものである。これまでの研究でも、地理的に約 1,000km 離れた二つのカラフトマス個体群を掛け合わせて得られた F1 および F2 において、それぞれ適応度（ここでは回帰率）が低下することが示されている（Gilk et al. 2004）。このことは、移殖放流群と在来個体群との間で生じる異系交配弱勢がその子孫の適応度を低下させ、その結果回帰資源として定着できていない可能性を示唆している。

2. 移殖放流が在来個体群に及ぼす遺伝的・生態的影響および防疫上の問題

上記で述べたように、さけ・ます類はその高い母川回帰性によりそれぞれの生息環境に適した形質・生態・行動などを進化させ、各地域に固有の地域個体群を作り上げてきた。そのため、それぞれの集団が持つ特性を無視した移殖は、在来個体群が持つ地域環境に適応した優れた形質を消滅させる恐れがある。

本州日本海側の山形県を流れる月光川は、同県における主要なサケ増殖河川である。月光川は元々 12 月上旬（後期）を遡上ピークとする一峰型の資源構造であったが、前期に回帰する資源を造成する目的で 1978～1993 年の 15 年間にわたり、北海道の各河

川から発眼卵の移殖放流が行われた。その結果、過去には存在しなかった 10 月下旬に遡上する前期群が徐々に現れはじめ、2003 年には前期群と従来の後期群の二つの遡上ピークを持つ二峰型の資源構造に変化した（佐藤・浦和 2015）。アロザイムおよび SNP を用いた遺伝分析の結果から、月光川前期群は遺伝的に北海道、特に千歳川に近いことが明らかとなり、前期群は 15 年間にわたり実施された発眼卵移殖の結果、移殖放流群が少なくとも短期的には定着したものと考えられた（Sato et al. 2014; Urawa 2002）。一方で、1997 年・2000 年および 2003 年に月光川で実施された遺伝モニタリング調査では、遺伝マーカーとして使用したイソクエン酸脱水素酵素の対立遺伝子頻度組成が、前期群と後期群の間で年を経る毎に類似してきていることがわかった。これは月光川の前期群（移殖放流群）と後期群（在来個体群）の間で遺伝的混合が起こり、在来個体群の遺伝的特性が失われつつあることを示唆している（さけ・ます資源管理センター 2004）。

移殖放流が移殖先の個体群の生態的特性を変化させている事例としては、北海道における岩尾別川への西別川カラフトマス卵の移殖が挙げられる（真山 1985）。2 年サイクルの生活史をとるカラフトマスは奇数年と偶数年で豊漁と不漁を繰り返すが、それを安定させるため、1966 年に西別川から岩尾別川へ 9 月中旬に採卵したカラフトマス卵 202 万粒が初めて移殖された。移殖放流群の回帰年である 1968 年、岩尾別川に回帰したカラフトマス親魚は約 22,000 尾にのぼり、過去最高を示した。しかしながら、親魚の遡上盛期は通常の 9 月中旬より約二週間早い 8 月下旬で、未熟な状態の親魚が多く見られた。岩尾別川の流程は約 7km、西別川の流程は約 85km であることから、これら早期に遡上した親魚はおそらく西別川の回帰特性（未熟な状態で河口にたどり着き、遡上しながら成熟する）を持った個体だったと考えられた（真山 1985）。またその後、移殖放流がないにもかかわらず、岩尾別川のカラフトマスの遡上盛期が変動するようになった。これは、岩尾別川のカラフトマス集団が持っていた回帰特性が、西別川からの移殖放流群の影響により変化した（失われた）可能性を示唆している。

さらに近年では、野生魚に対する移殖放流の影響も懸念される。これまで北海道には基本的にサケやカラフトマスの野生魚は存在せず、存在してもわずかであろうと考えられてきた。しかし最近の研究から、北海道の河川においても自然産卵を行い再生産しているサケ（森田他 2013；宮腰他 2011；Miyakosi et al. 2012）やカラフトマス（横山他 2010；Torao et al. 2011；飯田他 2014）の野生魚が存在することが指摘されている。また、これら野生魚が北海道のさけ・ます資源やふ化放流事業に貢献している可能性も示唆されている（森田他 2013；Ohnuki et al. 2015）。自然環境下で繁殖する野生魚は自然選択にさらされているため、それらが生息する河川環境に適応した河川固有の遺伝的・生態的・形態的特性を持つ可能性がある。実際に、千歳川ではウライが撤去された後の 12 月以降に遡上し、上流域で自然産卵する野生個体群が存在しており、その遺伝的特性は放流魚と比較し有意に異なっていることが判明した（佐藤 未発表データ）。そのため、野生個体群が存在する河川に移殖放流を行った場合、移殖放流群

