

北海道サケネットワーク 会報

2023 年 9 月 第 13 号

サケ研究小史

遙かなる木村義一さんを悼む 高橋壽一

サケ研究の動向

行動生態学的研究

耳石温度標識

アイソスケープ (isoscape): 同位体地図

バイオロギング (アーカイバルタグ)

分子生物学的研究

遺伝子発現の解析 qPCR と RNA-seq

系群解析

環境 DNA (eDNA) サケ・マス類の eDNA 研究

サケ研究: 今後の課題と方向

会員の活動—HP より

さけます内水面水産試験場・水産資源研究所 他

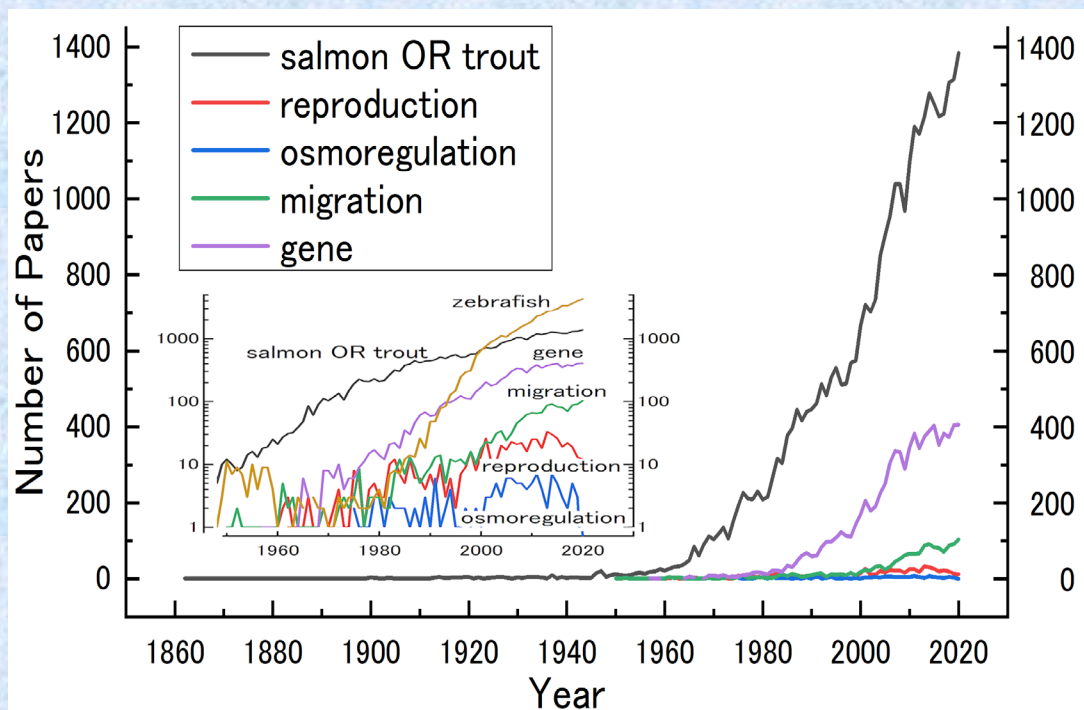
サケ会議要録 (2020 はコロナで中止) 2021 年度・2022 年度

総会議事録 2020 年度・2021 年度・2022 年度

会員・役員

編集後記

年度毎のサケ・マス類に関する論文数 (PubMed による). salmon OR trout は各年度の総論文数, 他はそれぞれの項目に関する論文の数. 挿入図は各項目の関係を見るため縦軸を対数表示したもの.



サケ研究小史

旧石器時代(おそらくそれ以前)から直近に至るまでは、河川に溯上するサケ・マス類が、近年は沿岸の、そして現在は養殖サケ・マス類が重要な水産資源である。それを反映してか、サケ・マス類は、魚類の中でも重要な学術研究の対象魚となってきた。生物に学名を付けるための二名法を提唱したリンネが編纂した“自然の体系”には、タイセイヨウサケ *Salmo salar* Linnaeus 1758 が記載されていた。一方、太平洋サケの仲間は、G.W. Stellerによる1740年代のカムチャッカの自然史研究に基づき、J.J. Walbaumによって1792年に *Salmo keta* や *S. nerka* などと名付けられたが、1861年になって、G. Suckleyにより属名が *Oncorhynchus* に改められた。なお *keta* などの種小名は、先住のコリヤーク人の呼び方によるという。(二名法による学名は、属名+種小名となっている。)

19世紀末から、ふ化放流技術の確立と平行して、学術研究が本格的になってきた。表紙のグラフはPubMedという生命科学分野の文献データベースに収載されていたサケ・マス類関連の年毎の論文数を示している。1950年以降、その数が徐々に増加してきた。表紙グラフの挿入図(縦軸は対数目盛)で研究分野を見ると、浸透圧調節(osmoregulation)の論文数はずっと一桁台なのに対し、生殖(reproduction)あるいは回遊(migration)の論文は、遺伝子(gene)関連論文の増加に対応するかのように増えている。(なお、ゲノム研究が盛んになった2000年以降は、いわゆるモデル動物のゼブラフィッシュ(zebrafish)の論文が急激に増えている。)

今では、サケは「生まれた川に帰って産卵する」と当たり前のように語られるが、それが確立するまでには19世紀末から20世紀前半にかけての標識放流の積み重ねがあった。決定的と言えるのはカナダのフレーザー川の支流に469,326尾の稚魚を標識放流したところ、11,000尾余りが迷うことなく同じ支流に帰ってきたというClemensら(1939)の研究だという(Hasler, 1960による)。なお耳石温度標識による近年の調査結果では、北海道内の河川へのシロザケの回帰精度が100%近かったという(会報9号参照)。しかし川を降り海に出たサケ・マス類の生活史には、まだ分からない事が多い。日本系シロザケの回遊経路のおおよそが明らかになったのも最近である(浦和茂彦, 2000)。

サケ・マス類がほぼ間違いなく母川回帰することが確かになるとともに、親魚が何を識別して母川を認識しているのか明らかにしようという研究が進み、嗅覚説が提唱されるに至った(Hasler 1960 参照)。太平洋サケでは、嗅覚系が母川のにおい、におい物質はおそらくアミノ酸、を識別できることが電気生理学的に示されている(Hara 1975 および 1994 参照)。サケ稚魚の嗅覚系は海に降る時に、母川のにおいにより刻印づけられ、そのにおいを記憶するが、Dittmanら(1997)によってその細胞レベルの機構の一端が解明されている。母川の識別にアミノ酸が関わることは、行動レベルでも確認されている(上田, 2018)。一方、外洋を回遊しているサケ・マス類がどのように母川を見つけるかは長いこと謎であったが、日本系シロザケがベーリング海から北海道沿岸まで回帰する時に、地磁気を利用することが示されている(Azumaya, 2016)。

1970年代から90年代にかけて、降海から溯河に至る生活史とそれにとまなう生理学的な変化、とくに内分泌機構の多くが明らかにされた。特筆すべきは、川内浩司らによる下垂体ホルモンの精製と構造決定であろう。魚類でも四肢動物と同様に生殖腺刺激ホルモンが2種類あるという成果は、生殖の内分泌機構を解明するのに大きく貢献した。また成長ホルモンファミリーについての成果は、成長ホルモンが降海時の海水適応を、プロラクチンが溯上時の淡水適応を促進するという平野哲也らの研究につながっている。このような研究が、90年代後半になると分子レベルで推進されるようになり、会報10号にあるように「サケ類のバイオテクノロジー」として結実し始めた。

遙かなる木村義一さんを悼む



～静かな夜更けに いつも いつも

思い出すのは お前のこと

おやすみ安らかに たどれ夢路

おやすみ楽しく 今宵もまた

(磯部俣作詞作曲「遙かな友へ」より)

私たちが敬愛してやまなかった木村義一さんが静かに天国に旅立たれた。無神教を公言されていたが、アイヌ民族の自然崇拝を尊んでいた木村さんなので、きっと自然豊かな新

天地で美しい音楽に包まれ穏やかな日々を過ごされているものと想像している。多分いつも好んで話題にしていたシューベルトのピアノ五重奏曲「ます」が静かに流れているのではないか。

北海道サーモン協会の発足はカナダからの帰りの航空機の中で決まった。前身の「北海道サケ友の会」の役員数名が協会を閉じる前にそれまでのカナダ・ブリティッシュコロンビア州との交流に対する謝意を表するため最後のカナダ訪問をしたが、地元の受け入れ関係者の熱意に強く打たれた。「このまま解散として良いのだろうか。改めて協会を設立して先方の熱意に応えるべきではないか」ということが語られ、そこでサーモン協会の新規設立が決まったのだった。木村さんはもろ手を挙げて賛意を表し、代表に快く就任してくれた。

木村さんをキャプテンとする新体制は「サケの棲む美しい環境を守り、サケ文化のある豊かなふるさとを子どもたちに残そう」を合言葉にできるだけ多くの市民を取り込む活動に取り組んだ。木村さんのプログラムへのアイデアは尽きることなく、その企画力、制作力、指導力にいつも驚嘆させられた。

その一つは「市民講座」の開催である。木村さんは常日ごろ安心、安全な自然食サケを普及させようと率先して公開講座を工夫し、講師を引き受けてくれた。話術巧みな木村さんではあるが、それにも増して用意された豊富なサケの展示物に参加者は目を見張っていた。木村さんは自ら水産卸業社を訪問し生のサケを何尾も提供してもらい、それを種類別に皿に乗せて提示した。キングサーモン（ますのすけ）、ケイジ、ブランドサケなど初めて見る種類にみなさん驚きの声をあげた。講座は見聞きするだけでなく、サケを味わう調理教室も開かれた。木村さんは一流の日本食講師のほか、アメリカ人、カナダ人の講師も招き、国際色豊かなサケの調理教室を組織した。

水産庁さけ・ます孵化場勤務の折、木村さんはチリでのサケ増殖指導に携わっているが、この時の経験もあって国際理解・交流プログラムに熱心に取り組んだ。カナダのアームストロング町とは毎年交互に小中学生のグループを交換しあい、ホームステイを中心とする研修事業を10年間にわたり継続していった。お別れ会での保護者の皆さんや参加した生徒諸君を見守る木村さんの穏やかな笑顔はいつまでも忘れられない。このプログラムに参

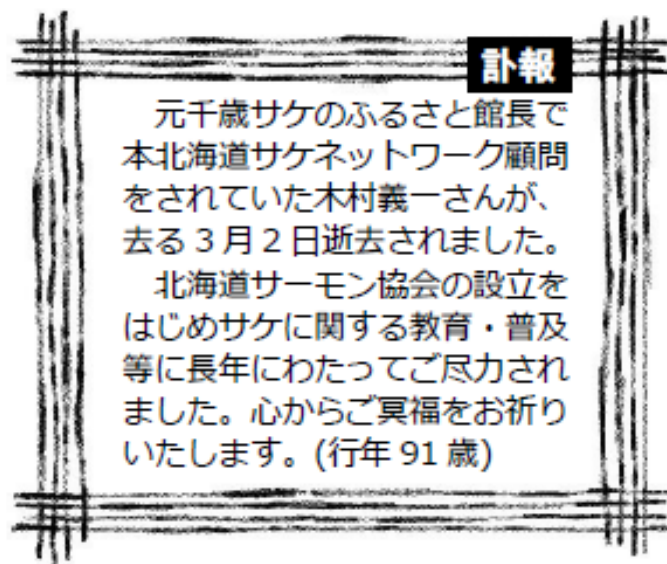
加した生徒の数は双方 60 名超で、今各界で活躍している。木村さんの残した大きなご功績の一つである。

木村さんは多彩、多趣味の方だった。若い頃は国体の水泳選手だった。男声合唱団に属し、柔らかいバリトンの声で聴衆を魅了した。近年は油絵を始められ、いただいたサケの絵は細かいところまで筆が入っていてとても温かい。大切に飾らせていただいている。

木村さんを語るのに紙幅は足りない。関係者の皆さんはそれぞれに木村さんについて多くの思い出をお持ちのことと思う。それをお互い思い起こしながら木村さんのご功績を偲びつつ、改めて感謝の意を表し心からご冥福をお祈りしたいと思う。長い間お疲れ様でした。安らかにお休みください。本当にありがとうございました。

北海道サケネットワーク事務局長

(元北海道サーモン協会事務局長) 高橋 壽一



Newsletter 68 (2023.3.15) より

サケ研究の動向

北海道サケネットワークは、2006 年に設立されたが、当初から、サケと人との関わりを考え、サケをシンボルとして「豊かなふるさと」を守り伝える運動の連携及び継続的な発展を図ることを目的として活動してきた。会報はその一環として発行されてきた。

会報 7 号 (2013) の“森・川・海 — 生物多様性の保全”には「緑に囲まれた清流に生まれ育ち、川を降り海に出て大きく成長すると、生まれた川に帰ってくるというサケの一生は、まさに森・川・海に育まれたものである。・・・サケをシンボルとする『豊かなふるさと』は、『豊かな森・川・海』という言葉に置き換えてもいいだろう。」とある。

今では、生物資源の持続的な利用と生態系の保全が不可分な関係にあることが、世界的な共通認識になっており、生物資源の持続的な維持管理を、地球環境の変動をも含めた総合的な視野で捉えることが求められている。温暖化にともなう資源の減少が懸念されているサケ・マス類（会報 12 号、2020 参照）が、それについてのよいモデルとなり得ると考えられるのだが、資源の動態には分かっていない課題が山積している。

それらの課題を解明するために、今でも北太平洋溯河性魚類委員会 (North Pacific Anadromous Fish Commission, NPAFC) が中心となる標識放流調査“北洋で標識放流されたサケ・マスの再捕計画 (Pacific Salmon and Steelhead High-seas Tag Recovery Program)”が実施されている。すなわち「北洋におけるサケ類の標識放流は 1950 年代から現在に至るまで続けられている。調査では、北太平洋、アラスカ湾およびベーリング海における調査航海の間にサケ・マス類にディスク標識が取り付けられている。これらの調査によって海洋における分布、回遊、成長が調べられてきた。サケ・マス類の標識の回収報告は重要である。なぜならば気候変動の影響を受けているサケ類の分布と生息環境についての直接的な証拠が得られ、北太平洋における資源の保全に寄与するからである。ディスク標識が付いている魚の中には、電子標識も付けられたものがある。無傷の電子標識からは、個体毎の遊泳水深や生息環境の情報が取り出せるので、個々の魚の行動についての詳細な情報を得ることができる。ディスク標識と電子標識は魚体の外側、背鰭の近くに付いているので、容易に見つかる。北洋のサケ類の標識回収をお願いする。」という。NPAFC のホームページには、以上の概要とあわせて、標識放流されたサケ・マス類の再捕を依頼するポスター（次ページ図 1）が掲載されている。

上に述べた洋上での標識放流だけでは、標識を付された個体の母川、すなわち系群が不明であるため、生活史の全容や資源の動態を明らかにするには不十分であったが、近年、サケ・マス類の生活史や資源の動態についての調査研究方法にさらなる進展があった。それらを用いた成果が出てくるのはこれからであるが、どのような方法があり、それらからどのようなことが見えてくるかを知っておくことは、これからのサケ・マス研究の理解、ひいては資源の保全にとって大切であろうと思われるので、今回それらを取り上げた。なお、研究方法には、遺伝子の配列情報を利用しているものがあるので、先端的な調査研究

北洋で標識放流されたサケ・マスの再捕報告のお願い ～再捕報告者には粗品を贈呈し賞金抽選会もあります～

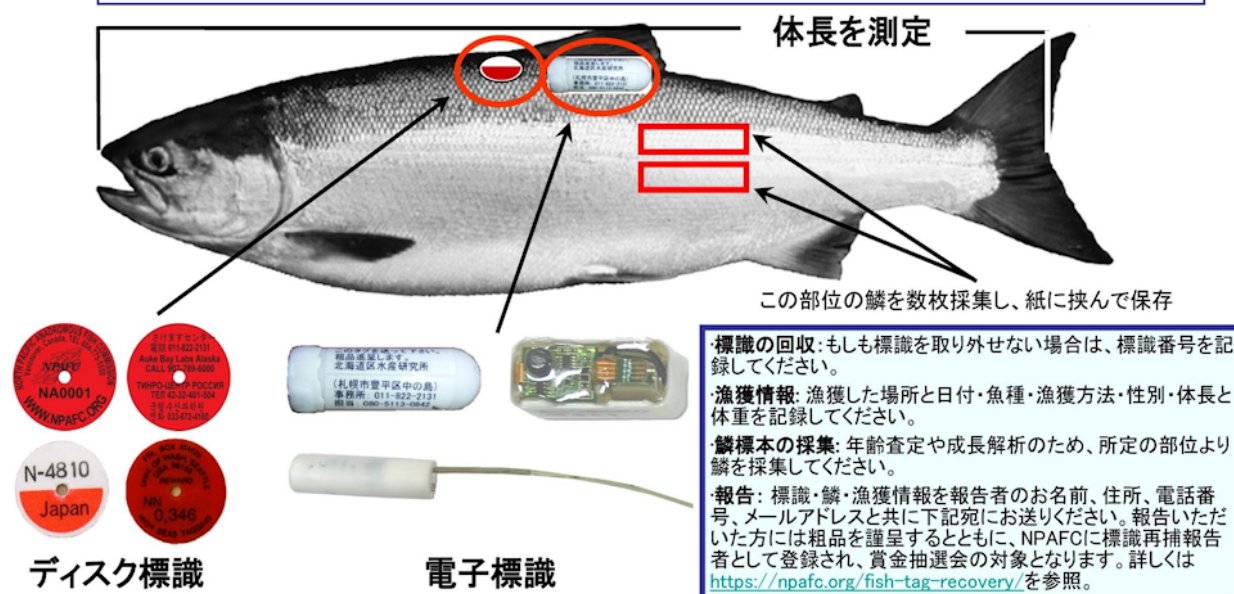


図 1 NPAFC が中心となって実施している標識放流調査のポスター（日本語版）。調査の詳細は本文。ディスク標識や電子標識の中には日本の調査船が用いているものも含まれている。

