

計数形質による日本海のアタハタ系群解析
Stock analysis of the sailfin sandfish in the Sea of Japan,
on the basis of meristic characters.

尾田昌紀
Masanori Oda

アタハタ *Arctoscopus japonicus* は、日本海から北海道沿岸、オホーツク海にかけて分布する¹⁾、スズキ目アタハタ科魚類の一種である²⁾。アタハタは、我が国では日本海を中心に漁獲されており、漁獲統計が整っている 1958 年以降では概ね 5 千トンから 4 万トンの間で推移している²⁾。アタハタの寿命はおよそ 5 年とされており²⁾、雌雄ともに満 2 歳から産卵に加わる³⁾。産卵期以外は水深 250m 前後、水温 1.5°C 付近の海底に体を半分埋めて生活しているが、産卵期である 12 から 2 月に水温が 13°C を下回ると水深 1.5 から 2.5m の浅場に来遊しホンダワラ類に卵塊を産み付ける²⁾。翌春、孵化した仔魚は浅海の中層で約 1 ヶ月間の浮遊生活を送った後に着底生活に移行する³⁾。標識放流の結果からアタハタには高い産卵場回帰性があることが知られており⁴⁾、各産卵場に対応した系群⁵⁾の存在が古くから指摘されてきた^{4,6-9)}。アタハタの漁獲量変動は、秋田沿岸を産卵場とする系群の増減によるところが大きく²⁾、アタハタの資源管理を考えるうえで系群構造の理解は不可欠である⁵⁾。

沖山⁴⁾は、日本周辺海域に生息するアタハタについて、計数形質（脊椎骨数、下枝鰓耙数、背鰭条数、臀鰭条数、胸鰭条数）、海区別の漁獲量統計、産卵場情報、標識放流の結果を総合的に検討し北海道南部系群、

北海道西部系群、日本海北区系群、朝鮮半島東岸系群から成る 4 つの系群の存在を認め、日本海西区（山陰沖）における日本海北区系群（秋田系群）と朝鮮半島東岸系群（韓国東岸系群）の混合については、今後の研究課題としている。沖山⁴⁾が行った計数形質の解析には統計処理がなされていないため、その解釈には曖昧さが残ると考えられる。1980 年代以降に入ると、系群解析のマーカ―は計数形質からアイソザイム⁷⁾や DNA⁸⁻¹⁰⁾へと移行し、沖山⁴⁾が行った日本周辺海域におけるアタハタの計数形質に基づく系群解析についての再検証は、その後行われていない。

山陰地方におけるアタハタは、隠岐諸島周辺の水深 150 から 300m の海底で沖合底曳網漁業により漁獲されており¹¹⁾、本海域は沖山⁴⁾や Shirai et al.⁹⁾が指摘するように秋田系群と韓国東岸系群が混ざり合う海域と考えられる。そのため、本海域において両系群を識別することは、アタハタの資源管理を行ううえで重要な課題であると言える。もし、計数形質で両系群が識別できれば、分子マーカ―に比べて簡易かつ低コストである。本研究では鳥取沖に加えて日本周辺海域のアタハタサンプルを収集し、統計処理に基づく計数形質からの系群解析を行い沖山⁴⁾の結果を再検証し計数形質から秋田系群と韓国東岸系群を分離できるか

検討することを目的に実施した。

材料と方法

ハタハタのサンプルは、日本海のサンプルとして、韓国東岸，山口県見島沖，鳥取，新潟，秋田の 5 サンプルを，北海道太平洋側のサンプルとして北海道太平洋側（釧路および厚岸）の 1 サンプルを用いた（図 1）。サンプルの収集は，調査船調査による採集，漁船傭船による漁獲，市場調査による買付，一般量販店での購入により実施した。なお，北海道厚岸のサンプルは釧路水産試験場の定置網漁獲物調査のサンプルを使用した。