と野生魚の間で遺伝的交雑が生じ、その結果野生魚が持つその河川固有の遺伝的特性が消失する可能性がある。

移殖放流が在来個体群に与える影響を考える上でもう一つ重要なのが、魚病や寄生虫の拡散リスクといった、防疫上の問題である。例えば IHN（伝染性造血器壊死症）は元々米国西海岸のベニザケやマスノスケにのみ見られる風土病であったが、1970年に米国から北海道にベニザケ発眼卵が移殖された際、一緒に IHN ウイルスが持ち込まれ、その後ニジマス養殖を通じて日本全国に急速に広まったと考えられている（吉水 2013）。現在では IHN に対する防疫対策が進み、養殖場やふ化場における稚魚の大量死の発生は少なくなったものの、IHN ウイルスを保菌しているキャリアーと呼ばれる個体は存在していると考えられており、IHN が発生する潜在的リスクは常に存在している。また、北欧のノルウェーでは 1970 年代初頭にバルト海産タイセイヨウサケの移殖が行われたが、同時に *Gyrodactylus salaris* という寄生虫も持ち込まれた（Mo 1994）。ノルウェーのタイセイヨウサケは *G. salaris* に対する抵抗性を持たないため（Bakke et al. 1990）、*G. salaris* はノルウェーの多くのタイセイヨウサケ野生個体群に拡散し、その結果ノルウェーの 45 河川においてタイセイヨウサケ野生個体群が絶滅に陥った（Peeler et al. 2004）。この様に、移殖放流には対象魚だけでなく病原体や寄生虫も一緒に移殖先へ持ち込むリスク、そして持ち込まれた病気が急速に広まり、それらに対する抵抗性を持たない在来個体群の大量死や資源減少を引き起こすリスクが常に存在する（Yoshimizu 1996）。一度入り込んだ魚病や寄生虫を根絶することは非常に難しいことから、病原体の拡散が在来個体群や生態系、そして地域の資源に与える負のインパクトは時に非常に大きなものとなる。

3. 種卵の長距離移殖に対する考え方

これまで見てきた内容から、種卵の長距離移殖は労力の割に効果は薄く、移殖先の在来個体群の遺伝的・生態的特性等に大きな影響を与え、さらに防疫上のリスクが存在することが明らかとなった。一方で、一度失われた在来個体群固有の遺伝的・生態的特性を回復することは容易ではなく、不可能に近い。また日本政府が策定した「生物多様性国家戦略 2012-2020」では、さけ・ます増殖事業は「北太平洋の生態系との調和を図り、生物として持つ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」することが明記されている。これらを総合すると、**種卵の長距離移殖、特に海区を跨ぐような長距離移殖は極力避けるべきである**。仮にこのような移殖により種卵確保を行い、4 年後の回帰資源量が増加しても、それは一時的なものである。長期的には移殖放流群の影響により在来個体群の持つ遺伝的多様性・固有性の喪失や適応度の低下が起これ、結果として将来の回帰資源量の減少につながる可能性がある。我々はこの様な負の遺産を将来の世代に引き継ぐのではなく、遺伝的・生態的に健全で持続的な再生産が可能な安定したサケ資源を残さなければならない。