方法を、大きく「1 行動生態学的な手法」と「2 分子生物学的な手法」の 2 つに分けて見ていくことにしたい。それぞれの内容であるが、

「1 行動生態学的な手法」では

耳石温度標識、アイソスケープ、バイオロギング（アーカイバルタグ）

「2 分子生物学的な手法」では

遺伝子発現の解析、系群解析、環境 DNA

を取り上げた。

「1 行動生態学的な手法」の初めの項目、耳石温度標識は、会報 9 号（2017）で取り上げたものであるが、近年その利用が国内・外で拡大しているので、温度標識の形成機構について補足しておくとともに、水産の現場でどのように利用されようとしているか紹介し、問題点を指摘しておいた。

「2 分子生物学的な手法」の最後の項目、環境 DNA はその利用がサケの研究でも注目されているので、最近の動向についていささか詳しく紹介してある。

行動生態学的研究

耳石温度標識

サケ研究小史（表紙裏）で触れたように、サケが「生まれた川に帰ってきて産卵する」と語れるようになるまでには、半世紀以上にわたる標識放流の積み重ねがあった。標識の方法は、図 1 にあるような外部標識で、1990 年代までは主に図の左側にあるようなディスク標識が用いられてきた。近年、上に述べたように、一部の個体についてはあるが、図の中央部にあるような電子標識（データロガー、アーカイバルタグともいう。後述）が併用されるようになった。しかし、まだ体の小さな仔・稚魚の場合、体外に標識を付けるのは大きな負担になるので生物学的あるいは分子生物学的なマーカーの利用が進んだ。その一つが耳石温度標識で、90 年代から広く利用されるようになった。

耳石の日周輪形成 耳石は 1 日に 1 本の日周輪を形成しながら成長する。それぞれの日周輪は、明るい L 帯と暗い D 帯からなる。L 帯の主要成分はコラーゲン様の基質タンパク質 *otolin-1* と炭酸カルシウムの結晶であるアラゴナイトで、*otolin-1* 遺伝子の発現およびカルシウムの沈着が夜間に高まるとされている。一方、D 帯の主要成分はカルシウム結合能のないシート状の基質タンパク質 OMP-1 であるが、*omp-1* 遺伝子の発現には日周リズムが見られない。すなわち、水温が一定なら、耳石の L 帯は、夜間に基質タンパク質 *otolin-1* に炭酸カルシウムの結晶（アラゴナイト）が沈着して成長する。なお、耳石が収まっている内耳小嚢内の pH とアラゴナイトの飽和率も夜間に高まっている。（会報 9 号参照）

耳石の成長を促進する要因 通常の飼育環境下では、耳石の成長は、体全体の成長、とくに成長率に比例しているという（Campara and Neilson. 1985 参照）。体の成長の促進に関わる主役は、脳下垂体から分泌される成長ホルモン（GH）と肝臓から分泌されるインスリン様成長因子 1（IGF-1）が作る **GH-IGF 系**で、成長ホルモンによる刺激で分泌された IGF-1 が、体内の各組織に作用して成長を促している。

サケ・マス類の耳石の成長を GH-IGF 系が促進しているという研究報告は見当たらないが、キンギョを用いた脳下垂体の除去実験で、脳下垂体を除去された個体では耳石および鱗へのカルシウムの取り込みが低下すること、成長ホルモンの投与により低下したカルシウムの取り込みが元のレベル近くにまで戻ることが確かめられている（Shinobu and Mugiya, 1985）。サケ・マス類の仔・稚魚が、斑紋のあるパーから斑紋が消え銀色のスマルトに変態する時期、すなわち耳石に温度標識を施すのに適した時期には、血中の成長ホルモン濃度、次いで IGF-1 濃度が大きく上昇する（Dickhoff et al, 1997）ので、GH-IGF 系が耳石の成長を促進しているのではないかと考えられる。

日周輪形成の要因 先に述べたような機構で耳石に日周輪が形成されるが、その日周性

は光周期（明暗リズム）に同調している一方で、水温の変動や給餌時間によって約 24 時間の日周リズムからずれてしまう。したがって、光周期、あるいは水温やエネルギー代謝の変化に合わせて変動する内因性の要因、おそらくはホルモンが、日周輪の形成を制御しているだろうという (Morales-Nin, 2000 参照)。サケ・マス類では、上に述べた成長ホルモンに、夜間に血中量が高まるという日周性があることが示されている (Cowan et al, 2017)。耳石形成との関係が、サケ・マス類では実験的に確かめられていないようであるが、血中成長ホルモン濃度の日周リズムが、耳石形成の日周リズムに対応しているように思われる。なお、脳下垂体からの成長ホルモン分泌の日周リズムを形成しているものとして、サケの仔・稚魚でも、夜間に脳内の含有量が高まっている松果体ホルモンのメラトニン (Shi et al, 2004) が寄与しているのではないかと考えられる。

耳石温度標識－水温－GH-IGF 系 仔・稚魚への耳石温度標識が可能なのは、耳石の形成が、光周期より飼育水の水温の影響を強く受けているためで、D 帯は温度が低下している時に、L 帯は温度が上昇している時に成長する (Volk et al, 1999 参照)。一般に用いられている温度標識法では、通常の水温（千歳なら平均 8.3℃）で飼育していた卵や仔魚の飼育水の水温を数度下げて顕著な D 帯を形成させている（詳細は宮内他, 2015 参照）。耳石温度標識で仔・稚魚の死亡率が増加するようなことはなかったという。しかし、仔魚

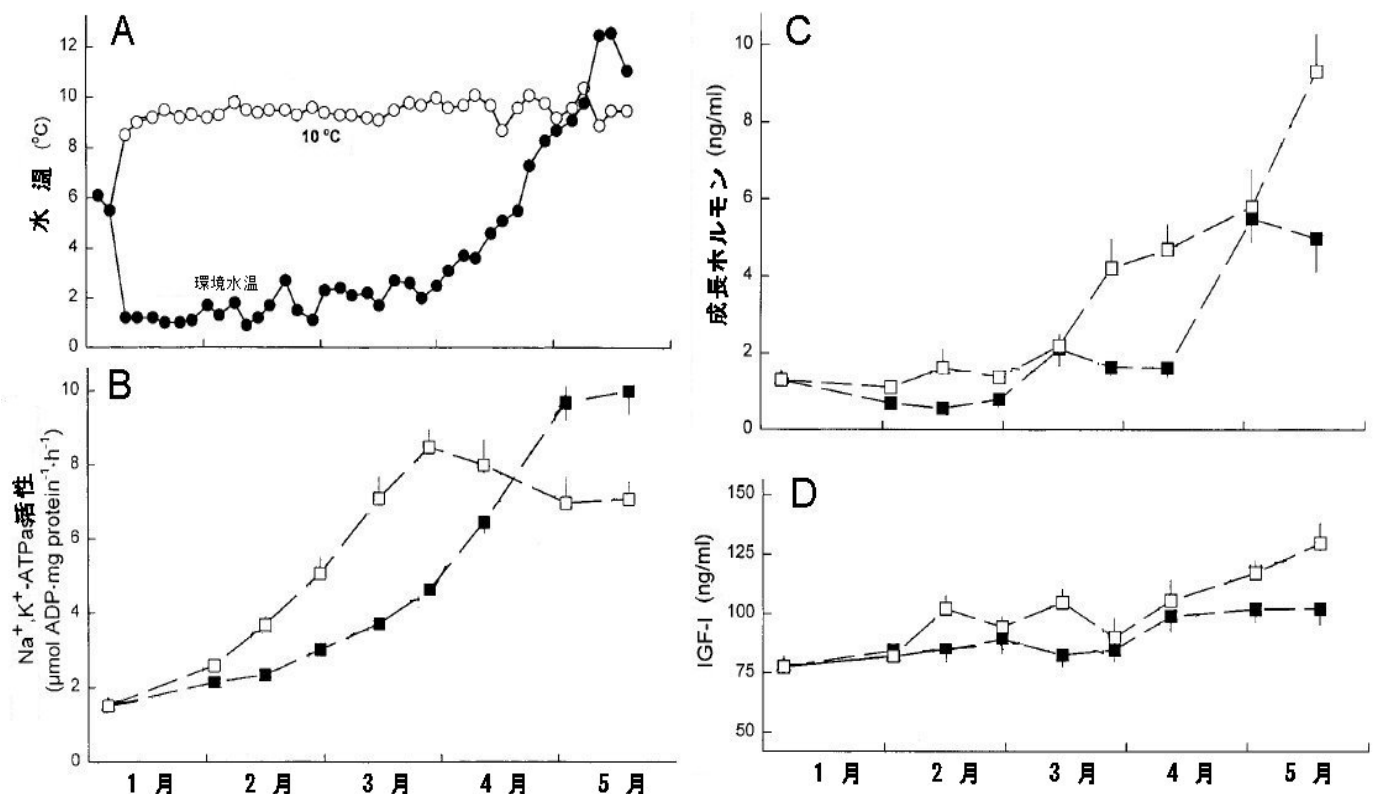


図 2 水温と GH-IGF 系 A. 飼育水の水温の変化. 実験魚は、1 月初めに環境水温群と 10℃群に分けられた。日照条件も環境の変動に合わせてある。B. 鰓の Na⁺,K⁺-ATPase 活性の変化. 水温が低い 2 月から 3 月前半までは活性が低い。C. 成長ホルモンの血中濃度。D. IGF-1 の血中濃度。環境水の水温が低い期間は低値となっている。(McCormick et al, 2000, Fig 1 および Fig 2 より抜粋, 改変)

期から稚魚期にかけては、図 2 に示すように GH-IGF 系や甲状腺ホルモンの影響下に、いわゆる銀化変態（**スモルト化**）が進行し海水適応能を獲得する重要な発生段階で、この時期に低水温下に置かれるとスモルト化が抑制されることがタイセイヨウサケで報告されている（McCormick et al, 2000）. すなわち、タイセイヨウサケのパー（体長 15~18 cm）を図 2A に示すように飼育水温が環境と同様に变化する群（環境水温群）と水温を 10℃に維持した群（10℃群）に分け、1 月から 5 月までの海水適応能やスモルト化に関わるホルモンの血中濃度の変動を分析したのである. なお、海水適応能は、体内の過剰な塩類を鰓から体外に排出している Na^+, K^+ -ATPase という酵素の活性を指標として見ている（図 2B）. この酵素の活性が高いほど体内の過剰な塩を排出する能力、すなわち**海水適応能**が高いとされている. 環境水の水温が低い間は、環境水温群より 10℃群の方が、海水適応能が早く高くなるので、低水温は海水適応能の獲得を抑制していると考えられる. その大きな要因は、低水温下では GH-IGF 系の機能が低いままで高まらず、スモルト化が遅れるためであろうという. なお、図には示さなかったが、スモルト化を促進するとされている甲状腺ホルモンのチロキシン（T4）とその活性型とも言うべきトリヨードチロニン（T3）の血中濃度の比（T3/T4）も 10℃群の方が高い値を示していた.

耳石温度標識、とくに低水温による標識処理が、体の成長、耳石の形成ひいてはスモルト化や海水適応能の獲得に関わる調節系にどのような影響を与えるかについては、ほとんど分かっていない. 耳石温度標識された何億尾にもものぼる大量の稚魚が、NPAFC を構成している各国から放流されてはいるが、低温処理が生理機能に与える影響についての研究報告が見当たらないのである.

耳石温度標識とさけ・ます放流体制緊急転換事業 会報 12 号で紹介したように、水産庁は、令和 2 年度から「さけ・ます放流体制緊急転換事業」を実施しているが、令和 3 年度もこの事業が継続して実施された. その眼目は「令和元年度以降、耳石温度標識を付けて時期や体サイズを変えて放流したサケが回帰することから、放流河川に回帰したサケ親魚の耳石を調査し、その回帰効果を比較検証するとともに、これにより得られたふ化放流技術等の成果の普及を促進していく」という所にある. 気になるのは、耳石温度標識を付けた稚魚を時期や体サイズを変えて放流する、という点である. それは、かつてのサケ資源の増大が、適期放流、適切な時期に稚魚を放流する、という考えに基づいて実施されてきた成果だとされているからである（関 二郎 2013 参照）. なお、適期に適切な体サイズの稚魚を放流するという目標もあったが、適サイズについての指標は得られていない（関 二郎 2013, 高橋史久 2014）.

関（2013）は、さらに「孵化放流事業の成功は“健康な種苗を育成し、適切な時期に放流する”ことに尽きる. 如何なる放流方法を用いても肝心の種苗が虚弱なものであつてはその成功がおぼつかないのは自明のことである.」と述べている. そして、放流時点での稚魚の**健苗性を評価する指標**で確立されているものはないが、有効性が検討されているものの 1 つとして**海水適応能**があるという. 成長や栄養状態の悪い個体は海水中での生

存率が低いことが知られており、海水適応能の低い個体が多い稚魚群は、成長や健康面で問題があると推測できるのである。GH-IGF 系の機能が低く抑えられている間は海水適応能が高まらないという図 2 に示した関係は、これをよく説明している。なお、スモルト化したヒメマスに適期（臨界期とも言える時期）に淡水から海水に移すと一過性に血中塩濃度が高まり、数日で淡水レベルに戻るが、この時、血中成長ホルモン濃度が倍以上に高まっていたという。しかも臨界期の前後には、このような変動は見られなかったという (Yada et al, 1991)。サケ稚魚の放流適期・適サイズの検討についても、このようなデータがあってこそ、科学的根拠に基づく議論が可能になるのではないだろうか。

アイソスケープ (isoscape)：同位体地図

アイソスケープ (isoscape) という言葉は、安定同位体 (isotope)、正確には安定同位体比（後述）の地理的分布 (landscapes) を表す用語として West et al (2008) により提唱された (isomap とも言う)。地球温暖化ガス（炭酸ガスやメタンなど）の動態についての時空間的な分析、あるいは食物網の解明のような生態学的研究などに広く使われていたので名付けられたものであろう。アイソスケープは、海に比べ陸上の方が作成しやすいため、早くから陸生動物の移動、鳥類の渡りの研究にも利用されていたが、近年、技術的な発達もあり、サケ・マス類の回遊の研究にも利用されるようになってきた (Hobson et al, 2010)。このような動向を背景としてか、科学技術振興機構 (JST) による「先端技術で探るサケの回遊行動と生態」というプロジェクトの中でも、アイソスケープを用いる研究が取り上げられた。そこで、まずアイソスケープについて概観し、プロジェクト研究でどのような成果が得られたのか、今後どのような課題があるのか、を見ておきたい。

安定同位体とアイソスケープについて

安定同位体 元素（陽子数が同じで中性子数が異なる原子の集合）の多くは、放射線を出さない同位体、すなわち安定同位体を含む。例えば、生体を構成する主要な元素の一つである炭素の陽子数は 6 であり、天然には中性子数が 6~8 の同位体、炭素 12 (^{12}C)、炭素 13 (^{13}C)、炭素 14 (^{14}C) が存在する。このうち ^{12}C と ^{13}C （天然の存在比は約 99:1）は安定同位体、 ^{14}C はごく微量にしか存在しない放射性同位体である。なお、陽子の個数は原子番号、陽子数と中性子数の和は質量数と呼ばれており、 ^{12}C のように、質量数が元素記号の左肩に記される。（原子番号は ${}_6\text{C}$ のように左下に記される。）

同位体比 炭素以外の主要な生体構成元素、水素 (H)、窒素 (N)、酸素 (O) などにも安定同位体が存在する。いずれの元素についても、わずかではあるが、環境要因などに対応して同位体の存在量の比率（同位体比）が異なる例が知られている。これらの元素では、最も質量数の小さな同位体の存在量がたいへん多いので、同位体比 ($R_{j/i}$ 試料) は、高質量数の同位体の個数 (N_j) / 低質量数の同位体の個数 (N_i)、として表される。しかし、変化は一般に小さいので、試料の同位体比 ($R_{j/i}$ 試料) を、既知の国際標準物質の同位体比

(Rj/i 標準物質)と比較し、変化率を次の式により求め、千分率偏差 (δ ‰) として表す。

$$\delta \text{ (‰)} \text{ 試料} = (\text{Rj/i 試料} / \text{Rj/i 標準物質} - 1) \times 1000$$

試料の δ 値 (安定同位体比) が正ならば、標準物質にくらべて重い同位体が多く、 δ 値が負ならば軽い同位体 (自然界で最も多い) が多いことになる。

同位体比は化学的あるいは物理的な作用で変化する。質量数が高い (重い) 同位体分子は軽い同位体分子より振動エネルギーが小さい、すなわち分子間の結合エネルギーが強いので、化学反応で新たな分子が生ずる場合、同位体比が変化するのである。また、重い同位体を含む分子より、振動エネルギーの大きな軽い同位体を含む分子の方が、反応が速く進む。言い方を変えれば、軽い同位体は、振動エネルギーが大きい物質に分配されることになるので、液体や固体に比べて気体により多く分布している。このような同位体分布の違いが、近年の質量分析機器 (高額ではあるが) の発展により、微量の試料 (例えば 10^{-9} g の試料) について精密に分析できるようになっている。