計数形質の計数を行うには，計数形質が定数に達していることが前提となる。沖山⁴⁾が計数形質の計数に用いたサンプルの最小標準体長は 97mm であることから，この大きさ以上の個体を分析に用いた。沖山⁴⁾は，計数した計数形質のうち背・臀鰭条数は誤差の生じやすいことを指摘している。そのため，計数形質は脊椎骨数と下枝鰭耙数の二つに限定した。脊椎骨数は，魚体の軟 X 線写真から計数し，計数にあたっては沖山⁴⁾の手法にならい，尾部棒状骨は含めなかった。鰭耙は左側第一鰭弓を取り出し，アリザリンレッドで染色した後，実体顕微鏡

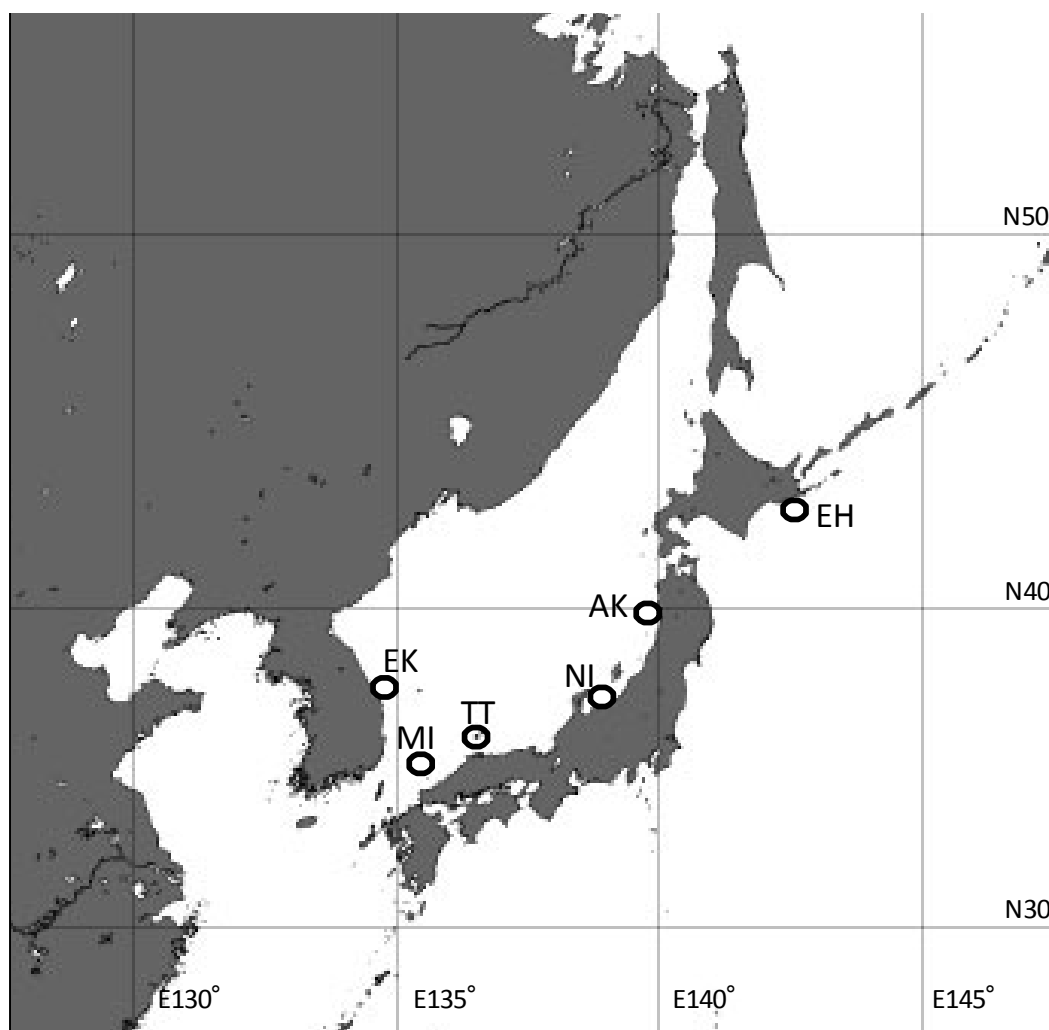


図 1 調査地点図

下で痕跡的なものも含めて計数した。

結果及び考察

各地から収集したハタハタサンプルの属性情報、脊椎骨数および下枝鰓耙数の平均値および標準偏差を表 1 に示す。脊椎骨数の平均値は、北海道太平洋側が 47.2 個であり、日本海が 48.1 から 48.7 個であったのと比較すると数が少なかった。下枝鰓耙数の平均値も北海道太平洋側が 15.9 個で、日本海が 16.6 から 17 個であったのと比較すると数が少なかった。この結果は、沖山⁴⁾と同様の傾向であった。日本海の下枝鰓耙数は、沖山⁴⁾が指摘したように東から西に向かい減少する傾向がみられるが(表 1)、クラインとするほど顕著な減少傾向ではなかった。