北海道へのサケ回帰資源量が変動し減少が続いている中、毎年一定数の種卵確保を

安定的に行う方法を見つけることは、現時点では難しい。しかしながら、量（種卵数・放流数）の確保ではなく質（健苗性）の確保は現時点でも可能なはずである。日本のサケは遺伝的に異なる7つの地域集団で構成され、このうち北海道には5つの地域集団が存在している（Beacham et al. 2008; Sato et al. 2014; 佐藤・浦和 2015、図2、図3）。またこれらの地域間で主要な生物学的特性を比較すると、多くの地域間において異なっていることが認められた（斉藤他 2015、表3）。この結果は各地域集団が過去長い年月をかけて生き残った集団であり、それぞれの地域の河川環境や沿岸環境に最も適応した「地場」の魚であることを示している。この優れた形質をもつ地場の魚から確実に採卵を行い、より強く、より健康なサケ稚魚を作り放流することが、4～5年後のサケ回帰資源の確保や長期的なサケ回帰資源量の回復につながるのではないかと考える。そのためにも、各地域において移殖放流が必要な場合は、自らの「地場の魚」を最も大切にすることを意識しながら、それぞれの地域の実態に合わせて移殖元や移殖先の河川を選択することが重要である。また将来的には、採卵計画についても毎年各海区一定にするのではなく、例えば各海区の最近10年間の平均回帰尾数から採卵計画を作成したり、採卵計画数に幅を持たせて親魚の遡上状況に応じて柔軟に対応するなど、各海区の回帰の実態に応じた計画作りを行うべきではないかと考える。カラフトマスについても、現時点では各年級群ごとに1系群であるとされているが、近年の研究から同一年級群のカラフトマス集団間において形態的な違いがあることが指摘されている（Ando et al. 2010; 下田他 2010; Sahashi and Yoshiyama, 2016）。例えば、北海道の当幌川支流サクラ川を選択的に利用し自然再生産を繰り返しているカラフトマスの地域集団の存在が知られており、遡上時期や形態が他の河川に遡上するカラフトマスとは明らかに異なるが、ミトコンドリアDNAの分析では統計的に有意な違いが検出されていない（虎尾・柳本 2015）。そのため、現時点の集団遺伝学的分析では検出できていない地域集団が日本系カラフトマスに存在している可能性もあることから、2017年度以降に実施されるカラフトマス全数標識放流試験の結果等も踏まえ、詳細な分析を進めて日本系カラフトマスの実態を明らかにしていくとともに、その特性に応じたふ化放流事業を実施していくことが重要である。

4. 海区間における種卵の長距離移殖が不可避になった場合の原則的対応

あらゆる方法を検討・考慮してもなお長距離の移殖放流が不可避となった場合は、以下の原則に則り、移殖放流計画を作成する。

- ① なるべく遺伝的・地理的距離が近い集団を移殖元とする。
- ② 河川規模などの河川環境や遡上時期・採卵期間などの生物的特性が、移殖元と移殖先で類似している集団を選択する。
- ③ 移殖放流数は、必要最小限とする。
- ④ 移殖放流個体には原則全数外部標識を行い、移殖放流魚であることがわかるようにする。
- ⑤ 移殖放流群の放流場所は、在来個体群のみならず野生魚への影響が最小限に

なる場所を選択する。

- ⑥ 回帰親魚については、外部標識の有無から移殖放流個体を識別し、標識魚はふ化放流事業に利用しない。また、近隣河川で移殖放流個体の遡上が確認された場合は取り上げる。
- ⑦ 移殖放流個体が回帰する期間には、遺伝的・生態的な影響に関するモニタリング調査を実施する。