生命科学および環境科学における安定同位体の利用 太陽系内のさまざまな物質の同位体比は、ほぼ一様であるが、上に記したような理由により、僅かではあるが試料間に違いが見られることがあるので、その差異を主に質量分析により検出し、安定同位体比を千分率偏差 (δ ‰) で表している。

分子から生態系に至るまで、生物に起源を持つ物質がもつ安定同位体比には規則性をもつ特徴があり、それがそれぞれの物質の原料や生成経路のダイナミクスを反映しているという。植物では、 $\delta^{13}\text{C}$ および $\delta^{15}\text{N}$ が、生態系の特徴を反映して、地域毎に異なった値となる。しかも $\delta^{13}\text{C}$ は食物網の出発点である植物の $\delta^{13}\text{C}$ 値を反映している。一方、動物のタンパク質の $\delta^{15}\text{N}$ 値は、餌の $\delta^{15}\text{N}$ 値に対して一定の比率で大きくなる。この比率は、無脊椎動物、脊椎動物を問わずほぼ一定であるが、栄養段階が高くなると一定の割合で増加する。それらを利用して、 $\delta^{15}\text{N}$ - $\delta^{13}\text{C}$ の分布を地図上に描き、生態系の食物網が理解されるようになったという (和田英太郎, 1993)。

サケ・マス類の母川とストロンチウムの安定同位体

母川から海に降り成長・成熟して母川に回帰するというサケ・マス類の回遊の履歴を、同位体を用い、同一個体について明らかにする試みが 1990 年代から続いている。当初に着目されたのは、耳石中に含まれるストロンチウム (Sr) とカルシウム (Ca) であった。いずれも、環境水中の濃度、すなわち河川水中、汽水中、および海水中的濃度が、塩濃度に比例して高くなるだけでなく、耳石の成長、すなわち日周輪の形成にともない環境水から取り込まれるため、特定の個体の耳石に含まれている Sr と Ca の含量、実際には Sr/Ca 比 (mmol/mol) を、日周輪を追って解析すれば、生活史のどこで川から海に、あるいは海から川に移動したのかを知ることができる (Zimmerman 2005 参照)。

しかし、Sr/Ca 比から得られるのは環境水の塩濃度に関する情報であるため、ある個体が生まれ育った河川 (支流も含めて) についての情報を得ることが出来ない。それを可能

にしたのが、 $^{86}\text{Sr}/^{87}\text{Sr}$ の同位体比 ($\delta^{87}\text{Sr}$ と表記) であった。初めてこれを用いたという Kennedy et al (1997) は、米国北東部を流れるコネティカット川の 10 の支流から採捕したタイセイヨウサケ幼魚の脊椎骨について $\delta^{87}\text{Sr}$ を分析し、それが採捕した水系の河川水の $\delta^{87}\text{Sr}$ と複数年にわたってほぼ同じ値を取ることを示した。また脊椎骨と併せて耳石についても分析した個体では、その $\delta^{87}\text{Sr}$ が脊椎骨と同様の値であった。

アラスカ・ブリストル湾に注ぐナシュガク川のいくつかの支流で生まれ育ったマスノスケでも、耳石における $\delta^{87}\text{Sr}$ の値は、成長にともない、生息する支流のそれと同じになる。やがて、川を降り海に近づくにつれてその値は高まり、ついにはいずれの支流由来の個体の $\delta^{87}\text{Sr}$ もブリストル湾の海水と同等になったという (Bennan et al, 2015)。

このように、成長にともない耳石に取り込まれた Sr と Ca。さらに $\delta^{87}\text{Sr}$ は、サケ・マス類の初期生活史、とくにどの母川 (支流) で育ち、いつ降海したかを知るのにたいへん有効である。しかし、回遊経路も含めた海洋における生活史を明らかにするにはいささか力不足と言わざるを得ない。以下に紹介する外洋のアイソスケープを用いた研究は、その問題を解決する一助となる可能性がある。

2019 生態学会シンポ：多元素同位体情報を用いた海洋生物の移動履歴研究最前線

趣旨 「近年、陸上生態系ではアイソスケープがいろいろな元素について描かれ、これを利用した生物の移動を追跡する研究が広がっている。異なる元素のアイソスケープを重ね合わせて“マルチアイソスケープ”を描き、それを利用する研究も広がっている。一方、海洋生態系では、アイソスケープ作成の困難さから、この手法を用いた研究は少ない。本シンポジウムでは、移動性の高い魚類を中心に、本手法を用いた研究の最前線について議論したい。」とある。講演の中からサケの回遊に関わるものを選び、要旨を紹介する。

耳石を用いた魚類回遊履歴復元の最前線 白井厚太郎 (東大大海洋研) 耳石の Sr/Ca 比は古くから両側回遊魚の回遊履歴の推定に用いられてきたが、近年、多元素の同位体組成の分析により、多様な生態履歴を復元するための手法が開発されているので、演者らの研究を中心に、耳石の化学・同位体組成を使った魚類生態に関する研究を紹介する。

淡水－海水間の往来の指標として用いられてきた耳石 Sr/Ca 比には汽水域における塩濃度を正確に反映しないという問題がある。一方、酸素同位体比 $\delta^{18}\text{O}$ (標準海水を基準としている) は環境水の塩濃度によく相関しているので、いくつかの魚種で検討したところ、耳石 $\delta^{18}\text{O}$ が経験塩濃度の指標として有用であることが示された。

北太平洋における多元素アイソスケープの作成 松林 順 (海洋研究開発機構) 生物の体を構成する元素の同位体比は、その栄養源の同位体比を反映するが、海洋では生物の同位体比が生息場所によって大きく変動する。この海域によって異なる同位体比を正しく理解し、分布地図すなわちアイソスケープを作成すれば、生物の同位体比から移動経路を推定することが可能になると考えられる。そこで北太平洋の広い範囲で採取した動物プランクトンを分析し、 $\delta^{15}\text{N}$ および放射性炭素同位体比 ($\Delta^{14}\text{C}$) のアイソスケープを作成した。

$\delta^{15}\text{N}$ のアイソスケープは日本近海でやや高値、北太平洋中央部で低値、ベーリング海東部の大陸棚で極めて高い値を示していた。また $\Delta^{14}\text{C}$ は亜寒帯前線の北側より南側、すなわち黒潮域で極めて高い値であった。

松林氏は、上に紹介したアイソスケープを用いて「サケ親魚の脊椎骨に刻み込まれた大回遊の履歴」の復元を試み、その成果を「戦略的創造研究推進事業 CREST: 先端技術で探るサケの回遊行動と生態」というプロジェクト研究の報告会(2019 年 2 月)で報告している。成果は原著論文としても公表されているが、その内容が [SALMON 情報 15 号](#)において「“同位体”で探る、外洋域におけるサケの回遊経路」として詳しく紹介されている。詳細はそちらを御覧いただきたい。

バイオリギング（アーカイバルタグ）

先に NPAFC のディスク標識および電子標識を用いた標識放流調査（図 1 参照）について触れたが、ここで電子標識と言っているのはデータを電子的に記録できる小型の機器で、アーカイバルタグ、データロガー、あるいは単にロガーとも呼ばれている。ロガーには、多様なセンサー（表 1）、センサーが検出したデータを記録するメモリーおよびバッテリーが耐圧容器の中に組み込まれている。これを動物に装着することで、その個体の行動やそれにとまなう生理的な変化、さらには生息環境を知ろうという研究の手法がバイオリギング（bio + logging）である。

表 1 サケの行動生態研究に使われている、あるいは使い得るセンサー

センサー	得られる情報	サケで分かること
温度	センサー装着部位の温度	水温（外部装着） 体温（腹腔内装着）
圧力	水深	遊泳深度、遊泳時間、(+水温) 遊泳パターン
電気伝導度	塩濃度	海水⇄淡水 とくに母川溯上時の行動
光	環境の照度	日照時間、日出日入の時間、位置情報（緯度・経度）
磁気	地磁気（全磁力・伏角）	回遊経路（頭部の向き等の情報と併せて）
プロペラ	流れに対する速度	遊泳速度
加速度	X, Y, Z 各方向の加速度	運動時の移動方向、動作、姿勢
電位	生体内の電気変化	心電図、筋電図、脳波
映像(video)	動画、静止画	動物が見ているもの（搭載器をビデオロガーともいう）

注）多くの場合、上の表にあるセンサーの内の幾つかが研究目的に合わせて選ばれてロガーに組み込まれ、サケでは図 1 にあるように背鰭の付け根、目的によっては腹腔内に装着される。市販されている国産のデータロガーおよびビデオロガーのスペックについては[リトルレオナルド社の HP](#)を参照されたい。

サケ・マス類におけるバイオリギング

バイオリギングによる海生動物の行動生態学的な研究が始まったのは 1960 年代であったが、1980 年代末から 1990 年代にかけて、電子技術の進歩によりロガーがデジタル化

されるとともに高性能化，小型化が進んだ．90 年代後半には，サケ成体に装着して水深，水温，塩濃度などを同時に記録できる小型のロガーが開発され，回帰してきた親魚の沿岸から母川に至る行動を調べるのが可能になったという（Naito 2004 参照）．そこでまずバイオロギングによりサケの回遊行動について分かったことを見ておきたい．

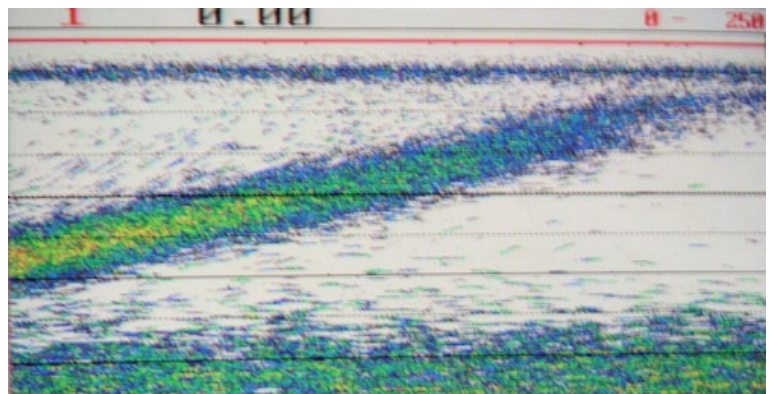
ベーリング海から回帰してくる日本系サケの遊泳行動

浦和茂彦（1999）によれば，さけ・ます資源管理センター（当時）により 1998 年 7 月，ベーリング海中部（編集子注：Moriya et al, 2009 によれば年齢を問わずこの海域では日本系サケが多い）で調査航海中の若竹丸から，外部あるいは腹腔内にロガーを装着されたサケが放流され，前者は 23 個体中 5 個体が，また後者は 25 個体中 3 個体が 2~3 ヶ月後に日本の沿岸と河川で再捕されたという．外部装着型のロガーは水温を，腹腔内装着型のロガーは水温，体温，水深および照度を記録するものであったが，いずれのタイプのロガーでも，沖合域ではサケ雌雄の遊泳行動は同様のパターンを示していた．すなわち，サケは，夜間は主に表層を遊泳しているが，昼間は表層から水深 50 m までの間で頻繁に鉛直移動を繰り返し，時には 50 m 以深にまで達していた．

2000 年には，極地研究所を中心とするグループが，水深と水温に加えて遊泳速度を記録できるロガーを装着したサケ 27 尾をベーリング海中部から放流した（Tanaka et al, 2002）．その内の 1 尾が 69 日後に直線距離にして 2760 km 離れた道東・歯舞村の定置網で再捕された．この個体は，通常，夜間は表層近くを，日中は 50 m 以浅，表層と温度躍層（水温が急激に低くなる層）の間で V 字を描くように鉛直移動していたが，3 回ほど 150 m を越える深さまで潜水した．遊泳速度が 1 m/s を越えることは滅多になかったが，最大で 2.8 m/s に達していた時があった．1 日当たりの移動距離は，放流直後の動きが鈍かった 10 日間を除いて計算すると， 42.3 ± 11.5 km (1.8 km/h) であった．なお，昼夜で遊泳パターンが異なるのは，摂食行動の違いを反映しているのではないかという．

（参考図に示したように，餌のプランクトンは，日中は深い所にいて夕方になると表層に上昇してくるが，朝にはまた深い所に移動するという日周リズムを見せる）．

参考図 夏のベーリング海中部で観察されたプランクトンの鉛直移動の一端．開洋丸の魚探のモニターに時間を追って記録されていた図で，夕方に向かい，プランクトンが 200 m ほどの海底から表層に向かって移動している．



2012 年および 2013 年の北光丸（北水研）による夏季サケ・マス資源生態調査では，水温・水深・頭の向きに加えて地磁気的全磁力と伏角（水平面と全磁力のなす角度）を記

録できるロガーを装着されたサケ 計 35 尾がベーリング海中部から放流され、それぞれの年に 1 尾ずつが北海道沿岸で再捕された。回収されたロガーの記録から回帰ルートを解析したところ、サケは地磁気（全磁力）を利用してベーリング海から北海道沿岸まで回帰してきたと考えられるという（Azumaya et al, 2016; 東屋知範, 2017）。

日本の沿岸におけるサケの遊泳行動

三陸沿岸に来遊したサケから得られた知見 ベーリング海から回帰してきたサケが、日本の、とくに太平洋側の沿岸に近づくと、沿岸の水温が高いためか、その遊泳行動のパターンが違ってくる。まだ沿岸の海面水温が 20℃ 前後と高い時季に三陸沿岸に来遊したサケ親魚は、高水温を避けるかのように鉛直移動し、時折、100 m 以深で水温が 12℃ 以下の深い所に数時間滞在するというのである（Tanaka et al, 2000）。1995 年から 1997 年にかけて水深と水温を記録できるロガーを用いて行われたこの調査研究では、冬が近づき海面水温が 13℃ 前後になる時季に来遊したサケでは、50 m 以浅での日周リズムのない鉛直移動は見られるが、より水温が低く深い所までの潜水は見られていない。もともと冷水を好み‘冷水魚’と言われているサケには、高水温を避け、低水温の深い所にまで潜水して体温を調節する習性があるのではないかと考えられる。

Tanaka et al. (2001) は、上に述べた研究に続けて、1997 年から 1999 年にかけて、水深と水温に加えて遊泳速度と加速度を記録できるロガーを用い、潜水時および浮上時の速度や姿勢を詳細に解析している。潜水時の遊泳速度の方が、浮上時のそれよりも速く、角度も急である。一方、浮上時の方が尾鰭をより速く力強く振っていた。サケは、潜水する時よりも浮上する時により多くのエネルギーを費やしていると考えられるのである。（編集子注：鳥が空を飛ぶ時は、羽ばたいて高度を上げてからすべり落ちるように滑空する。サケの短距離の上下動は、消費エネルギーを少なく保つ効率の良い泳法のようなのである。）

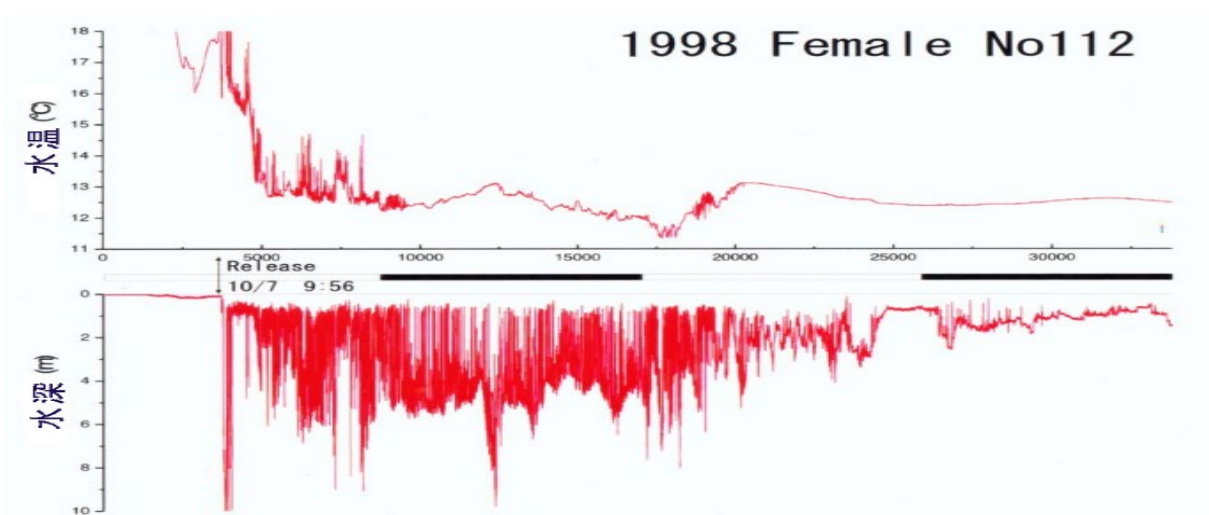


図 3 1998 年 10 月に、石狩川河口近くでロガーを装着されて放流され、インディアン水車で再捕された雌のサケの水深と水温の記録。図 4 に示されているように、サケを放流した水域の表層には低温・低塩濃度の河川水が張り出していたことから、この個体は放流後まもなく石狩川を溯上したと推察される。

