

用いた解析が必須である。従って、現在、高度多型領域を示す領域を探索中である。

継代採苗シミュレーションによる遺伝的多様性の長期変化予測

野口大毅・Maria Ortega Villaizan Romo・谷口順彦
福山大学・生命工学部・海洋生物工学科

種苗の多様性：種苗放流は、水産有用種の資源増大のための有効な手法である。しかし、少数の親魚から作出した種苗集団を天然水域へ放流すると、放流種苗同士の近親交配、および、在来集団の遺伝的多様性の低下を引き起こすリスクが懸念されている。近親交配は、劣性有害遺伝子の顕在化や近交弱性を引き起こす危険性があり、在来集団の遺伝的多様性の低下は、環境適応能力を低下させる恐れがある。

これを避けるためには、親魚の数を増加させることが、有効である。しかし、無作為に選んだ多数親魚から種苗を作出した場合、養成コストが高くなる、効果を予測する事が困難であるという問題が生じる。また、既に多様性が低下してしまった集団においては効果が低い。

希少種と非血縁個体選択交配：放流事業の対象種が希少魚である場合には、有効集団サイズ (N_e) の小さい人工種苗を放流すると、野生集団に対して顕著な遺伝的攪乱などの影響をもたらす可能性が高くなる。そこで、希少種や多様性の低下した放流用人工種苗を野生集団の生息する水域へ放流した場合、野生集団の生存可能最小個体数 (minimum viable population size: MVP) を $N_e=500$ を維持することを前提にしたときの計算上の放流許容量は著しく少なくなる。

これを解決するためには、事前に DNA マーカーを利用して親魚集団に存在する遠縁の 2 個体を検知し、これらを交配させることによって子集団の多様性を効率的に維持する、非血縁個体選択交配 (Minimal Kinship selective breeding) が有効と考えられる。また、後代の効果を予測するため、非血縁個体選択交配をモデル化したコンピューターシミュレーションプログラムを実装する必要がある。本発表では、筆者らが実装したコンピューターシミュレーションプログラムによって非血縁個体選択交配の効果について論ずる。

サクラマスにおける事例：サクラマスは、産業的重要種であり、盛んに種苗放流事業が行われている。近年、漁獲量が低下しているが、一定の資源量を維持し、天然集団は十分な遺伝的多様性を保持している。

そこで、富山県神通川、新潟県荒川、北海道暑寒別川、岩手県安家川で採捕された合計 116 個体から無作為に 100 個体を非復元抽出し、それらの 5 マーカー

座(Ots520, Oma01, Oma02, Oma3ke, Oma4my)のアリル型データを創始集団ゲノム型データとし、30世代にわたり遠縁の個体間で交配を行うコンピューターシミュレーションを実施した。親魚を選択する際には、個体間類似度の平均値が低い個体を選ぶ方法と、個体間類似度が最小の親魚対を選ぶ方法を試みた。個体間類似度の平均値が低い個体を選ぶ方法において有効親魚数が一定数以下の場合に、多様性をより低下させる悪影響が認められたが、それ以外の多くの場合は、遺伝的多様性維持に関して効果が確認された。

マツカワにおける事例：マツカワは、近年漁獲量が著しく減少し、水産庁「日本の希少な野生水生生物に関するデータブック」では希少種に指定されている。このため、種苗放流による資源回復が試みられている。このように、資源量、親魚数が限られた魚種においては、種苗放流の影響は顕著であり、最大限に遺伝的多様性を維持する必要がある。そこで、天然から採取された、16尾および22尾の2集団を創始者集団とし、サクラマスと同様のコンピューターシミュレーションを行い、遺伝的多様性の低下を抑えられるかを検討したところ、ヘテロ接合対率は創始集団レベルで維持され、アリル数の減少も一定のレベルに抑えることができ、顕著な効果が確認された。

放流事業における遺伝的多様性の評価・管理・モニターの必要性：希少種や絶滅危惧種が増えている。これらの魚種の遺伝的多様性について現状把握する必要性は高い。種苗生産を実施する場合には先ずDNAマーカーのアリル型データを探り、現有親魚集団の遺伝的多様性を評価し、非血縁個体選択交配シミュレーションにより、その影響予測を実施したい。さらに種苗放流の影響を予測し、放流後には一定期間毎に影響をモニターすることが望まれる。