参考文献

- Ando, D., M. Fujiwara, Y. Miyakoshi, Y. Shinriki, H. Hayano, and M. Nakajima. 2010. Evaluation of population differences using gill raker count in pink salmon *Oncorhynchus gorbuscha*, in three rivers on Hokkaido Island. *Fish Genetics and Breeding Science* 40: 19-28.
- Araki, H., B. A. Berejikian, M. J. Ford, and M. S. Blouin. 2008. Fitness of hatchery-reared salmonids in the wild. *Evolutionary Applications* 1: 342-355.
- Bakke, T. A., P. A. Jansen, and L. P. Hansen. 1990. Differences in the host resistance of Atlantic salmon, *Salmo salar* L., stocks to the monogenean *Gyrodactylus salaris* Malmberg, 1957. *Journal of Fish Biology* 37:577-587.
- Beacham, T. D., S. Sato, S. Urawa, K. D. Le, and M. Wetklo. 2008. Population structure and stock identification of chum salmon *Oncorhynchus keta* from Japan determined by microsatellite DNA variation. *Fisheries Science* 74: 983-994.
- Gilk, S. E., I. A. Wang, C. L. Hoover, W. W. Smoker, S. G. Taylor, A. K. Gray, and A. J. Ghattett. 2004. Outbreeding depression in hybrids between spatially separated pink salmon, *Oncorhynchus gorbuscha*, populations: marine survival, homing ability, and variability in family size. *Environmental Biology of Fishes* 69: 287-297.
- 飯田真也・宮腰靖之・加藤毅・徳田裕志・藤原真・安藤大成. 2014. 北海道オホーツク海側のウライ設置河川および非設置河川におけるカラフトマスの自然産卵. *水産増殖*. 62 : 129-136.
- 岡崎登志夫. 1991. サケ属魚類の遺伝的構造と資源変動. *漁業資源研究会議報*. 27 : 17-30.
- 稲荷森輝明・佐藤弘康. 1997. カラフトマス資源造成調査. *岩手県水産技術センター年報 平成8年度 (1996)*. 227-228.
- 真山紘. 1985. カラフトマスー放流による遺伝形質混乱の危機. 沖山宗雄・鈴木克美編. *日本の海洋生物 侵略と攪乱の生態学*. 27-35p. 東海大学出版.
- 真山紘・野村哲一・大熊一正. 1989. サクラマス (*Oncorhynchus masou*) の交換移殖試験 2. 地場産魚と移殖魚の降海移動と親魚回帰の比較. *北海道さけ・ますふ化場研究報告*. 43 : 99-113.
- 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., H. Urabe, H. Saneyoshi, T. Aoyama, H. Sakamoto, D. Ando, K. Kasugai, Y. Mishima, M. Takada, and M. Nagata. 2012. The occurrence and run timing of naturally spawning chum salmon in northern Japan. *Environmental Biology of Fishes*. 94: 197-206.
- Mo, T. A. 1994. Status of *Gyrodactylus salaris* problems and research in Norway. In: Pike, A. W. and J. E. Lewis (Eds), *Parasitic Diseases of Fish*. Samara Publishing Ltd., Wales, UK. pp. 43-48.
- 森田健太郎・高橋悟・大熊一正・永沢亨. 2013. 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.
- Ohnuki, T., K. Morita, H. Tokuda, Y. Okamoto, and K. Ohkuma. 2015. Numerical and economic contributions of wild and hatchery pink salmon to commercial catches in Japan estimated from mass otolith markings. *North American Journal of Fisheries Management*. 35: 598-604.
- Sahashi, G., and T. Yoshiyama. 2016. A hump-shaped relationship between migration distance and adult pink salmon morphology suggests interactive effects of migration costs and bear predation. *Canadian Journal of Fish and Aquatic Sciences*. 73: 427-435.
- 斉藤寿彦・岡本康孝・佐々木系. 2015. 日本系サケの生物学的特性. *水産総合研究センター研究報告*. 39 : 85-120.
- 斉藤裕也. 2016. 利根川のサケ 2000年～2015年の状況. *札幌ワイルドサーモンプロジェクトニューズレター*. 5 : 24-33.
- さけ・ます資源管理センター. 2004. 平成15年度さけ・ます資源管理センター業務報告書. 225pp.
- 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 : 21-48.
- Sato, S., and S. Urawa. 2017. Genetic variation of Japanese pink salmon populations inferred from nucleotide sequence analysis of the mitochondrial DNA control region. *Environmental Biology of Fishes*. DOI: 10.1007/s10641-017-0648-4.
- Sato, S., W. D. Templin, L. W. Seeb, J. E. Seeb, and S. Urawa. 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.
- 下田和孝・神力義仁・春日井潔・星野昇. 2010. 北海道産カラフトマスの形態変異. *日本水産学会誌*. 76 : 20-25.
- Peeler, E. J., R. Gardiner, and M. A. Thrush. 2004. Qualitative risk assessment of routes of transmission of the exotic fish parasite *Gyrodactylus salaris* between river catchments in England and Wales. *Preventive Veterinary Medicine*. 64: 175-189.
- Quinn, T. P. 2005. The evolution and structure of salmon populations. In: *The behavior and ecology of Pacific salmon and trout*. University of Washington Press. pp. 299-316.