石狩湾に來遊したサケ 母川回帰のピーク時の海水温が高い北海道日本海側のサケは溯上時にどのような行動を見せるのだろうか？ 基本的には上に述べたことと相違ないのだろうか？ これらの疑問に答えるために，Kitahashi et al (2000) は，1997 年と 1998 年に，石狩湾・厚田沖で，石狩川に溯上するであろうサケに水深と水温が記録できるロガーを装着して放流した（前ページ，図 3）．千歳のインディアン水車まで溯上して再捕されたサケ（No. 112）から回収されたロガーのデータを図 3 に示す．サケの個体は石狩湾を遊泳中，頻繁に上下移動はするが主に水温の低い表層に滞在していた．石狩湾に回帰してきた他のサケが好んで遊泳していたのも，石狩川の河川水が表層に張り出す水温 15~17℃の沿岸汽水域であった（図 4）．なお，水温から判断すると，No. 112 の個体は，放流の数時間後には河口に到達し，石狩川を遡上し始めたと思われる．

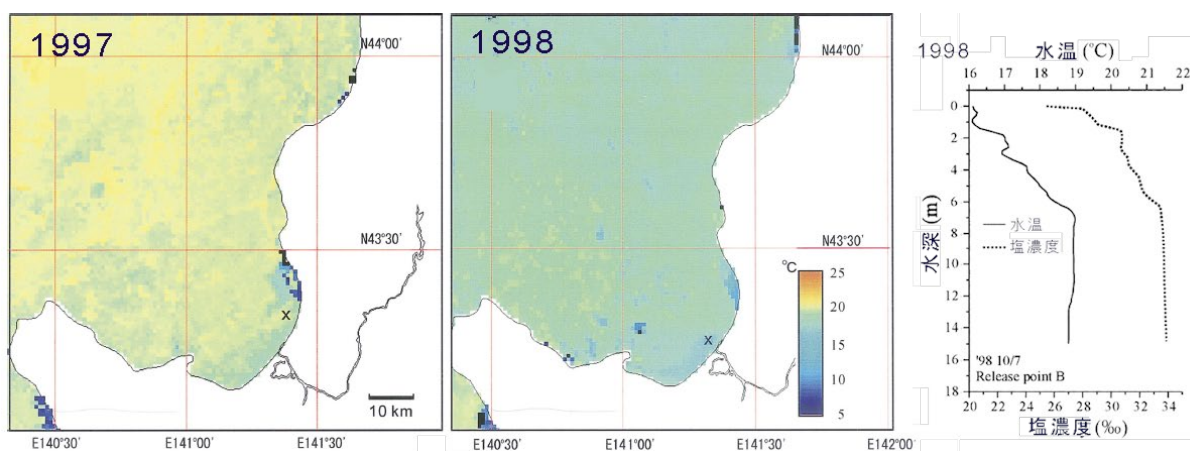


図 4 1997 年 9 月下旬（左の図）および 1998 年 10 月上旬（中央の図）の石狩湾における表面海水温の分布（NOAA の衛星データによる）．石狩川河口周辺の表面海水温が，河川水の張り出しにより 15℃前後となっている．両年ともロガーを装着されたサケは，石狩川河口近く(X)から放流された．右側のグラフは 1998 年の放流点における水深毎の水温と塩濃度で，河川水の張り出しにより塩濃度が低くなっている表層の水温が，深い層より低くなっている．（Kitahashi et al, 2000 より）

上に記したように，三陸沿岸であれ石狩湾であれ，沿岸に回帰してきたサケ親魚は，水温の低い層あるいは水域を選好し，上下動を繰り返しながら遊泳していた．沖合での鉛直移動は，餌生物の日周移動を追っての行動であるのに対し，摂餌をしなくなった沿岸での鉛直移動や上下動は，体温調節あるいは表層に張り出した河川水中の母川の匂い物質の検出に関わっていると考えてよいだろう．

次世代型データロガー（次世代ロガー）

上に記したロガーにより得られた結果は，いわば症例報告のようなところがあり，群れとしてのサケの行動や動態を知るところまでいっていない．これは，ロガーを用いた従来の行動生態研究に大きな難点があったためである．すなわち，回収率が低いことと高価なことである．このような難点を解消するために戦略的創造研究推進事業 CREST のプロジェクト「データ高回収率を実現するバイオリギング・システムの構築～魚類の個体群・群衆ダイナミクス解明に挑む～」（代表：北大北方生物圏フィールド科学セ・宮下和士教授）

が進められ、低価格・大容量の小型多機能ロガーや音響通信技術を利用してデータの回収率を高めたシステムが開発された。

上記の音響通信技術を利用するシステムの開発では、水深や水温などの情報を超音波に載せて発信するピンガーとその信号を受信する装置を一緒に組み込んだロガー、すなわち他のロガーとの間で情報を双方向性にやり取りできる双方向通信ロガー（InterFish）が作製された。通信にあたっては、水深など 4 つの情報を、個体毎にパターンが異なる一群のパルスに割り当て、容易に個体識別ができるようになっていているという。このシステムをサケで用いる実証実験が、東大・大気海洋研究所の北川貴士准教授によって岩手県大槌湾によって実施され、データの回収率が飛躍的に向上していることが示された。サケはゆるやかな群れを作って遊泳しているが、適水温になると一斉に溯上する。今後、次世代ロガーによって、群れとしてのサケの行動が明らかになることが期待される。

データロガーと行動にともなう生理機能の変化

ロガーを用いて行動を記録する一方で、それに対応する生理機能の変化を解析することにより、サケの行動をその生理学的背景ひいては制御機構も含めて理解しようとする研究が見られるようになった。その一例として、岩手県の大槌湾（次章・図 21 参照）をフィールドとして、母川への溯上と性ステロイドホルモンとの関係を分析した研究（Nobata et al, 2021; doi: 10.1016/j.ygcen.2021.113896）を紹介しておきたい。

この研究を進めた東京大学大気海洋研究所・大槌研究拠点のグループは、超音波を用いて個々のサケ親魚の行動を解析するため、湾内の各所に受信機を設置した。また湾内の定置網で捕獲した親魚に、麻酔下で、小型の送信機を装着し放流したが、その際に血中ホルモン濃度を測定するための血液を採取している。個体によっては、より正確に行動パターンを解析するために小型 CTD（電気伝導度・塩濃度、水温、深度を記録する装置）が装着された。2014 年から 2016 年の繁殖期に行われたこの調査研究では、124 尾の雌と 126 尾の雄、計 250 尾が放流され、その内の 89 尾が大槌湾に流入する川に回帰したとされている。残りの個体は大槌湾から外洋に向けて移動し、中には近隣の他の湾に流入する川に溯上したものもいたという。

行動パターンの解析に加えて行われた血中の性ステロイドホルモン濃度の測定では、テストステロン、11-ケトテストステロン、エストラジオールおよび 17 α ,20 β -ジヒドロキシ-4-プレグネン-3-オン（DHP と略）の濃度が、抗体を使う方法によって測られた。これらのホルモンのうち、DHP はサケ・マス類だけでなく多くの魚種で最終性成熟を促すことが知られているのだが、送信機を装着して放流した時点での DHP の血中濃度が高かった個体は、大槌湾か近隣の湾かを問わず、濃度が高いほど早く溯上していた。DHP 濃度と溯上行動のこのような関係は、三陸の短い河川を母川とするサケにとって都合のいい適応戦略かもしれない。蛇足になるが、ここに紹介したような研究が増えてくれば、サケについての理解がより深まることが期待できることになるだろう。

分子生物学的研究

本ネットワーク阿部周一代表から、2018 年の会報 10 号に「サケ類の育種とバイオテクノロジー」という題の論考をご寄稿いただいて 5 年余りが経過したが、サケ・マス類のゲノムや遺伝子についての情報の拡充には目覚ましいものがある。

サケゲノム ある動物の分子レベルの研究の進展を推し測る重要な指標に、その動物の全ゲノムの塩基配列が解読されているかどうかがある（サケゲノムについては会報 10 号参照）。サケ・マス類については、2010 年にタイセイヨウサケ (*Salmo salar*)、2014 年にニジマス (*Oncorhynchus mykiss*) の全ゲノムが解読されたが、最近、立て続けに主要な太平洋サケ（サケ属 *Oncorhynchus* 以下 *O.*）の全ゲノムが解読された。すなわち、2017 年にギンザケ (*O. kisutch*) とマスノスケ (*O. tshawytscha*)、2019 年にベニザケ (*O. nerka*)、2020 年にシロザケ (*O. keta* 以下、和名のサケを用いる)、2021 年にカラフトマス (*O. gorbusha*) の全ゲノムの配列情報が解読された。ごく最近全ゲノムの塩基配列が解読されたカラフトマスを除き、上に挙げた太平洋サケでは、それぞれの染色体上に存在する遺伝子の位置が推定され、多くの遺伝子について、その機能、すなわち DNA の塩基配列がどのようなタンパク質のアミノ酸配列を担っているか（コードしているか）が推定・意味づけ（アノテーション）されている。

サケゲノムについての様々な情報は、データベース（例えば米国の National Center for Biotechnology Information, 略称 NCBI）に登録されているので、無料で容易に入手できる。ただ、サケのゲノム情報は、日本系のサケではなく、カナダ系のサケから得られていることに注意しておく必要がある。既知のタンパク質をコードしている遺伝子の塩基配列や遺伝子の働きを制御している配列に違いが認められているためである。

PCR 分子レベルの研究に欠かせないのが PCR (polymerase chain reaction) 法である。コロナ禍で広く知られるようになった PCR は、微量の DNA を倍々ゲームで増幅する方法で、今では高等学校の生物実習でも取り上げられている。本稿で取り上げる遺伝子発現の解析、系群解析、環境 DNA でも主要な方法なので、その概略を紹介しておきたい。

- 1) プライマーの用意：DNA は相補的な二本鎖からなる。それぞれに方向性がある。複製時には二本鎖がほぐれ、DNA ポリメラーゼという酵素によってそれぞれの鎖の 5' 側から 3' 側に向かって伸長する。そこで PCR では鋳型 DNA の増幅したい領域を挟む 2 本のプライマー（複製の起点となる短い DNA）を用意する。
- 2) DNA の熱変成：反応の最初の段階では、反応液の温度を 95℃ 以上に上げ、二本鎖 DNA を一本鎖 DNA に解離させる。それによって

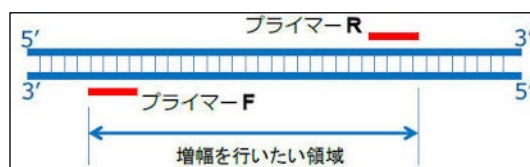


図 1 PCR 用の 2 本のプライマー。DNA がコードするアミノ酸配列に対応するフォワード (F) プライマーと、相補鎖に対応するリバース (R) プライマーを用意する。

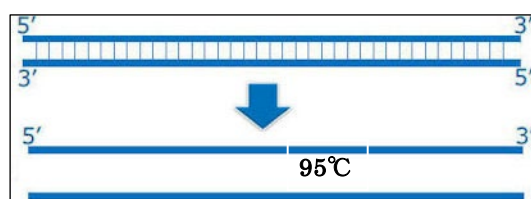


図 2 鋳型となる二本鎖 DNA の熱変性

DNA ポリメラーゼによる伸長が可能になる。

3) アニーリング：反応の 2 番目の段階はアニーリング，すなわち反応液の温度を 50℃～65℃に下げ，熱変性により生じた一本鎖 DNA の特定の位置に，用意した相補的なプライマーを結合させるステップ。プライマーの長さに左右されるアニーリングの温度や反応時間の設定が適切でないと増幅効率が低下する。

4) 伸長反応：この段階は，プライマーが結合した鋳型 DNA に相補的な DNA の複製で，新しく合成される DNA が，DNA ポリメラーゼにより，プライマーの 3'端から順に伸びていく。ここで用いられるポリメラーゼは，好熱性細菌に由来する耐熱性の酵素で，70℃前後が伸長反応の至適温度となっている。

5) 2 ラウンド以降：右上のいくつかの図で示したように，PCR の 1 サイクルが完了し，2 セットの二本鎖 DNA が合成される。これ以降は 1 サイクル毎にプライマーで挟まれた領域が，倍々ゲームで増幅されるので，20 サイクル回せば 100 万倍に増えることになる。

なお PCR では，各段階での正確な温度制御が重要なため，サーマルサイクラーという装置が用いられる。（本項ではタカラバイオ(株)刊行の「PCR 実験の手引き」中の図を改変して利用した。）

次世代シーケンサー DNA，とくに遺伝子 DNA の塩基配列は，分子生物学の基盤とも言うべき情報である。そのため PCR とならんで分子生物学的な研究に欠くことができないのが次世代シーケンサー（next generation sequencer, NGS）である。DNA シーケンサーは DNA の塩基配列を読み取る装置で，当初は 1970 年代に開発されたサンガー法（ジデオキシ法）を利用するものであった。2000 年代に入り短鎖ではあるが数千もの DNA の配列を同時並行的に読み取る装置が開発され，次世代シーケンサーと呼ばれるようになった。その後も，製作会社によって原理は異なるが，より多くの DNA をより長く超並列的に読むための改良が進められている。ただ，装置が高価なことから維持に手間がかかるため，個々の研究者は次世代シーケンサーによる配列の解析を外注することが多い。

なお，最近，オックスフォード・ナノポア（Oxford Nanopore）社によって携帯型の DNA シーケンサーが開発された。2 nm（ナノメートル，100 万分の 1 mm）ほどの太さの 1 本の DNA が，ごく細い穴（ナノポア）を通過するときに生ずる電流の変化を検出して塩基配列を解析するもので，さまざまな現場で活用されているという。

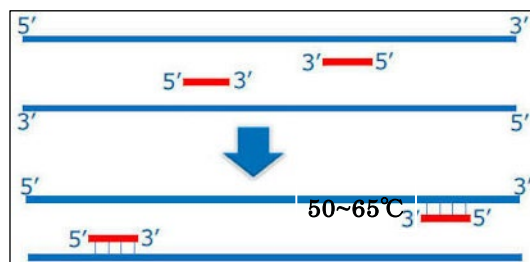


図 3 アニーリング：2 本のプライマーのそれぞれを一本鎖になった鋳型 DNA の特定の位置に結合させる。

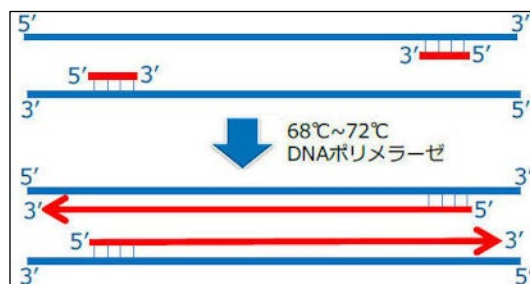


図 4 DNA ポリメラーゼによる伸長反応



図 5 倍々ゲームでの DNA の増幅

遺伝子発現の解析

遺伝子発現 (gene expression) という用語は、遺伝子 DNA がコードしている情報に基づいてタンパク質が合成されるまでの過程を指している。すなわち、まずタンパク質のアミノ酸配列をコードする DNA 上の特定の領域から、塩基配列に忠実に mRNA を合成する転写、次いで mRNA の塩基配列からそれがコードするタンパク質を合成する翻訳が行われるまでをあわせて言う。遺伝子発現は、細胞、ひいては生体の構造や機能と深く関わり合う、と言うよりはむしろ基盤であるため、転写や翻訳の反応速度および反応生成物の量（転写活性と翻訳活性）を定量的に分析するのはたいへん重要である。しかし、転写活性あるいは翻訳活性を測定するのは、かなり手間暇がかかる。そこで、便宜的に、反応生成物である mRNA あるいはペプチドやタンパク質の量を分析することになる^(注)。

注) 細胞や組織におけるこれらの含量は、合成された量と利用し代謝された量の差であるため、真の転写活性あるいは翻訳活性を表しているわけではない。盛んに合成されている時は、盛んに利用されていることが多く、見かけの含量にそれほど差が見られないことがよくある。しばしば、利用されていないために、合成量が少なくても含量が多いということもある。これらのことに十分に注意してデータを見る必要がある。

実際には、PCR を用いることで、微量の mRNA をペプチドやタンパク質より感度よく定量できるので、遺伝子発現の定量的な分析には**定量 PCR** (quantitative PCR, 以降 **qPCR**)、リアルタイム PCR ともいう、が広く用いられている。ペプチドやタンパク質の定量には、特異的な抗体を利用する免疫測定法が用いられるが、その測定限界はよくても 10^{-15} mol/ml 程度であるのに対し、qPCR による mRNA の測定限界は 10^{-21} mol/ml 以下で、個々の細胞内の特定の mRNA の定量すら可能である。この感度の良さ故に、今では、個々の細胞を対象とするシングルセル PCR と呼ばれる解析法が普及しつつある。

生体に何か変化が起きた時には、同じようなタイミングで、多くの遺伝子の発現が変動しているはずである。この時、どのような遺伝子がどれだけ発現しているのかを知るためには、研究対象となる細胞や組織の全転写産物 (transcriptome) 中に含まれる多様な mRNA のそれぞれを定量することが望ましい。そこで PCR と次世代シーケンサーを組み合わせ、**網羅的に遺伝子発現を解析する RNA-sequencing (RNA-seq と略)** が用いられるようになってきた。そこで、本項では、qPCR と RNA-seq 解析の原理、およびそれらがサケ・マス類の研究でどのように利用され、何が分かってきたかを紹介したい。

