試験研究は今　No. 997

サケの種卵移殖の影響評価に向けて

サケの人工ふ化放流では，河川に遡上してきたサケを捕獲し，採卵・授精した卵を稚魚まで育て，翌春に河川へ放流しています。しかし，近年北海道におけるサケの来遊数は大きく減少しており，地域によっては北海道が策定した放流計画数に満たないところもあります。特に，釧路川では近年遡上数が少なく（図１），計画放流数を満たすことができません。そのため，他の河川（主に十勝川・標津川，図２）から受精卵を移殖し，不足分を補い，資源造成を図っています。

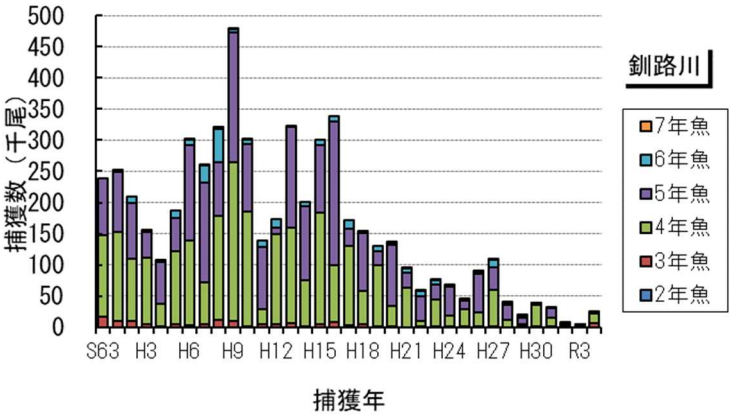

図１．釧路川における河川捕獲数

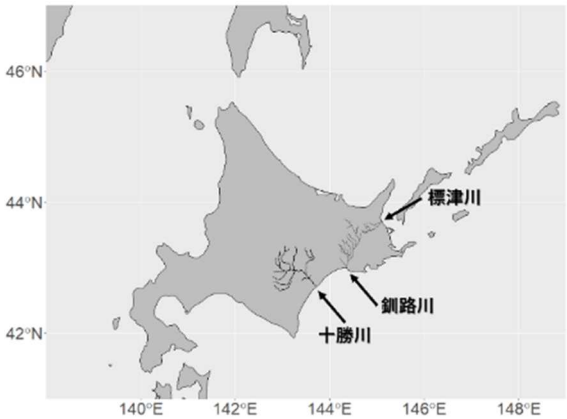

図２．十勝川・標津川・釧路川の位置図

多くの生物では，別の生息地へ移殖されると,環境の違いにうまく適応できず，定着できないことが示唆されています。魚類では，水温や流速などの違いが適応へ影響すると考えられています。しかし，他の河川から移殖されたサケが定着しているのかどうかはよくわかっておらず，移殖放流の効果を評価する必要があります。

図３．河川へ回帰してきた親魚

回帰してきた親魚は，見た目ではどこの川で放流されたものなのかを判別することはできません（図３）。移殖された個体と在来の個体を識別する方法としては，鰭切標識（図４．鰭の切除による外部標識）や耳石温度標識（図５．卵期に水温の上下により耳石にバーコード状の標識を施標する内部標識）を付けて放流することがまず考えられます。しかし，移殖放流する個体だけを区別して標識を付けることは非常に労力がかかるほか、回帰時の標識確認調査にも多くの時間と人員が必要となります。

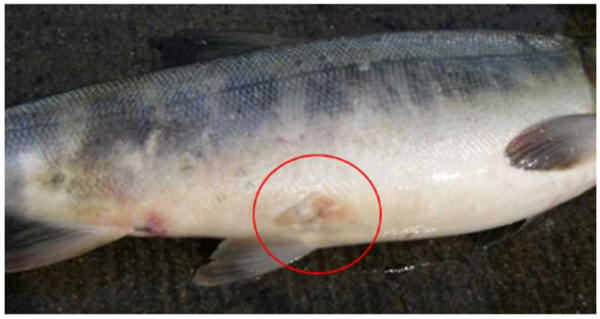

図４．サケの鰭切標識

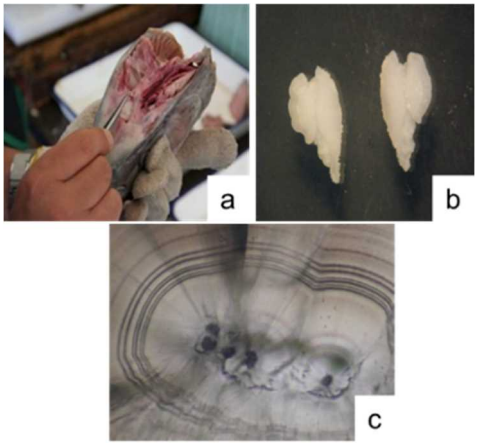

図５．耳石の採取状況（a），耳石（b）及び耳石温度標識（c）

そこで,回帰してきた親魚におけるDNAのパターンの違いによって，親魚の由来河川を調べ，移殖された個体を判別することができないか検証を行いました。

十勝川・標津川・釧路川へ遡上した親魚の肉片からDNAを抽出し，次世代シーケンサーを使ってDNAの配列を読み取り，解析ソフトSTACKSによって一塩基多型を1,608箇所検出しました。次に，統計ソフトRによって，得られたサンプルがどの河川由来のものなのかについてシミュレーションを行いました。このシミュレーションは，由来のわかっている各サンプルが十勝川・標津川・釧路川のどの河川に割り当てられるかを調べるもので，実際のサンプルの由来とシミュレーション結果が一致する確率を調べました。

シミュレーションの結果，十勝川と標津川の個体を高い精度で判別することができました（表１）。先行研究では，この確率が80%以上であれば正確に個体の由来を割り当てられるとしています（Wojtusik *et al.*, 2023）。つまり，釧路川へ回帰した親魚のDNAを調べれば,十勝川･標津川の個体がどのくらい含まれているのかが高い精度でわかります。なお，釧路川のシミュレーション結果はそれほど精度が良くありませんでした。これは，十勝川・標津川から移殖された個体がある程度回帰しており，釧路川へ回帰した個体に複数の由来が含まれていたことが影響しているかもしれません。

今後はこの技術を用いて回帰親魚の由来をモニタリングし，移殖放流の効果を明らかにすることで，サケの人工ふ化放流事業の進め方を検討する際の情報として活用する予定です。

表１．シミュレーションによって各河川に割り当てられた割合

河川	釧路川	十勝川	標津川
割合	75%	88%	96%

引用文献：Wojtusik KJ, Kovach AI, Berlinsky DK, Kenter LW (2023) River-of-origin assignment of migratory Striped Bass, with implications for mixed-stock analysis. *Transactions of the American Fisheries Society*. 152:15-34

（2024年3月1日＿北海道立総合研究機構＿さけます・内水面水産試験場＿
さけます資源部＿大磯毅晃）