- Reisenbichler, R. R. 1988. Relation between distance transferred from natural stream and recovery rate for hatchery coho salmon. *North American Journal of Fisheries Management* 8: 172-174.
- 田中哲彦. 2012. さけ・ますふ化場－15年間の体験記－. 263pp.
- 虎尾充・柳本卓. 2015. ミトコンドリア DNA 分析による根室海峡沿岸河川に遡上したカラフトマス偶数年級群の集団構造. *北海道水産試験場研究報告*. 88: 17-24.
- 虎尾充・柳本卓. 2017. ミトコンドリア DNA 分析による根室海峡沿岸河川に遡上したカラフトマス奇数年級群の集団構造. *北海道水産試験場研究報告*. 91: 1-7.
- Torao, M., M. Nagata, Y. Sasaki, K. Takeuchi, and K. Kasugai. 2011. Evidence for existence of wild population of pink salmon in the Tohoro River system flowing into Nemuro strait, eastern Hokkaido., Japan (Short paper). *Scientific Report of Hokkaido Fisheries Research Institute*. 80: 45-49.
- Urawa, S. 2002. Genetic conservation of salmon in Japan: a case study. *Proceedings of 2nd international Symposium on Stock Enhancement and Sea Ranching, Kobe*. 73p.
- 横山雄哉・越野陽介・宮本幸太・工藤秀明・北田修一・帰山雅秀. 2010. 知床半島ルシャ川におけるカラフトマス *Oncorhynchus gorbusha* の産卵遡上動態評価. *日本水産学会誌*. 76: 383-391.
- Yoshimizu, M. 1996. Disease problems of salmonid fish in Japan caused by international trade. *Revue Scientifique et Technique, Office International des Epizooties*. 15: 533-549.
- 吉水守. 2013. 病気に負けないサケ. 帰山雅秀・永田光博・中川大介編著. *サケ学大全*. 165-168p.

表 1. 尻別川と斜里川で実施されたサクラマス交換放流試験結果。真山他（1989）より作成。再捕率＝再捕親魚尾数／推定降海幼魚尾数。

放流魚の由来		放流河川	
		尻別川	斜里川
尻別川	再捕数（尾）	82－148	11－17
	再捕率（％）	0.222－0.592	0.024－0.046
斜里川	再捕数（尾）	31－37	378－382
	再捕率（％）	0.070－0.106	0.910－0.969

表 2. 2010 年～2016 年の伊茶仁川におけるカラフトマス河川捕獲数・全放流数・移殖放流数および移殖放流割合。

年	河川捕獲数 (尾)	全放流数 (千尾)	移殖放流数 (千尾)	移殖放流割合 (%)
2010	2,486	4,519	0	0
2011	1,699	4,686	0	0
2012	334	4,953	4,438	89.6
2013	185	5,023	4,483	89.2
2014	150	4,677	4,567	97.6
2015	164	4,592	4,240	92.3
2016	176	4,333	4,250	98.1

表 3. 1994 年～2008 年に日本の 7 地域に遡上したサケの生物学的特性。斉藤他（2015）を改変。

	北海道				本州		
	日本海	オホーツク	根室	えりも 以東	えりも 以西	太平洋	日本海
親魚漁獲尾数の 割合 (%) ^a	5.5	25.2	23.5	12.2	9.2	23.2	1.2
遡上盛期	10 月 上旬	10 月 下旬	10 月 中旬	10 月 中旬	10 月 下旬	11 月 下旬	10 月下旬/ 11 月下旬
4 年魚の尾叉長 (cm)	66.3	65.5	65.0	66.0	67.0	68.2	68.7
成熟年齢	4.22	4.43	4.28	4.46	4.29	4.18	3.99
卵径 (mm)	7.44	7.77	7.66	7.99	7.86	7.98	7.77
孕卵数	3085	2622	2512	2803	2897	2838	2963