特定の遺伝子の発現解析－mRNA の定量

上にも述べたように、PCR による DNA の増幅は二本鎖 DNA を対象としている。しかし RNA は一本鎖であるため、PCR で増幅することが出来ない。転写活性の指標とされる mRNA もそのままでは増幅することが出来ない。そこで、PCR の前に、試料から抽出した RNA に相補的な DNA (complementary DNA, 以降 cDNA) を合成する**逆転写** (reverse transcription, RT と略) という方法が用いられる。DNA からの RNA の合成が転写であるのに対し、RNA からの相補的な DNA の合成なので逆転写であり、この反応を担っているのが**逆転写酵素**である。PCR において DNA の合成開始にプライマーが必要であったように、逆転写酵素が DNA を合成する時にもプライマーが必要で、目

的が mRNA の定量なら T が並んだオリゴ(dT)プライマーが用いられる。DNA や RNA を作るのは 4 種類の塩基、A・T (RNA では U)・G・C であるが、mRNA の 3' 端には A が並んだポリ(A)テールがあるので、A に相補的な T が 15~20 個ほど並んだプライマーが用いられるのである。それにより試料から抽出した全 RNA 中に含まれる微量の mRNA (1 µg/1 mg 全 RNA) に相補的な cDNA を得ることができる。(RNA ウイルスであるコロナウイルスの PCR 検査では、ウイルスの配列に特異的なプライマーを用いた逆転写が行われている。)

定量 PCR (qPCR)

qPCR は特定の遺伝子の発現レベルを、上述の逆転写と PCR を組み合わせて定量的に分析しようという方法なので、逆転写定量 PCR (RT-qPCR) とも呼ばれる。また、蛍光色素を用いて、PCR 産物である DNA の量を逐次にモニターするため、リアルタイム PCR とも呼ばれる。qPCR によく用いられる蛍光色素には原理の異なる 2 つのタイプがある。qPCR の開発当初から現在に至るまで用いられている **TaqMan プローブ** とより簡便で安価な **SYBR グリーン** であるが、いずれを用いるにしても PCR を行うためのサーマルサイクラーと蛍光光度を測定する分光蛍光光度計が一体となった装置が必要である。

TaqMan プローブ法 重要なのは TaqMan プローブと Taq DNA ポリメラーゼである。

TaqMan プローブ：目的の遺伝子に相補的な 20~30 の塩基からなる短鎖 DNA で、5' 末端はレポーター (R) となる緑色蛍光色素、3' 末端はレポーターの蛍光を抑制する赤色蛍光色素 (クエンチャー, Q) で標識されている。プローブが単体または対象となる cDNA 内の相補的な配列に結合している時には、2 つの色素が近接しているので、レポーターを励起光で照射しても、クエンチャーの励起波長に近いレポーターの蛍光のエネルギーでクエンチャーが励起されてしまうので、レポーターの発光が抑制される (図 6)。

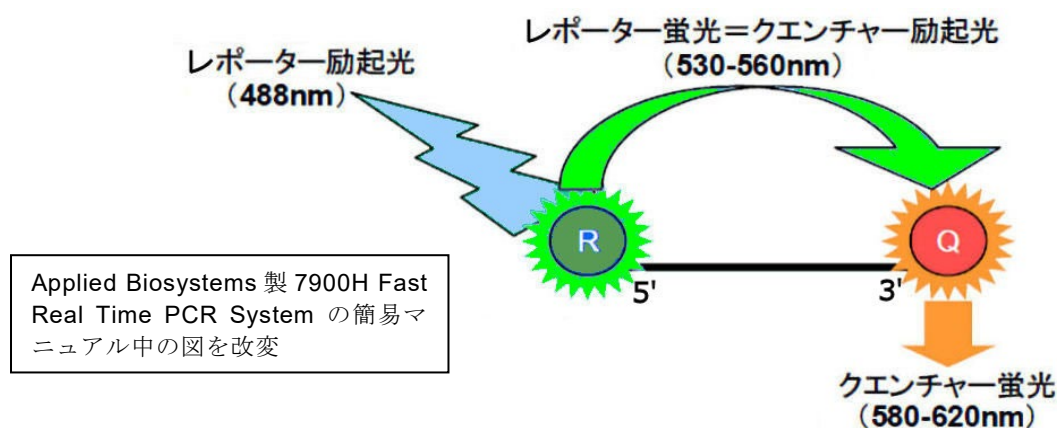


図 6 TaqMan プローブの動作原理：蛍光共鳴エネルギー移動 (Fluorescence Resonance Energy Transfer, FRET) と呼ばれる現象がそれで、ある蛍光分子 (ここでは R) の蛍光スペクトルと、もうひとつの蛍光分子 (Q) の励起スペクトルに重なりがある場合、この二つが近接していて適切な方向関係にあると、R からの発光が起こる前に、その励起エネルギーが Q を励起してしまう。

Taq DNA ポリメラーゼ：qPCR に用いられる好熱性細菌由来の Taq DNA ポリメラーゼは、5' 側から 3' 側に向かって DNA を分解することができる。この 5'ヌクレアーゼ活性とよばれる機能を担う部位は DNA 合成部位の前にあり、PCR によって伸びていく DNA

鎖の先で鋳型 DNA に結合しているプローブを削り取っていくので、プローブの 5'側のレポーターと 3'側のクエンチャーが離ればなれになる。そのためクエンチャーの抑制効果が失われ、レポーターが本来の蛍光を発する（図 7）。

TaqMan プローブ法では、上に述べた Taq ポリメラーゼの 5'ヌクレアーゼ活性を利用して、PCR のサイクル毎にプローブから切り離されたレポーターからの蛍光が増加していく様子をリアルタイムに計測している。（TaqMan という名称は、ポリメラーゼの働きが、この方法の開発時に流行していた Pac-Man ゲームを連想させることから付けられた。Amer Scientist 1997 Jul/Aug）

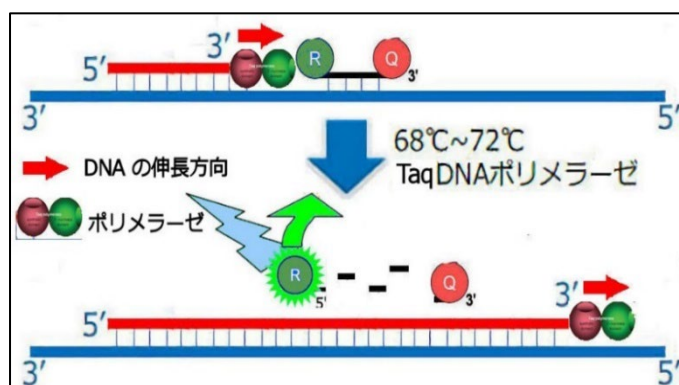


図 7 Taq DNA ポリメラーゼの働き. 詳細は本文参照.

SYBR グリーン法 SYBR (サイバー) グリーンは二本鎖 DNA の副溝に特異的に結合する蛍光色素で、結合色素を励起すると緑色の強い蛍光を発する。PCR の最初の段階である熱変性により一本鎖になった鋳型 DNA から色素は解離するが、アニーリングによりプライマーが結合すると二本鎖が形成され始めるので、二本鎖になった部分から再び色素が結合し、DNA 鎖の伸長とともに蛍光が増加する（図 8）。

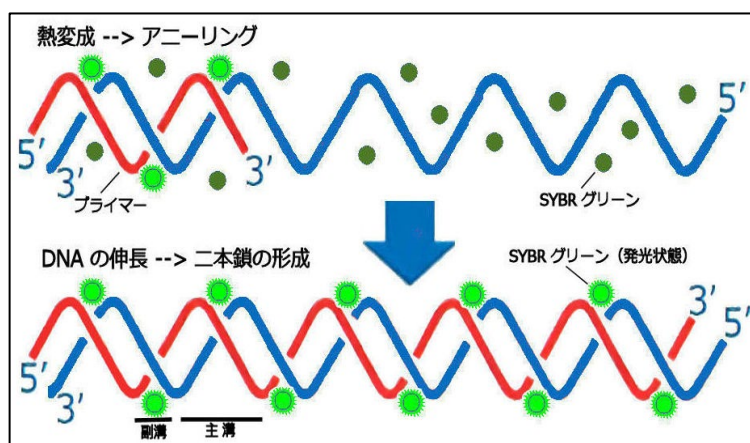


図 8 SYBR グリーン法の原理. 詳細は本文参照.

定量の実際—標準曲線（検量線） TaqMan プローブ法でも SYBR グリーン法でも、理想的に反応が進めば、PCR のサイクル毎に DNA 量が 2 倍ずつ増えて、蛍光の強さが指数関数的に増えていき、プラトーに達する。段階希釈した既知の濃度の DNA を PCR にかけた時の反応曲線（図 9 左）はそれを示したもので、このような反応曲線を利用して、図 9 右のような qPCR における定量のための標準曲線（検量線）が作成される。

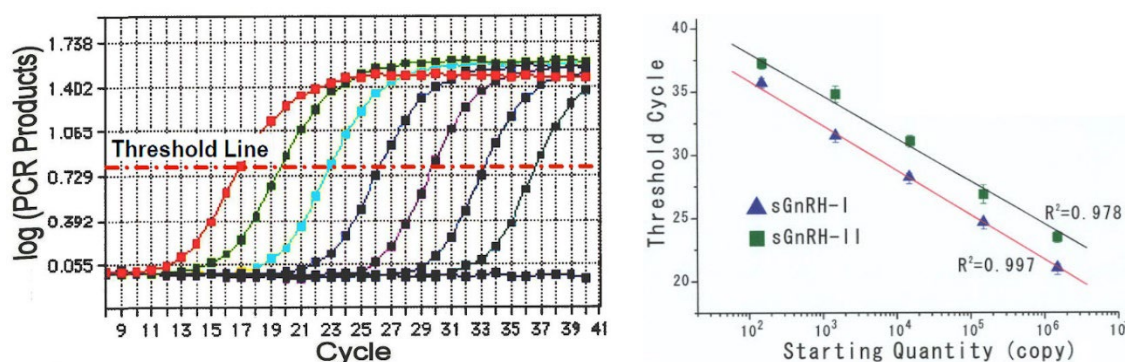


図 9 左)段階希釈した既知濃度の DNA の増幅. 右)qPCR による定量のための標準曲線の例

qPCR 応用例 1 – サクラマス¹の成熟にともなう脳下垂体ホルモン遺伝子の発現変動

多くの動物が回遊や渡りをするが、その中枢機構や内分泌機構を理解するためには、モデル系を用いた実験的な検証が重要だとされている。回遊や渡りの最中の個体からの試料の入手や季節を追っての試料の入手が困難なためである。サケ・マス類の回遊については系統発生学的な観点だけでなく、河川残留型があるものの、多くの個体が回遊することなどから、サクラマス¹をモデル系として用いるのが適切であろうと考えられる。

このようなことから、いささか古くはなるが、20 年ほど前に北大・洞爺湖臨湖実験所において、本ネットワーク会員である上田研究室と浦野研究室が、成熟が早い森系のサクラマス¹を用いて、生殖機能を制御する脳ホルモンとして知られる生殖腺刺激ホルモン放出ホルモン (GnRH) および脳下垂体ホルモンの遺伝子発現を、季節を追って qPCR により解析した。それに加えて、この共同研究では、GnRH の投与により脳下垂体ホルモンの遺伝子発現がどのように変わるか、すなわち GnRH に対する脳下垂体の応答性の成熟にともなう変動も調べられた。図 10 は上に述べた解析の結果をまとめたものである。

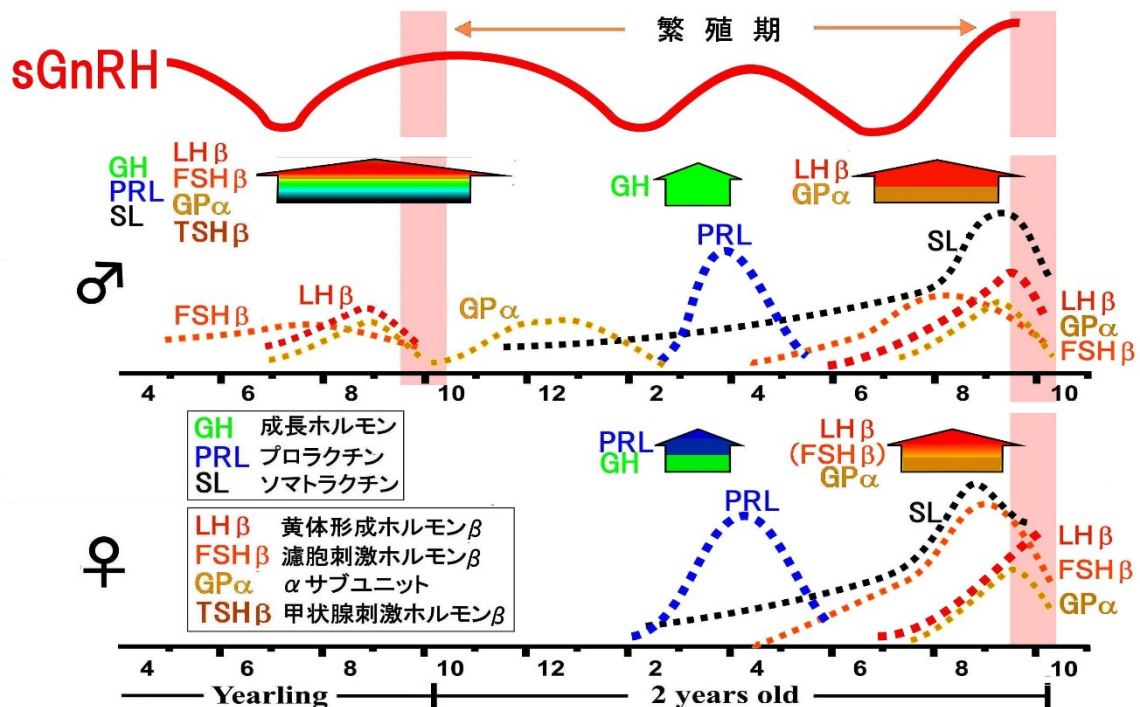


図 10 成熟途上のサクラマス雌雄において GnRH が脳下垂体ホルモン遺伝子の発現変動に与える影響。1 歳魚 (Yearling) の 4 月から成熟する 2 歳魚 (2 years old) の 10 月まで毎月 1 回 GnRH アナログの投与実験を行った。投与の 1 週間後に対照群と投与群から間脳と脳下垂体採取、定法通りに RNA を抽出し qPCR によってサケ GnRH (sGnRH) および脳下垂体ホルモンの mRNA を定量した (解析した脳下垂体ホルモンとその略名は図中)。1 歳魚でも 2 歳魚でも春および秋の繁殖期に sGnRH mRNA 量が高まるというパターンに雌雄差がなかったため、それを 1 本の太い赤線で示した。図中にはないが、脳下垂体で最も多く発現している GnRH 受容体 (GnRH-R4) mRNA 量が同様のパターンで変動していた (Jodo et al, 2005)。それに関わらず、1 歳魚の脳下垂体ホルモン mRNA 量の変動には、雄に早熟型がある影響で、明らかな雌雄差が認められた。生殖腺刺激ホルモンサブユニット (GPα, FSHβ, LHβ) mRNA の量が、雄でだけ増加していたのである。太い縦の矢印で示した脳下垂体の GnRH に対する応答も 1 歳魚では雄で顕著であったが、2 歳魚では雌雄とも同様のパターンであった。

qPCR 応用例 2 — 母川回帰時のサケ脳下垂体におけるホルモン遺伝子の発現変動

会報 5 号で日本系サケの回遊経路 (浦和茂彦, 2000) を紹介したが, 冬季にアラスカ湾で越冬したサケは, おそらく晩春～初夏までにはベーリング海に移動する. その年に繁殖のために母川に溯上する個体は, 夏から初秋にかけてベーリング海を離れ, 日本を目指す. 日本沿岸まで回帰してきたサケの行動の詳細はよく分かっていないが, 北海道日本海側の石狩川などに溯上するサケは, オホーツク海沿岸ついで宗谷岬沖を回ってくる. このような回遊経路の要所において捕獲されたサケの脳, 脳下垂体, 血液が採取され, 前述のサクラマスで解析されたものと同様の遺伝子の発現が調べられた (Onuma et al, 2009 ~2010). 以下に示した図 11 は Onuma et al による一連の報告の概要である.