脊椎骨数および下枝鰓耙数は、いずれもサンプル間で平均値に有意差が認められた(分散分析, 脊椎骨数, $df=5$, $F=30.6$, $P<0.01$; 下枝鰓耙数, $df=5$, $F=14.0$, $P<0.01$)。Scheffe の対比較により事後検定を行い、脊椎骨数および下枝鰓耙数について、それぞれどのサンプルとの間に有意差があるのか検討した(表 2)。その結果、脊椎骨数、下枝鰓耙数ともに北海道太平洋側の 1 サンプルと日本海の 5 サンプルの間で有意差が検出された。日本海の 5 サンプル間では有意差が検出されなかった。

本解析の結果では、日本海と北海道太平洋側のサンプル間で脊椎骨数、下枝鰓耙数ともに有意差が検出されたものの、日本海のサンプル間では有意差は検出されず、計数形質で秋田系群と韓国系群を識別することは出来なかった。日本海と北海道太平洋側での計数形質の有意差は、先行研究⁴⁾の

結果を支持するものと言える。

一方で、日本海のサンプル間で有意差が検出されなかったのは、日本海の本種ハタハタの系群間の遺伝的分化の程度が低かったため⁹⁻¹⁰⁾であると考えられる。そのため、鳥取沖で漁獲されるハタハタの系群を識別するためには DAN マーカーによる分析が必要である。Shirai et al.⁹⁾によるミトコンドリア DNA 分析でも秋田系群と韓国系群の識別は可能であるが、サンプル集団単位での評価となる。これに対して核 DNA は、ミトコンドリア DNA よりも分析感度が高く、個体レベルでの系群の帰属判定が可能なることに加え、両性の遺伝子を引き継ぐため、系群間の交雑の程度も評価することが可能となる。

これまで、核 DNA はミトコンドリア DNA に比べて遺伝情報量が多く解析が難しかったが、近年は次世代シーケンサー等の遺伝子解析機器の発展に伴い核 DNA の大量の遺伝情報を読み取ることが可能となった。秋田および韓国東岸の両系群が入り混ざる山陰沖海域はハタハタの核 DNA 研究に適したフィールドであると言える。

表1 収集したハタハタサンプルの属性情報と脊椎骨数および下枝鰓耙数の平均値

サンプル 採集地点	略 称	サンプルの 採集時期	標準体長 (mm)	脊椎骨数	下枝鰓耙数
			平均 (範囲, サンプル数)	平均±標準偏差 (範囲)	平均±標準偏差 (範囲)
北海道 太平洋側	EH	2014. 4-5	132. 2 (114-166, 86)	47. 2±0. 8 (45-49)	15. 9±0. 9 (13-17)
秋田	AK	2013. 5	114. 7 (100-140, 50)	48. 1±0. 9 (46-50)	17. 0±0. 8 (15-19)
新潟	NI	2014. 5. 21	137. 9 (110-160, 49)	48. 4±0. 7 (47-50)	16. 9±0. 9 (14-19)
鳥取	TT	2013. 8-2014. 1	134 (116-153, 91)	48. 4±0. 8 (47-51)	16. 6±0. 8 (14-19)
山口県 見島沖	MS	2014. 5. 14	149 (131-170, 50)	48. 3±0. 7 (46-50)	16. 7±0. 8 (15-18)
韓国東岸	EK	2013. 11	189. 7 (174-217, 32)	48. 7±0. 9 (47-51)	16. 7±0. 7 (15-18)

表2 脊椎骨数および下枝鰓耙数のサンプル間の対比較

		脊椎骨数					
下枝 鰓耙数	サンプル 採集地点	EH	AK	NI	TT	MS	EK
	EH		**	**	**	**	**
	AK	**		ns	ns	ns	ns
	NI	**	ns		ns	ns	ns
	TT	**	ns	ns		ns	ns
	MS	**	ns	ns	ns		ns
	EK	**	ns	ns	ns	ns	