a. 日本系サケ親魚総漁獲尾数に対する各地域におけるサケ親魚漁獲尾数の割合

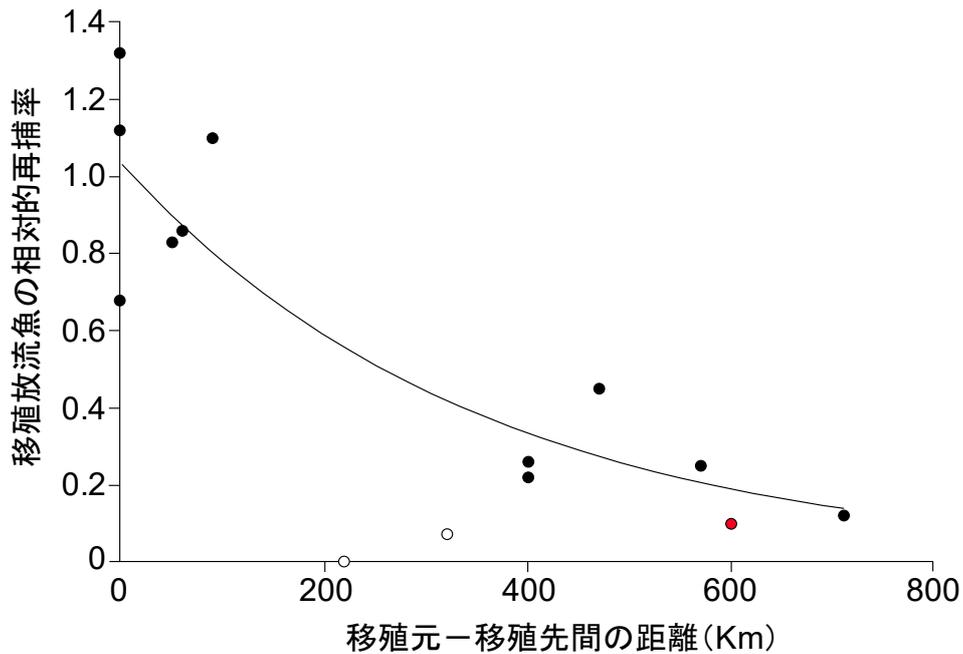


図1. ふ化場産ギンザケの移殖放流試験結果。Reisenbichler (1988)を改変。移殖元－移殖先間の距離が大きくなるほど移殖放流魚の相対的な再捕率が指数関数的に低下する。赤丸は真山他 (1989) のサクラマスのデータをプロットしたもの。

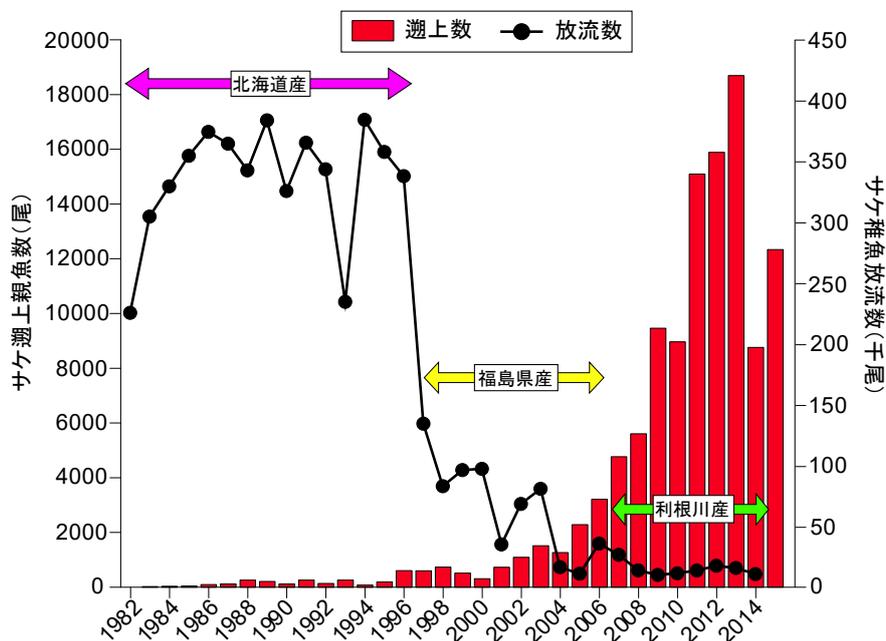


図2. 利根川におけるサケ稚魚放流数と遡上親魚数の経年変化。サケ稚魚放流数は1982年～2014年まで、サケ遡上親魚数は1983年～2015年を示す。サケ稚魚放流数は齊藤 (2016) を改変し作成。サケ遡上親魚数は2010年までは農村工学研究所メールマガジン (2012) の説明資料から、2011年以降は (独) 水資源機構利根川導水総合事務所 HP「利根大堰サケ遡上状況」からそれぞれデータを引用して作成。