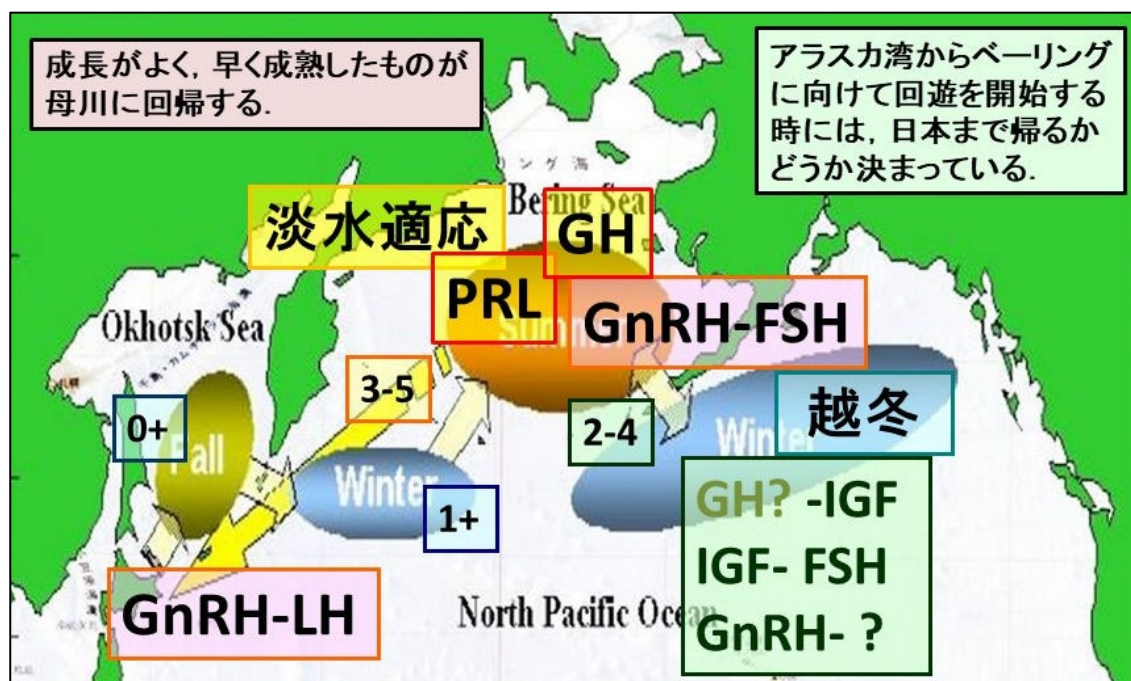


図 11 サケの視床下部・脳下垂体系におけるホルモン遺伝子の母川回帰にともなう発現変動を回遊経路図 (浦和, 2000) 上に示した. 略称で示されているホルモンの名称は図 10 を参照. 日本系のサケはアラスカ湾で越冬するが, 晩冬～早春には生殖腺が発達し始める個体群 (成熟開始群) が現れる. 成熟開始群の雌雄では, 未熟群に比べて, 成長促進作用をもつインスリン様成長因子 I (IGF-I) の血中濃度が高く, 体サイズが大きかった. また脳・視床下部における GnRH 遺伝子の発現および生殖腺の発達開始に関わる脳下垂体ホルモン FSH の下垂体含量と血中濃度が高まっていた. アラスカ湾で越冬しているサケには, IGF-I の分泌が高まり体成長と成熟が進むものがいた. それらがその年の秋に母川に帰るのであろう. なお, モデル系のサクラマスで得られた結果から, この時季に GnRH が IGF-I と協働して FSH 遺伝子の発現や FSH の合成・分泌を促進していると考えられる. アラスカ湾からベーリング海に移動すると, FSH 遺伝子だけでなく GH 遺伝子と PRL 遺伝子の発現も大きく高まるが, これにも GnRH が寄与している可能性がある. なお, ベーリング海でサケを海水から淡水に移すと淡水に適応できるのは, サクラマスで見られたように (図 10), この時季に淡水適応ホルモンである PRL の遺伝子発現が高まるためであろう. なお, ベーリング海では, 成熟途上の個体でも GnRH 遺伝子の発現が一端低下するが, 北海道の沿岸まで回帰してくると, GnRH 遺伝子の発現が再度高まる. それと平行して LH 遺伝子の発現も高まり, 母川への溯上とともに最終性成熟が完了して, 配偶行動の準備が整う. (この図に関連した詳しいデータは, [北海道サケネットワークホームページ](#) > 資料・文献 > 「回遊にともなう生理的変化と情報分子」を御覧いただきたい.)

網羅的な遺伝子発現の解析－RNA-sequencing (RNA-seq)

先に述べたように、生体に何か変化が起きた時には、多くの遺伝子の発現が相互に関わり合いながら変動する。しかもある遺伝子の発現は DNA の特定の配列（**制御配列**）を認識し結合するいくつかのタンパク質（**転写調節因子**）に依存している（図 12）。

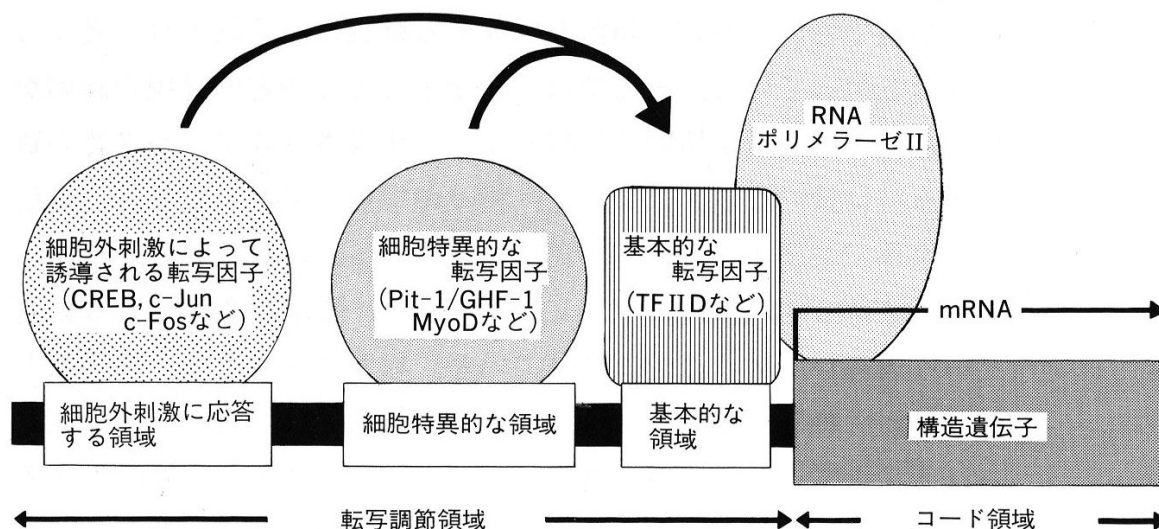


図 12 遺伝子の発現を調節する転写調節因子。ある遺伝子から転写により mRNA が作られるためには転写調節因子（単に転写因子ともいう）の働きが必要である。広義には、遺伝子はタンパク質のアミノ酸配列をコードしている領域（**構造遺伝子**）とその上流にあって mRNA の合成、すなわち転写を調節している領域からなる。**転写調節領域**には**制御配列**が並んでいて、そこに**転写調節因子**（タンパク質）が特異的に結合し、タンパク質の複合体を形成する。その複合体が DNA の配列に従って mRNA を合成する酵素（**RNA ポリメラーゼ**）を呼び込み活性化するのである。転写調節機構はいくつかの様式に分けられる。どの遺伝子の発現にも必要な基本的な転写調節系、発生・分化の過程で獲得される細胞特異的な系、および細胞外の刺激に反応する系などである。たいへん多くの転写調節因子が知られているが、それぞれの系における主要な因子の幾つかを、図中に TFIID などとして示した。（図は加藤幸雄 1996. 若干の改変を加えてある。）

図 10 あるいは図 11 で示した脳下垂体ホルモンをコードする遺伝子の発現は、多かれ少なかれ、視床下部にあるニューロンで産生され放出される放出ホルモンや放出抑制ホルモンなどにより調節されている。2 つの図はサケ・マス類の性成熟と母川回帰を基軸に作成されたため、視床下部ホルモンとして GnRH だけを取り上げているが、それを産生・放出しているニューロン、すなわち GnRH ニューロンの機能の調節だけでも多様なので、全容を理解するためには、視床下部における多くの遺伝子の発現を、網羅的に解析することが望ましい。このような時に用いられるのが、先にも述べたように、研究対象となる細胞や組織の全転写産物（transcriptome）中に含まれる多様な mRNA のそれぞれを定量する RNA-sequencing (RNA-seq) である。

RNA-seq は PCR と次世代シーケンサー（Next Generation Sequencer, **NGS**）を組み合わせた方法で、まず定法により抽出した RNA から mRNA を精製し、それを断片化する。そこから cDNA を合成した後、PCR による増幅を行い、いわゆる cDNA ライブラリーを作成する。ライブラリーに含まれる短鎖 cDNA（＝リード read）の配列は、NGS

を用いて超並列的に決められるのだが、この時、ライブラリーに含まれる 10,000,000 以上にもなるリードの配列、すなわち生シーケンスデータは、一般的には FASTQ とよばれる形式のファイルとして出力される。

参考) NGS を用いて得られたシーケンスデータ(NGS データ)を解析して得られた結果を論文として公表しようとする場合、多くの学術的な専門誌では、どのような実験を行ったのかという情報(メタデータ)と合わせて、NGS データを公的なデータベースに登録することが求められる。これは研究結果の再現性の保証などのためで、データの登録先は、日本の DDBJ、米国の NCBI、あるいはヨーロッパの EBI に置かれている SRA (Sequence Read Archive)、DDBJ は DRA と呼称、という公共データベースのいずれかになる。これらのデータベースは連携しているので、これまでに登録されているサケ・マス類の NGS データ、すなわち生シーケンスデータも、上記のいずれかにアクセスすれば入手することができる。

RNA-seq ライブラリーの解析 ライブラリーを構成する個々のリードの配列は、もともとの試料における遺伝子の配列に、またそれらの量は発現量に依存すると考えられる。そこで、解析の最初の段階では、解析ソフトを用い、ライブラリーを実験対象の生物のアノテーション付けされた配列データベース(参照配列)と照合(マッピング)する。それにより、特定の遺伝子あるいは mRNA の配列に相補的、すなわちマッチしているリードの数が分かるので、発現量を推定することができる(図 13)。

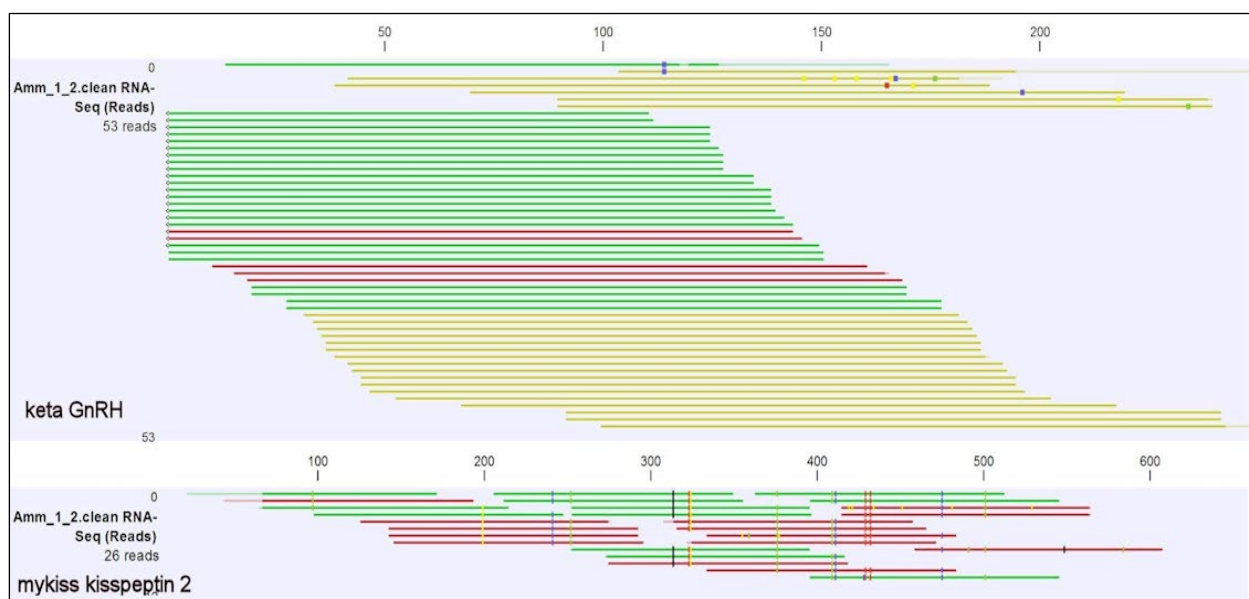


図 13 サケ視床下部の RNA-seq におけるマッピングの例. 母川に回帰途上のサケの視床下部から抽出した RNA を用いて作成した RNA-seq ライブラリーを、サケ・マス類のホルモン mRNA の配列情報を集めた参照配列にマッピングして得られた結果の一部。上図は、図 11、図 12 で生殖機能の制御に重要であることを示した GnRH の mRNA の塩基配列のどこに個々のリードが対応しているかを、下図は GnRH ニューロンの活動を高めるキスペプチン (kisspeptin) というペプチドをコードする mRNA に対応するリードを示している。赤や緑などの線のそれぞれは、塩基が 150 個ならんだ 1 本のリード、それぞれの図の上端にある数字は mRNA の塩基の位置を示している。上図と下図の比較から、この解析に用いたサケ視床下部では、GnRH mRNA 量の方がキスペプチン mRNA の量より多い、すなわち GnRH 遺伝子の方がキスペプチン遺伝子より強く発現しているであろうことが分かる。

参照配列にある遺伝子それぞれの発現量が明らかになれば、試料間の差の統計的な検定が可能になるので、検定結果に基づき、主成分分析、発現パターンが似た遺伝子群の同定(クラスター分析)など、さまざまな統計解析が可能になる。

参照配列 (reference) RNA-seq ライブラリーから何を読み取れるかは、どのような参照配列を用いるかにより決まる。いわゆるモデル生物の場合は、ゲノム情報が整備されているので、全ゲノムを参照配列 とすることで、様々な情報を引き出すことができる。しかし、多くの生物では、全ゲノムが解読されているとは言っても、ジーンモデルがアノテーション付けされていない、あるいは全ゲノム情報がないことが多い。そのような場合、手間はかかるが、RNA-seq の結果に基づいて参照配列を作成することも可能である。なお、サケ・マス類の場合は、先にも述べたように主要な魚種の全ゲノムが解読され、ゲノム情報が整備されつつあるので、それらを参照配列として用いることができる。

サケ・マス類の研究での利用 早くに全ゲノムが解読され、分子レベルの研究が進んでいるタイセイヨウサケとニジマスで、RNA-seq を用いた論文が目につく。

先に耳石温度標識の項でふれたタイセイヨウサケのスモルト化についても何編かの論文が見られる。サケ・マス類の稚魚は、スモルト化を介して、河川から海に降るのに必要な海水適応能を獲得する、この時、日照時間が短い短日期を経験するのが必要なことが知られている。そこで、Iversen et al. (2020) は、短日条件が鰓の遺伝子発現に与える影響を、RNA-seq を用いて調べて、海水中での塩分の排出に携わる ATPase の遺伝子の発現に連動して動く一群の遺伝子の存在を示し、スモルト化の分子機構についての理解を深めた。また Monette and Velotta (2022) は、降河期のスモルト個体を手でさわるなどのストレスに曝すと海水適応能が低下する理由を RNA-seq で調べ、ストレスだけ、海水だけ、あるいは両者に反応する遺伝子群が存在するが、海水適応能の低下はイオンの輸送に関わる遺伝子の過剰な発現に起因するのではないかと示唆している。

なお、短日条件により海水適応能を持つようになったタイセイヨウサケの鰓で、細胞ごとに遺伝子発現がどのように変化したのかが、単離した個々の核を対象とする単一核 RNA-seq により調べられている (West et al. 2021)。それによれば、鰓にはよく知られている塩類細胞も含めて 20 種類の細胞があること、海水型の塩類細胞の占める割合が増える一方で、新たに存在が確認された T 細胞などの免疫細胞の割合が減ったという。

注) 近年、ある組織や器官から単離した多くの細胞、あるいは核のそれぞれで発現している遺伝子のライブラリーを作成し、NGS を用いて個々のライブラリーを解析する RNA-seq が普及してきた。それにより、10,000 を越える細胞あるいは核で発現している遺伝子を網羅的に同定・定量することが可能になった。単一細胞を対象とする RNA-seq はシングルセル RNA-seq (scRNA-seq)、単一の核を対象とする RNA-seq は単一核 RNA-seq (snRNA-seq) とよばれている。

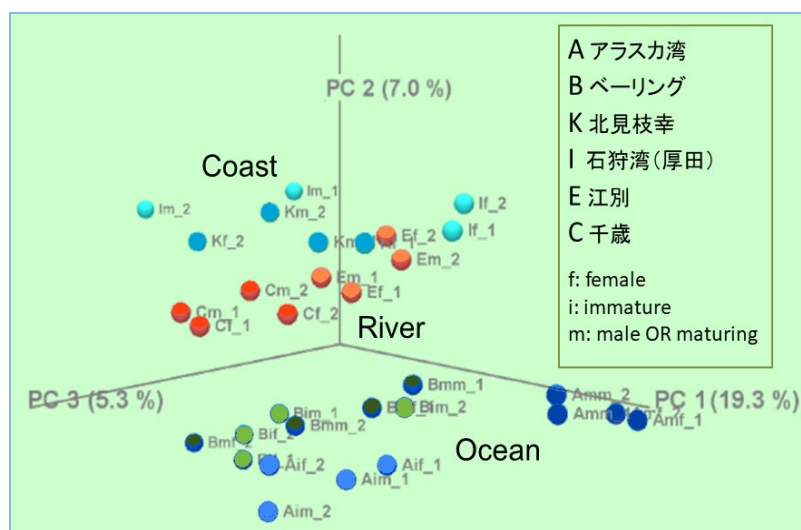
サケを用いた研究では、石狩湾および千歳まで溯上した個体それぞれの嗅上皮 について、タイセイヨウサケのゲノムを参照配列とした RNA-seq 解析が行われた (Palstra et al. 2015)。嗅覚受容体遺伝子は 100 近くあるが、そのうち発現が高まったものが 36、低下したものが 33、また著しく発現が高まったものは通常の嗅覚受容体であったのに対し、著しく低下したものはフェロモン受容体であったという。なおエペンダイミンおよびオルファクトメディンという脳タンパク質、それぞれの遺伝子の発現が高まっていた。これらのタンパク質が嗅覚受容体と合わせて母川の認識に関わる可能性が示唆されている。