** : P < 0.01; ns : 有意差なし

要約

1. 計数形質（脊椎骨数，下肢鰓耙数）から鳥取沖を含めた日本周辺海域のハタハタ系群解析を試みた。
2. サンプルは，北海道太平洋側（厚岸，釧路），秋田，新潟，鳥取，山口見島沖，韓国東岸のものを用いた。
3. 分散分析の結果，脊椎骨数および下肢鰓耙数ともに有意差が認められた。
4. 事後検定の結果，北海道太平洋側と日本海のサンプル間で有意差が検出されたが，日本海のサンプル間では有意差が検出されなかった。
5. 計数形質をもとに，韓国東岸系群と秋田系群を識別することは出来なかった。
6. 韓国東岸系群と秋田系群を識別するためには DNA マーカーを用いる必要があり，ミトコンドリア DNA よりも分析感度が高く個体レベルでの系群の帰属が判定できる核 DNA マーカーの探索が求められる。

謝辞

本研究を行うにあたり，（地独）北海道総合研究機構水産研究本部釧路水産試験場の稲川 亮氏，（独）水産総合研究センター北海道区水産研究所の山村織生氏，新潟県水産海洋研究所の目黒悠一郎氏，上越漁業協同組合筒石支所の塚田克郎氏にはサンプルの収集にご協力いただいた。本論文をとりまとめるにあたり東京農業大学の白井 滋氏，（独）水産総合研究センター日本海区水産研究所の藤原邦浩氏，秋田県水産振興センターの甲本亮太氏，水産大学校の高橋洋氏には有益な助言をいただいた。また，鳥取県水産試験場の職員の皆さんには山陰のハタハタの生態に関する助言やサンプル

測定等を手伝っていただいた。以上の方々に厚く御礼申し上げる。

文献

- 1) Okiyama, M. 1990. Contrast in reproductive style between two species of sandfishes (family Trichodontidae). *Fish. Bull.*, 88: 543--549.
- 2) 柴田 理. 2010. わが国の水産業「はたはた」. 日本水産資源保護協会, 東京.
- 3) 前田圭司. 1991. ハタハタ. 長澤和也・鳥澤 雅 (編著), pp. 132-133. 漁業生物図鑑北のさかなたち. 北日本海洋センター, 札幌.
- 4) 沖山宗雄. 1970. ハタハタの資源生物学的研究Ⅱ系統群 (予報). 日本海区水産研究所研究報告, 22: 59-69.
- 5) 和田時夫. 2004. A. 系群. 竹内俊郎・中田英昭・和田時夫・上田 宏・有元貴文・渡部終五・中前 明 (編著), pp. 141-142. 水産海洋ハンドブック. 株式会社生物研究社, 東京.
- 6) 小林時正・加賀吉栄. 1981. 北海道周辺海域のハタハタ産卵群の計数形質変異から推定される系統群構造について. 北海道区水産研究所研究報告, 46: 69-83.
- 7) 藤野和男・網田康男. 1984. ハタハタの種群判別. *水産育種*, 9: 31-39.
- 8) 柳本 卓. 2004. mtDNA の PCR-RFLP 分析によって明らかになったハタハタ集団の地理的分化. *日本水産学会誌*, 70: 583-591.
- 9) Shirai, S. M., R. Kuranaga, H. Sugiyama and M. Higuchi. 2006. Population structure of the sailfin sandfish, *Arctoscopus japonicus*

(Trichodontidae), in the Sea of Japan.
Ichthyol Res., 53: 357-368.

10) 白井 滋・後藤友明・廣瀬太郎. 2007.
2004年2-3月に得られた岩手沖のハタハタ
は日本海から来遊した. 魚類学雑誌, 54 :
47-58.

11) 秋田県水産振興センター・山形県水産
試験場・鳥取県水産試験場・島根県水産試
験場. 1989. ハタハタの生態と資源管理に
関する研究報告書. 昭和 63 年度水産業地域
重要新技術開発促進事業報告書.