

ハタハタ日本海西部系群の由来（予報）

白井 滋（日本海区水産研究所）

1. ハタハタ「日本海西部系群」とは何か？

現在、北海道西岸域を除く日本海の本ハタハタ資源は、資源評価調査において2つの系群に区分されている。日本海北部系群は青森県から富山県、日本海西部系群は石川県から島根県での水揚げ物が対象である。北部系群の分布海域には国内最大の産卵場（秋田県をメインにした沿岸域）があるが、一方の西部系群が分布する海域は、能登半島や鳥取県などからの産卵記録はあるものの、資源を支えるほどの産卵場をその海域内に持っていない。

ハタハタの系群（集団）分けについて、もっとも基本的かつ唯一の拠り所となっている考え方が沖山(1970)である。その中で、西部系群は、北部系群と日本海におけるもう一つの大産卵場に由来する朝鮮半島東岸群が混在する「成育場」とみなされており、その混在の仕方はそれぞれの資源状況によって（年々）変化するとされている。また、尾形(1980)は「底魚資源」という市販書の中で、秋田由来の本ハタハタが1、2歳魚のうちに山陰海域に生活圏を拓けると記述しており、このことから一般的な認識としては、青森以南の本海本ハタハタは個体の移動を伴うゆるやかな集団（尾形は「本州沿岸群」と呼んだ）と考えられていたのだろう。北部資源が激減した70年代後半以降、西部海域では継続した漁獲が続いたため、資源評価調査においては漁業的な意味での海域区分が採用されたものと思われる。

私自身も、以前から西部系群というまとまりについての疑問を、資源評価調査の中などで表明してきた。ブロック内の多くの機関・研究員の方々にご協力を頂きながら、分子生物学的な方法でこの問題に取り組んできたが、その結果から考えられる「日本海西部系群」の由来についてお話しする。

2. ミトコンドリア DNA (mtDNA) が示す日本海の2系

DNAを観察したというと、良くも悪くも鬼の首をとったような極端な扱いを受けることが多いが、これまでに解析を進めてきた日本海本ハタハタではmtDNAは決して万能の物差しではなかった。これは、かなり歴史の浅い日本海集団の中で、分子進化が網目状に進行したためと思われる（現在の日本海集団は、日本海が現在の環境に近づいた8000～10000年前頃にオホーツク海から侵入した少数の祖先集団に由来すると思われ、新たなニッチの獲得と集団サイズの爆発的な増加により変化の小さい分子進化が急激に進行したと考えている）。それだけに、変異データとしてはノイズが大きく、厳密な解析を行うことが難しかった。

そういった、制約のあるデータの下で見えてきたことがある。mtDNAレベルで、秋田及び韓国沿岸における産卵群は、集団としては（程度は小さいが）有意に異なる遺伝的な組成を持っていたのである。大きな産卵場が日本海に2つあることから、日本海の本ハタハタは2つの大産卵場に由来しているとみなしてよさそうである。この結果から、mtDNAの特徴を調べることにより、任意のサンプル群の遺伝的組成の由来を判定できるのでは、と期待された。

3. 隠岐周辺域の本ハタハタは・・・秋田系!?

秋田県（船川、北浦）及び韓国（三陟、注文律、●島：●は「竹」の左半分が「にんべん」）の沿岸で採集した産卵群、それぞれ123個体、100個体について、mtDNAの調節領域400bpの塩基配列を決定し、このデータを秋田集団、韓国集団の持つ遺伝的変異の実態であると仮定した。次に、同じ分子領域を、能登～山陰海域から得られた多数のサンプル群について同様に解析し、これら

似（相異）しているかを推定した。図1は、固定指数の対比較値(pairwise F_{ST})を用いて、それぞれのサンプル群と両集団との隔たりを視覚的に表したものである。

この図には秋田集団（緑）、韓国集団（灰）がそれぞれ3つのサンプル群で示されている。それぞれの近傍にプロットされた青、赤及び黄のサンプル群は、これらの産卵集団と遺伝的な組成が近いとみなされる。隠岐近海（青）の点は、y軸から原点、