RNA-seq 応用例 母川回帰時のサケ視床下部における遺伝子発現の変動

図11は、サケの視床下部-脳下垂体系におけるホルモン遺伝子の母川回帰にともなう発現変動の概要を示している。この研究に用いられた視床下部を含む脳領域のRNA試料から、晩冬のアラスカ湾、夏のベーリング海、秋のオホーツク沿岸と石狩湾、江別（石狩川と千歳川の合流点）と千歳（孵化場）で入手したものが選ばれ、RNA-seq 解析が行われた（浦野他，2017-2019, 2021, この研究では、NGSによる配列の解析は外注）。アラスカ湾とベーリング海の個体は、未成熟群 (immature) と成熟開始群/途上群 (maturing) に分けられた。成熟開始/途上群は、その年に母川に回帰すると考えられるためである。

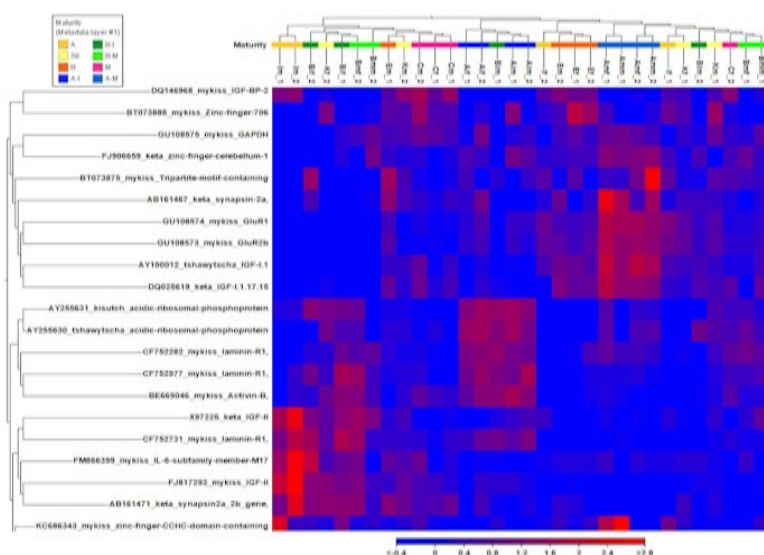
解析を行ったのがサケゲノムの公表前だったため、サケ属で報告されている生体情報関連分子のmRNA 2000余りを集め、参照配列としてマッピングを行い、まず遺伝子発現の全体像を把握するために**主成分分析**を行って下図のような結果を得た（図14）。

図14 発現量解析の結果の主成分分析。発現パターンが外洋 (Ocean), 沿岸 (Coast), 河川 (River) の間で異なること, 晩冬のアラスカ湾では濃紺で示した maturing 群 (Amm, Amf) における発現パターンが他の群より大きく異なること, おおむね雌雄差は見られないが石狩湾の群だけ顕著な雌雄差があることなどが見てとれる。(図は3D表示)



次に、どの遺伝子が上図のような発現パターンの違いをもたらしているかを知るために、統計的に有意な発現量の差がみられる遺伝子を検出し、以下に示すような図（ヒートマップ）を作成したところ、主成分分析を裏付けるような結果となった（図15）。

図15 各水域で強く発現している遺伝子のヒートマップ表示。他の水域より有意に5倍以上の発現量が見られた遺伝子を赤色で示してある。紙数の都合で縮小して表示してあるが、左側にはIDとともに遺伝子名が、右側の図中にはその遺伝子がどの水域で強く発現しているかが示されている。水域名は上部に記されている。右上のよく目立つ赤い集団、IGF-1遺伝子も含まれる、がアラスカ湾の成熟開始群で多量に発現している遺伝子群である。



サケの回遊は時間とともに生活の場を替える行動で、それに成長・成熟がともなう。そのため時系列的な遺伝子発現の解析が必要となる。一方、情報分子受容体などの遺伝子の発現量はそれほど多くないので、遺伝子の発現量を単に多い少ないで比較して生理現象を論じることはできない。そこで情報分子関連遺伝子の発現を時系列的にクラスター分析したところ、アラスカ湾の成熟開始個体で多くの遺伝子の発現が高まっていた（図16）。

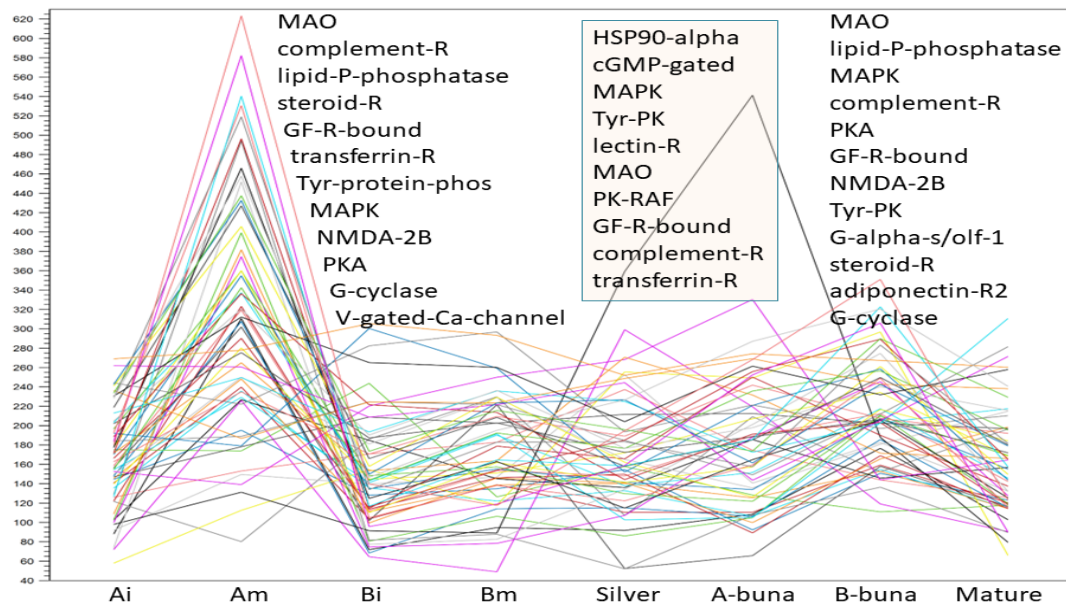


図16 成熟にともなう情報分子関連遺伝子の発現の時系列的なクラスター解析. X軸: Ai, アラスカ湾未熟群; Am, アラスカ湾成熟開始群; Bi, ベーリング海未熟群; Bm, ベーリング海成熟途上群; Silver, まだ銀色の成熟魚; A-buna, Aブナ; B-buna, Bブナ; Mature, 最終成熟群. Y軸: リード数(発現量の相対的な値). 情報分子名は遺伝子発現量の多いものから順に記してあり, 左列はAm, 中央は主に石狩湾のA-buna, 右列は千歳のMature群で発現量が多かったもの.

高発現遺伝子がコードしているタンパク質には、主要な細胞内情報伝達系にあってその要となっているタンパク質リン酸化酵素が一通り含まれている。したがってアラスカ湾にあって生殖腺が発達し始めた雌雄のサケの視床下部では、多様な神経伝達物質や修飾物質が働いていると予想される。その中にはIGF-1やGnRHも含まれているはずである。

図には示さなかったが、視床下部一下垂体一生殖腺系の最上位に位置するGnRHおよびその受容体の遺伝子（いずれも複数種ある）の発現は、発現量はそれほど多くないものの、アラスカ湾の成熟開始魚、ベーリング海の成熟途上魚および千歳の成熟魚で高まっていた。このGnRH遺伝子の発現の変動パターンは、図10および図11で示したGnRH遺伝子のそれとよく対応している。なお視床下部におけるGnRH受容体遺伝子の発現の変動が、GnRH遺伝子のそれと対応していることは、これまでも言われてきたように、GnRHが脳下垂体の機能だけでなく、脳の機能も制御していることを裏付けるものであろう。

詳しくは述べないが、RNA-seqの膨大な情報を機能と結びつけて整理し、遺伝子発現のネットワークを理解する方法として、膨大なデータから規則性を見だしデータベース化したものを利用するジーンオントロジー (GO) 解析がある。サケを対象とする分子生物学的な研究にも利用されていくことが期待される。

系群解析

北太平洋やその沿岸に生息するサケ・マス類のうち、シロザケ（以下、サケ）は最も広い範囲に分布しているが、その多くが夏季にはベーリング海に移動して混合集団を作っている（図 17）。そのため、2000 年に至るまで、日本系サケの海洋における分布については回遊経路を知ることが難しかった。

そのため日本系サケ資源の変動、あるいはその要因を解明することが、長い

間、困難であったが、アロザイム分析による遺伝的な系群解析による日本系サケの回遊経路の提唱（浦和，2000）以降、状況が大きく進展した。河川あるいは地域集団を識別する分子マーカーの評価と実用性の確立であるが、その嚆矢となったのは本ネットワークの阿部周一代表がリードしたミトコンドリア DNA ハプロタイプの識別であろう。

ミトコンドリア DNA (mtDNA) ハプロタイプ

母川で生まれたサケ・マス類の稚・幼魚は、海に降りて成長・成熟した後、正確に母川に回帰する。そのため、それぞれの河川集団あるいは地域集団は、その母川や地域の環境に適応した特性を持つようになった、すなわち遺伝的に異なる集団になったと考えられている。このような集団の特性を表現するためには、属する個体それぞれの特性を遺伝子レベル、すなわち塩基配列のレベルで客観的に識別するとともに、集団間の違いを統計学的に明らかにする必要がある。このように、地域集団を塩基配列のレベルで識別しようという時に、生態学分野では、mtDNA のハプロタイプがしばしば利用されてきた。（動物細胞内には、核の遺伝子 DNA の他に、ミトコンドリアがもつ小型の DNA がある。）

ハプロタイプは半数体の遺伝子型を意味する用語で、雄親由来の遺伝子型と雌親由来の遺伝子型からなる 2 倍体のゲノムのうちのいずれかを指す。母親由来の環状二本鎖 DNA である mtDNA（図 18）は、ハプロタイプ情報を持つことになる。しかも核にある遺伝子 DNA より変異が起きる速度が数倍は速く、コピー数も数十倍は多いので、PCR で増幅して配列を解析するのに有利である。そこで、次ページに述べるように、アジアから北米に至る環北太平洋のサケの地域集団の遺伝的分化が調べられ（Sato et al. 2004）、サケ系群を識別するための実用的な方法として、日清紡（当時）との共同研究のもとに、DNA マイクロアレイが開発された（Moriya et al. 2004）。

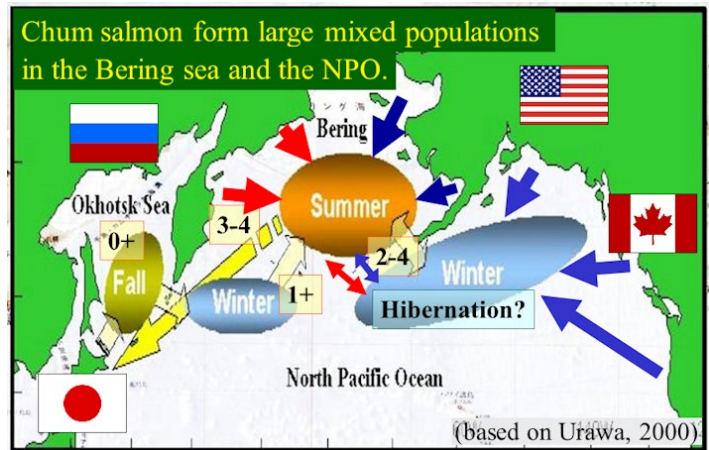


図 17 環太平洋各国に起源をもつサケは、夏季にベーリング海および北太平洋で混合集団を形成する。

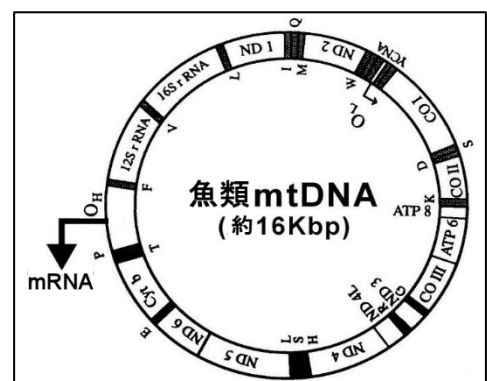


図 18 魚類ミトコンドリア DNA. 16,000 余りの塩基からなる小型の環状 DNA. (Meyer 1993 を改変)

環北太平洋のサケの地域集団 計 48 地域集団（日本 16，韓国 1，ロシア 10，北米 21）に由来する 2,100 尾余りの個体から mtDNA を取得し，変異が多い調節領域（図 18 の転写が始まる領域）の前半部の塩基配列を解読したところ，大きく 3 つのグループ（クレード A, B, C）に分けられる 30 種類のハプロタイプが認められた（図 19）。

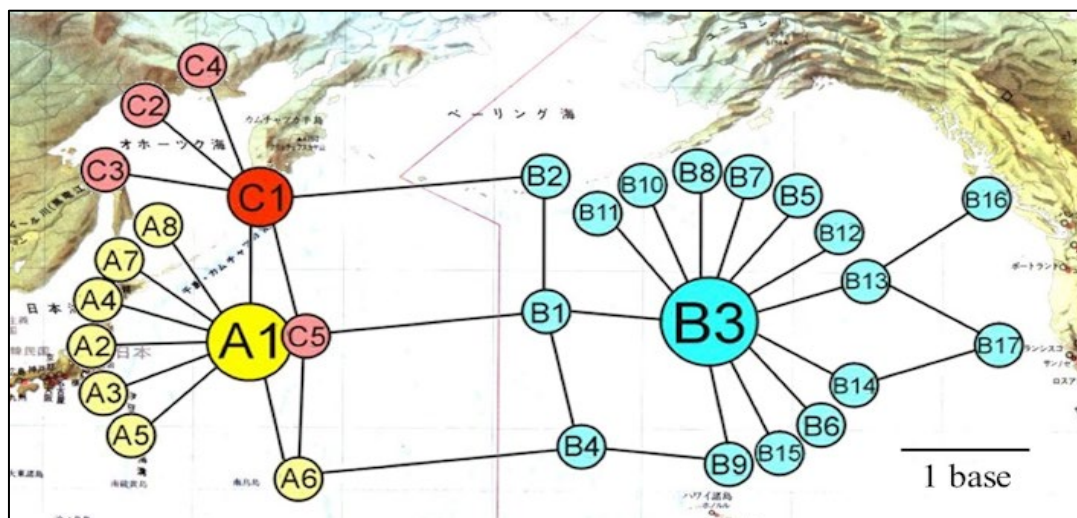


図 19 サケ mtDNA 調節領域の 30 のハプロタイプと A, B, C 3 つのクレードの関係. A には 8 種類，B には 17 種類，C には 5 種類のハプロタイプが属しており，A と C は主に日本，韓国，ロシアのアジア地域に，B は主に北米に分布していた．地域特有のハプロタイプは，日本で A1～A8 など 10 種類，ロシアで 5 種類，北米で 7 種類であったが，すべての地域で B3 が見られた．（Sato et al. 2004 参照）

DNA マイクロアレイ サケは春～秋にはベーリング海で混合集団を作っているので，資源変動調査のために採捕した個体の mtDNA ハプロタイプを DNA マイクロアレイによって調べたところ，多くの日本系サケがベーリング海の中央部に分布していた（図 20）。

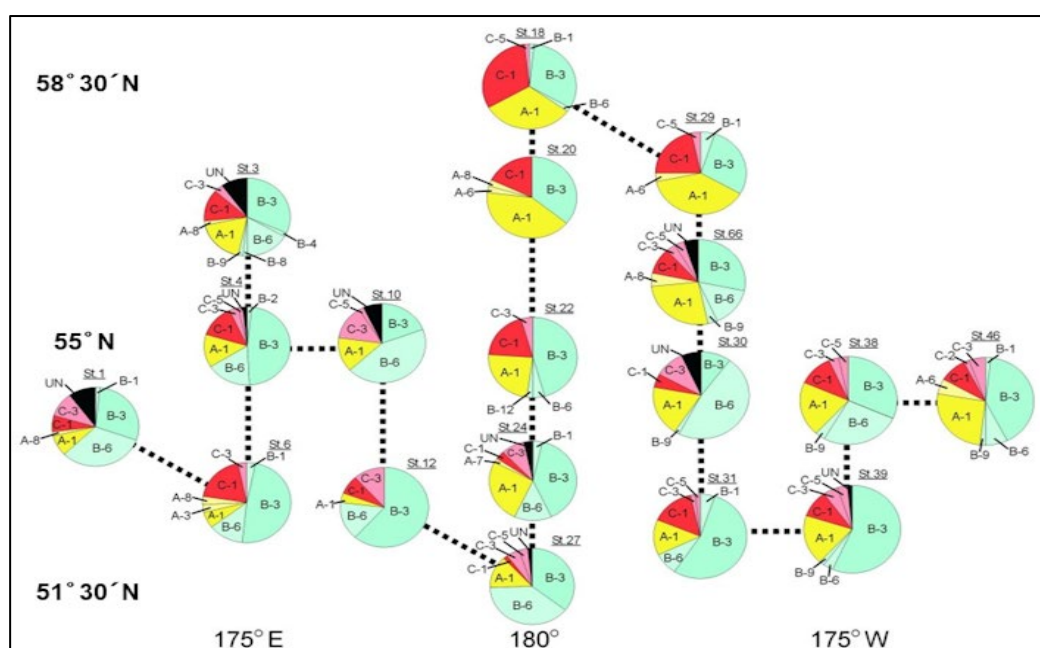


図 20 ベーリング海におけるサケ地域集団の分布. 2002 年の開洋丸の調査定点で採捕したサケの mtDNA ハプロタイプを DNA マイクロアレイによって解析した結果．ベーリング海中央部の公海（図中央上部）で日本系のサケが占めている比率が大きいことに注意．（Moriya et al. 2007 参照）

