

# 水産資源の集団構造解析に対する統計遺伝学的アプローチ

東京海洋大 海洋科学部

北 門 利 英

東京海洋大 海洋科学部

北 田 修 一

東京大学大学院 農学生命科学研究科 岸 野 洋 久

## 1 はじめに

陸上生物、水産生物、鳥類など野生生物の多くは、本来、適切な管理方を施すことで持続的に生存・利用可能と考えられる。しかしながら、生息環境の悪化、生態系の変化、そしてカタストロフィックな環境変動などの環境要因により、その数は大きく変動する可能性がある。また、過剰な捕獲・漁獲・利用など人間の関与により枯渇した野生生物も多い。野生生物の有効な管理を実行する上で、資源量や資源動態は欠かすことの出来ない情報である。加えて、繁殖単位を構成する集団の数、集団間の差異、遺伝子流動など集団全体の構成や維持に大きく影響を与える集団構造の把握は、野生生物の保全や管理に極めて重要な要素となる。その生物資源の集団構造を推測するために様々なタイプの生物学的な情報が集められる。なかでも最も直接的な情報は、遺伝的データから引き出すことができる。近年、遺伝データ取得法の急速な進歩により、比較的安価でかつ容易に、数多くの個体から複数の遺伝子座のデータを蓄積・利用することが可能となってきた。それにより、水産や陸上生物などを対象に集団構造を推測するための情報量も豊富になってきた。

水産生物の中には、資源量の減少が憂慮されている種あるいは集団がある。そのような場合、しばしば人工的にふ化させた稚魚などの放流を通して資源の回復をめざす放流事業が試みられている (Leber *et al.* (2004), Kitada and Kishino (2006))。このような増殖を目的とした放流では、対象となる集団から得た親個体を用いて稚魚を生産するため、人工種苗生産に適した遺伝的選択が懸念されるものの、実際的な関心事は自然集団への放流集団の混合率である。その際、放流魚を識別する標識が必須であり、しばしば遺伝標識が利用される (北田 (2001), Leber *et al.* (2004), 北門 (2008))。この遺伝標識を利用すれば、各年度における放流集団の混合率が推定できる。すなわち、前年の自然集団と当年の放流集団をそれぞれ基準群とみなし、これらの基準群における遺伝子頻度情報と、放流魚を含む混合群の対立遺伝子頻度の情報を基に、混合率に関する情報を引き出せる。実際には、サイズの小さくなった集団では、再生産による遺伝的浮動により前年度の自然集団の対立遺伝子頻度は変動する。そこで Obata *et al.* (2006) は、集団の対立遺伝子組成を継時的に観測できる場合に、混合率推定への遺伝的浮動の影響を評価し、さらに Kitakado *et al.* (2006, 2008) は混合率と遺伝的浮動の同時推定方法を開発した。

ところで、このような増殖を目的とした放流と比較し、同種であっても外来集団を放流することには一層の注意が必要である。外来集団の放流により、集団固有の遺伝的組成やそれに関わる生態系を大きく変えてしまう恐れがあるからである。したがって、外来集団の個体あるいは遺伝子の混入率の推定およびモニタリングは生物保全の意味で極めて重要である。そこで本稿では、「基準群となる外来集団」、および「外来集団の混合が想定される天然漁場の混合群」のみからサンプルが得られ、もう一つの基準群となるべき「混合する以前の天然群」からはサンプルが得られない現実的な状況を想定し、その下での外来集団の混合

率推定に関して統計モデルの構築，および推定性能評価を行った．また，このモデルを有明海アサリのデータに適用した．

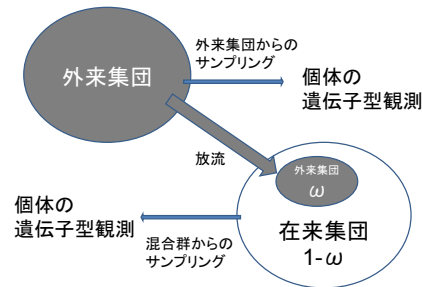


図 1: 混合の概念図

基準群および混合群の両者から個体をサンプリングし，個体ごとに各遺伝子座の遺伝子型を観測をりようし，対立遺伝子頻度，Hardy-Weinberg 平衡からのずれ ( $F_{IS}$ )，そして混合率含む尤度を定義する．パラメータの推定は最尤法により行った．シミュレーションの結果，適当な遺伝子座とサンプル数の下で，混合率の推定値はほぼ不偏であることが示された．また，本モデルは Hardy-Weinberg 平衡からのずれも許すが，実はこのずれを無視して混合率を推定すると，混合率に偏りをもたらすことが示された．

なお，ここでは有明海アサリへの適用結果については割愛する．

#### 参考文献

北田修一 (2001): 栽培漁業と統計モデル．共立出版．

Kitada, S. and Kishino, H. (2006): Lessons learned from Japanese marine finfish stock enhancement programmes. *Fisheries Research*, **80**, 101-112.

北門利英 (2008): 集団構造の統計的推測．「水産資源の増殖と保全」(北田修一，帰山雅秀，浜崎活幸，谷口順彦編)，151-170.

Kitakado, T., Kitada, and Kishino, H. (2008): Statistical modeling for simultaneous estimation of mixing proportions of released populations and genetic drift based on individual genotypes (unpublished manuscript).

Kitakado, T., Kitada, S., Obata, Y. and Kishino, H. (2006): Simultaneous estimation of mixing rates and genetic drift under successive sampling of genetic markers with application to the mud crab (*Scylla paramamosain*) in Japan. *Genetics* **173**, 2063-2072.

Leber, K. M., Kitada, S. and Blankenship, H. L. (2004). *Stock Enhancement and Sea Ranching 2nd Ed.* Blackwell Publishing.

Obata, Y., Imai, H., Kitakado, T., Hamasaki, K. and Kitada, S. (2006) The contribution of stocked mud crabs *Scylla paramamosain* to commercial catches, estimated using a genetic stock identification technique in Japan. *Fisheries Research* **80**, 113-121.