さらにx軸に沿って散在していた。つまり、この海域のサンプル群の中に、明らかに秋田集団類似の組成を持つもの、韓国集団に近いものが見られた（どちらとも言えないものも含めて）のである。浜田沖（赤）は2サンプル群が韓国集団にごく近い組成を持っていたが、中には秋田集団との隔たりがないものも見られた。同様に、黄色で示す能登海域のサンプル群にも秋田系から韓国系までのバリエーションが見られた。この結果から、能登半島から山口県にかけての海域には、秋田集団、韓国集団の遺伝的特徴を持つ群れが来遊していることがうかがわれた。

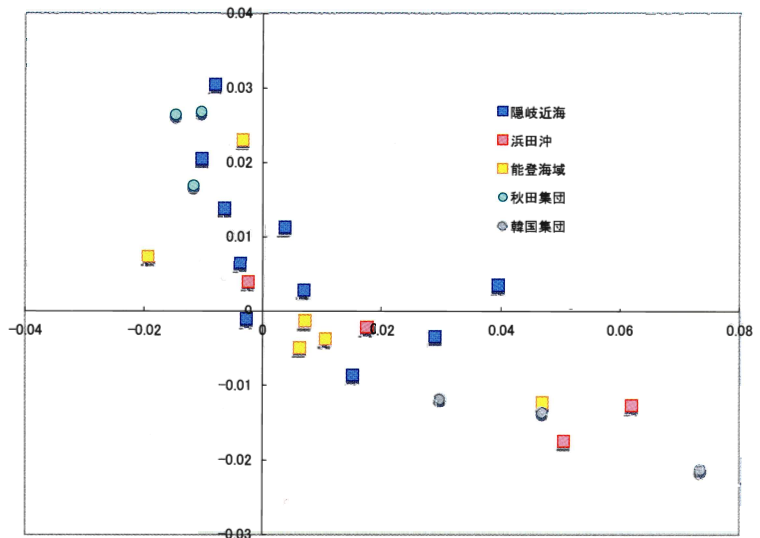


図1 観察したサンプル群が推定された秋田集団 (x 軸) 及び韓国集団 (y 軸) とどの程度隔たるかを示す関係図。隔たりの程度は、固定指数の対比較値 (pairwise F_{ST})。

4. この結果をどう解釈すればよいのか？

具体的な回遊の実態解明は、今後の課題である。これまでの資源、生態的な知見から、この大回遊に関してどのようなことが考えられるのか、以下に簡単に考察した。先に引用した沖山(1970)及び尾形(1980)は、若齢期に大回遊を行い、その後は産卵場近くにとどまる傾向が強くなるものと考えている。もしそうなら、西部海域の漁獲物が1・2歳魚に偏ることを説明できるかもしれない。同様に、こうした大回遊を仮定することで、近年の西部海域におけるいくつかの生態知見をより良く解釈しうるのではないかと考えている。例えば：

- ・隠岐海域では、例年2-3月頃から1歳魚が大量に漁獲される。この1歳魚は、これまで調査した限りでは、遺伝的に秋田集団の特徴を備えていた。北部系群では2001年級の豊度が非常に高かったが、隠岐海域においてもこの年級の豊度は例年よりも明らかに高かった。こうした対応は2003年級でも見られた。両系群の2001年級がそもそも同じものであるなら、こうした対応関係は非常に理解しやすい。
- ・西部海域における体長（年齢）組成は、少なくとも夏期においては但馬以西と若狭以北の海域で明瞭に異なっている。これまでその理由を説明することができなかったが、もし秋田集団1歳魚が隠岐海域を中心に入り込むと仮定すれば、若狭以北との体長（年齢）組成の違いはそう不思議なことではない。
- ・北部系群の2002年級は豊度が低く、産卵状況の割に「生き残りが悪い」と考えられてきた（秋田県）。しかし、この年級は2005年の北部海域における高齢魚のかなりの部分を占めていたと思われる。2歳頃まで西部海域に移動する回遊生態があるのなら、このことも説明可能である。

以上の説明からだけでは、秋田集団の大回遊仮説をにわかに信じられないという方も多いものと思われる。今後、ブロック内各位の更なるご協力を仰ぎ、遺伝情報も含め資源生態的な調査を深化させて、ハタハタの分布、移動生態を明らかにしていきたい。