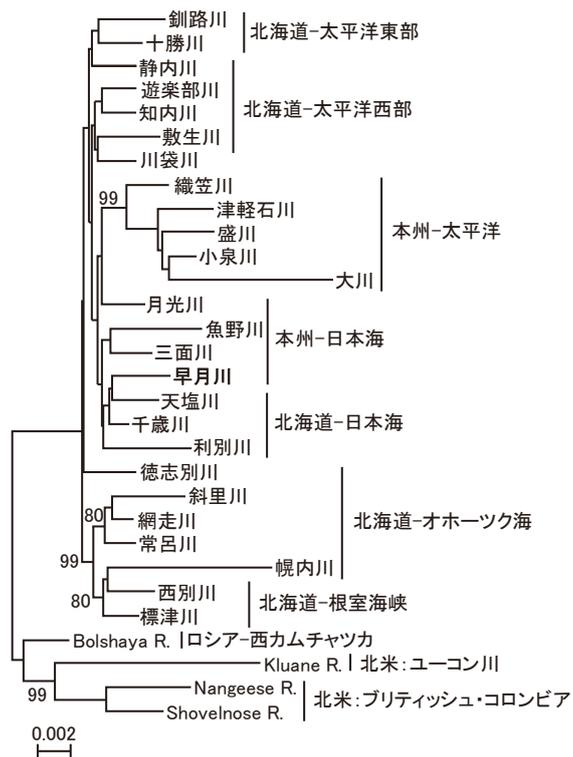


図 3. 近隣結合法により作成した日本系サケ 7 地域集団 (26 河川集団) の系統樹。Beacham et al (2008)を改変。マイクロサテライト 14 遺伝子座を用いて分析し、外群としてロシア系 1 河川集団、北米系 3 河川集団を使用。

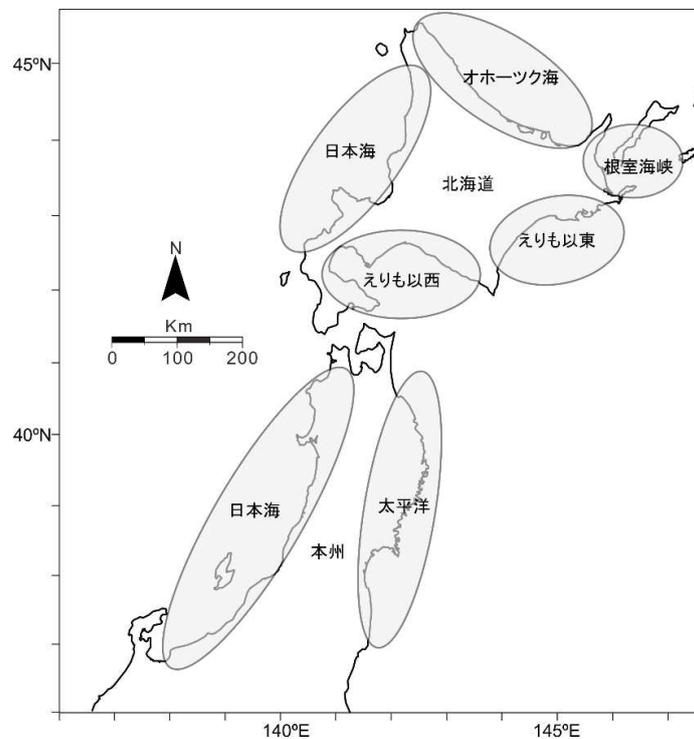


図 4. 日本系サケ遺伝的個体群構造の推定図。佐藤・浦和 (2015) を改変。