一塩基多型 (single nucleotide polymorphism, SNP)

同じタンパク質をコードしている遺伝子 DNA であっても、その塩基配列にはしばしば変異がみられる。その中には、DNA の特定の位置の塩基が 1 つだけ置き換わるものがある。よく知られているヒトでの例に、アルデヒト脱水素酵素 2 型 (ALDH2) の 504 番目のアミノ酸のコード **GAA** が **AAA** に換わる **E504K** という変異がある (E, グルタミン酸; K, リシン。この変異により ALDH2 がアルコールの代謝産物であるアセトアルデヒドを分解できなくなり、アルコールへの耐性がなくなる。) このようなゲノム上の一塩基変異が、タンパク質の機能は別として、ある集団内で 1%以上の頻度で観察される場合に一塩基多型 (SNP) と呼ぶとされており、ヒトの場合は 1,000 塩基対当たり 1 ヶ所あると予想されているという。

先に述べた mtDNA ハプロタイプには、雄親由来の情報が含まれず、SNP ほどには多型が多くないため精度が低いことなどから、近年、系群解析に SNP を検出する SNP ジェノタイピングが広く用いられている。これは異なった蛍光色素で標識された 2 種類の TaqMan プローブを用いる qPCR で、遺伝情報が雄親と雌親に由来する相同染色体に乗っていることを利用している。上述の ALDH2 遺伝子ならば、ある個体が **GAA/GAA** のホモ、**GAA/AAA** のヘテロ、**AAA/AAA** のホモのいずれなのかを、**GAA** を識別する蛍光プローブと **AAA** を識別する蛍光プローブを用いて検出するのである。なお、ヒトでは 350 万、マウスでは 1 万ほどが知られている SNP のそれぞれに PCR プライマーと蛍光プローブが用意されており、多様な SNP ジェノタイピングが可能になっている。

サケの場合、アラスカの研究者によって、北米系サケ集団内で変異が多い 96 の SNP がジェノタイピングのベースライン (基準) に選ばれている (DeCovich et al. 2012)。日本系サケでは、上述のベースライン以前から知られていた SNP を用いたジェノタイピングが行われており、図 19 に示した mtDNA ハプロタイプの解析結果と同じように、日本系サケ集団が北米系やロシア系の集団とは大きく異なることが示されている (佐藤俊平, [SALMON 情報 No.7, 2013](#) 参照)。さらに日本系サケの遺伝的な個体群構造が、57 集団 5,571 個体の試料について解析され、日本系サケには遺伝的に分化した北海道 6 地域 (太平洋南西部, 太平洋西部, 太平洋東部, オホーツク海, 根室海峡, 日本海) および本州 2 地域 (太平洋, 日本海) の地域個体群が存在すること、また遺伝的分化は地域内よりも地域間、とくに北海道と本州の間で大きいことが確かめられた (Sato et al. 2014)。北海道のサケについてだけであるが、野生魚が放流魚とは異なる遺伝的特徴を持つことも示唆されている (佐藤・森田 2019)。

SNP ジェノタイピングの用途は、遺伝的な個体群構造の解析にとどまらない。アルコール耐性が ALDH2 酵素の遺伝子の一塩基置換で決まる例を上で紹介したが、ヒトでは SNP は生理的な特性に関わるもの、あるいは疾患に関わるものが少なくないため、遺伝子診断などに利用されている。サケでは、まだベースラインに登録されている SNP 数が僅かであるが、サケゲノムが解読されているので、機能タンパク質をコードしている遺伝子の SNP 情報が増え、増養殖に利用できるようになることが期待される。

環境 DNA (environmental DNA, eDNA)

DNA は遺伝情報を保持するという役割ゆえに、かなり安定な構造を持つ。生物由来の DNA 分子あるいはその断片は、塩基配列を保持したまま生物体から放出され、土壌、海洋や湖沼の堆積物、海洋・湖沼・河川の水、雪氷、さらには大気といった環境中に分散・蓄積される。このような DNA が環境 DNA (environmental DNA, 以降 **eDNA**) で、動物であれば剥落した鱗・体毛・皮膚の細胞、粘液、精子や卵、排泄物、あるいは死体に由来すると考えられており、その配列情報や定量的データが、生態学、分類学、古生物学、さらには保全生物学など広い分野で利用されている。

微生物に由来する環境中の DNA： eDNA という用語が一般的になったのは 2010 年代になってから (Taberlet et al. 2012) だが、海水中に微生物に由来する DNA が存在することは 30 年ほど前から知られていた (Giovannoni et al. 1990)。また 20 年ほど前には、土壌から DNA を抽出して DNA ライブラリーを作製し、原核生物の分類群解析に用いられる 16S リボソーム RNA (rRNA) (リボソーム、mRNA からタンパク質を生成する場、を構成している RNA の一つ) の遺伝子をクローニング・配列解析するという研究が行われ、土壌中に多様な微生物が分布する事が示された (Rondon et al. 2000)。さらに、ショットガン・シーケンシング法という遺伝子の塩基配列を網羅的に解読する方法により、サルガッソ海の表層で採った海水から抽出した DNA 全ての塩基配列が解読された (Venter et al. 2004)。(この方法は、DNA をランダムに断片化して配列を読んだ後、重なる配列を持つ断片をつなぎ合わせて遺伝子を復元するもので、ヒトゲノムの解読にも使われた。) 得られた配列データの解析から、1800 種の微生物に由来する 120 万ほどの遺伝子が試料海水中に見出された。とは言っても、環境中に存在する DNA は、微生物に由来すると考えられていた。

環境中の動物の DNA 原核生物である微生物中心の研究状況を変えたのが、真核の多細胞生物である海産の線虫の研究 (Bhadury et al. 2006) や淡水産のウシガエルの研究 (Ficetola et al. 2008) であった (Taberlet et al. 2012 による)。Ficetola らのウシガエルの研究は、世界の侵略的外来種ワースト 100 の 1 つ、北米原産のウシガエルのヨーロッパにおける分布を調べたもので、ウシガエルの存否を確認するために、環境水中の DNA に着目している。彼等は、系統解析に用いられるミトコンドリア DNA 中のシトクローム b (Cyt b) 遺伝子 (図 18 参照) のウシガエルにおける配列が、種特異的であることを確認した後、密度を変えて幼生を飼育した幾つかの水槽および個体群密度の異なる野外の幾つかの池のそれぞれから 15 ml (試験管 1 本程度) の水を採取、DNA を抽出し Cyt b 遺伝子を PCR で増幅して、PCR 産物を検出することを試み、ごく低密度で幼生を飼育していた水槽の水からでも PCR 産物を検出することができた。また、野外の池の水からも、個体群密度に対応した PCR 産物が検出された。このように、環境水中の eDNA を分析することで、水生脊椎動物種の半定量的な同定が可能なことが示され、eDNA が魚類の研究にも利用されるようになってきた。(参照：[SALMON 情報 No.12 2018](#))

eDNA の分析：DNA バーコーディングとメタバーコーディング

先にふれた海産の線虫やウシガエルの研究では、eDNA から特定の生物種を検出するための分析に、DNA バーコーディング法が用いられていた。この方法は、特定の遺伝子の部分配列を参照配列（reference）とし、試料生物の同じ遺伝子部分を PCR で増幅して読んだ配列と照合して、種を同定するもので、その塩基配列は種特異的である。それらがスーパーやコンビニの商品に付いているバーコードを連想させることから、DNA バーコードと呼ばれるようになったという。

DNA バーコーディング 形態学的に種を同定するのが難しい生物群の分類に DNA バーコーディングが有効なことが確立したのは 2000 年代初頭であった（Meyer and Paulay, 2005）。バーコードとして利用される遺伝子の配列としては、系群解析でハプロタイプの検出に用いられる遺伝子とは異なり、種内より種間の変異が大きいものが選ばれる。先に述べた海産の線虫の場合は、3 種類の遺伝子を比較検討した結果、真核生物の分類群解析にしばしば用いられる **18S rRNA 遺伝子**が、バーコードとして適切だとされ、26 種の線虫から得られた配列情報（Bhadury et al. 2006）を用いて eDNA が分析された。ウシガエルではミトコンドリア **Cyt b 遺伝子**がバーコードとして用いられている。いずれにしても、これら初期の eDNA 分析では、特定の対象種の存在を特異的に検出することに主眼が置かれており、種（分類群）特異的なプライマーを用いて PCR で増幅した DNA の塩基配列を解読し、バーコードと一致するかどうかを確認されていた。

現在は、「遺伝子発現の解析」の項でふれた定量 PCR（qPCR）が、eDNA 中から特定の生物種を同定し、生物量を推定するのに用いられている。（注：この場合、DNA が分析の対象になるので、mRNA を対象とする遺伝子発現の解析とは異なり、逆転写は必要ない。）なお、eDNA の分析では特定の生物種を同定するための DNA バーコードが必要であるが、動物の場合、よく用いられているのは、ミトコンドリア DNA のシトクローム C オキシダーゼ I（**COI**）遺伝子、**Cyt b** 遺伝子、**12S rRNA** 遺伝子、あるいは **16S rRNA** 遺伝子である。（サケの eDNA 分析とバーコードについては後述。）多くの場合、それぞれの動物種（群）の eDNA 分析に適した遺伝子が選ばれ、その適切な位置に PCR プライマー（フォワードとリバース）と TaqMan プローブが設定されて、qPCR が行われる。

なお、一般的に用いられている qPCR 用のシステムは、同時に 96 試料（システムによっては 384 試料）を扱えるので、複数の生物種のそれぞれに対するプライマーとプローブを用意することで、同一の eDNA 試料について、何種類かの生物種の同定と生物量の推定を行うことができないわけではない。

メタバーコーディング eDNA 試料には、採取された環境中に分布する多くの生物由来の DNA が含まれている。これらの DNA がどの生物種に由来し、その量がどの程度なのかを分析し情報を得ることは、多くの分野でたいへん重要である。そのため、2005 年以降、PCR による増幅、配列解析、バーコードとの照合という DNA バーコーディングに準じながら、次世代シーケンサーを用い、同一の eDNA 試料について同時に複数の分類

群を同定する DNA (eDNA) メタバーコーディング法が開発された (Shokralla et al. 2012).

遺伝子 DNA の塩基配列が、DNA バーコードとして生物種の同定に利用できることは上に述べた通りであるが、幅広く門から種に至る分類群を識別できることを最初に示したのは Hebert et al. (2003) だという (Wikipedia: Metabarcoding による). 彼等は、まず多くの分類群にまたがる動物のシトクローム C オキシダーゼ I (*COI*) 遺伝子の配列情報を用意しておき、テストした動物の *COI* 遺伝子の塩基配列を読んで、ほとんどの動物が門のレベル、目 (もく) のレベル、および種のレベルのいずれでも正確に同定できることを示したのである. しかし、魚類におけるメタバーコーディングの本格的な利用は、先にふれた荒木らによる [SALMON 情報 No.12](#) の報文にもあるように、ミトコンドリア DNA 中の 12S rRNA 遺伝子の一部を増幅する汎用プライマーの作製とそれを用いる MiFish 法の開発 (Miya et al. 2015) を待たざるを得なかった. (この方法を中心とした環境 DNA 調査・実験マニュアルが、[環境 DNA 学会のホームページ](#)に公開されている.)

MiFish 法による全国一斉魚類相調査と生物多様性観測網 (ANEMONE)

MiFish 法の確立にともない、2017 年夏には全国一斉魚類相調査が実施された. この調査では、日本全国の沿岸 528 地点から採取した eDNA 試料が、MiFish 法により分析され、1220 にのぼる魚種の地理的な分布が明らかになったという (宮正樹 2019). この調査は、戦略的創造研究推進事業 CREST「環境 DNA 分析に基づく魚類群集の定量モニタリングと生態系評価手法の開発」の一環として実施されたもので、これに続いて 2018 年には、全国に設定した数十の定点において、高頻度で試料が採取され、魚群の季節変動が調べられた.

以上のいわば実証実験とも言うべき成果を踏まえ、2019 年に、従来の生態研究の手法では困難であった広範囲における多地点・多頻度の生物多様性観測を実施するプロジェクト [ANEMONE](#) (All Nippon eDNA Monitoring Network, 環境 DNA を利用した生物多様性観測網) が立ち上げられた. ANEMONE の主要な目標は、生物多様性保全に向けて、その時空間的な変動を把握するために、共通手法に基づいた環境 DNA 観測を実施し、生態系情報を提供することであり. 定期的に観測している定点は 2022 年 3 月の時点で 77 ヶ所 (沿岸, 55; 河川, 18; 湖沼, 4) になるという. 得られたデータは「[ANEMONE DB](#)」というデータベースに収載・公開されている. その使用方法は、[検索マニュアル](#)に詳しいが、データベースを利用するためには ID とパスワードの登録が必要となっている.

環境省も 2018 年から MiFish 法を利用する「絶滅危惧種分布重要地域抽出のための環境 DNA 分析技術を用いた淡水魚類調査手法の標準化・一般化検討業務」を開始し、その成果に基づいて 2021 年に「[環境 DNA 分析技術を用いた淡水魚類調査手法の手引き](#)」を公開したが、サケ・マス類の多くは、MiFish 法では種のレベルまで同定するのが困難なようである.

サケ・マス類の eDNA 研究

2010 年代中頃から、サケ・マス類の資源や生態の研究に eDNA の研究手法が利用されるようになってきた。それらの中で、資源量の推定に必須な定量性に留意して実施された研究を見ておきたい

河川における eDNA 研究

河川を溯上する親魚、あるいは降海する幼魚の種を同定し、その数量を精度良く推定できることを示したのは、南アラスカのオーク川 (Auke Creek) におけるベニザケとギンザケを対象とした研究であろう (Levi et al. 2018, doi: 10.1111/1755-0998.12987)。オーク川はアラスカ州の州都ジュノーの北にあるオーク湖とオーク湾を結ぶ短い川で、NOAA により、河口に近い所に、溯上する親魚あるいは降海する幼魚を捕獲して種を同定し計数するための堰と施設が設けられている。ここでは、サケ・マス類の毎日の計数に加えて、1 時間毎の河川水の水温、および河川流量を推算するための毎日の水深が記録されている。2014 年に予備実験を行った結果を参考に、2015 年と 2016 年の溯上期と降海期には、サケの個体数を計数した後に、毎日 1 L (リットル) x2 の河川水が採水され、eDNA の抽出とその qPCR による分析が実施された。

先に「遺伝子発現の解析」の項で述べたように、qPCR では特定の塩基配列を増幅するプライマーと定量するためのプローブが必須である。この研究では、対象種であるベニザケとギンザケのそれぞれに特異的なミトコンドリア DNA 中の COI 配列をプライマーとプローブとして用いているが、もともとは加工食品に使われているサケ・マス類が何かを検出するために Rasmussen Hellberg et al. (2010) が設定したものである。

qPCR の結果であるが、得られた日毎のサケ類の eDNA 量の変化は、そのままでは実際の個体数の計測値と必ずしも対応しないが、eDNA 量を河川流量で補正することにより、ベニザケとギンザケそれぞれの溯上魚および降海するベニザケのスモルトの個体数の変化と対応するようになった。したがって、毎日の流量の変化の記録と河川水の採取によって、個体数を数えなくても、eDNA の分析により、溯上あるいは降海するサケ・マス類の資源量を正確に推定することが可能だという。

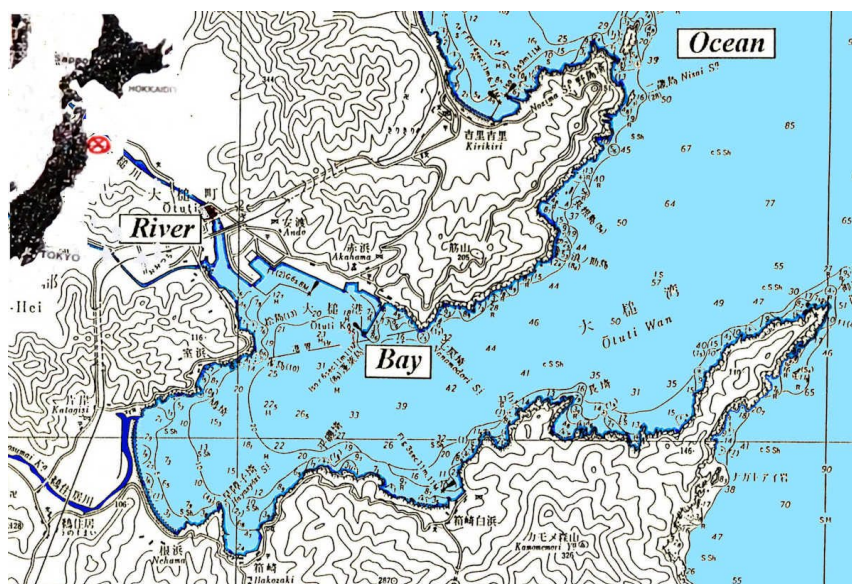
沿岸における eDNA 研究

海洋における eDNA の分布から特定の魚種の定量的なデータを得るのは容易ではないが、三陸の大槌湾 (次ページ・図 21) をフィールドとして、降海したサケ幼魚の沿岸における動態を、eDNA により明らかにしようとした研究が報告されている (Minegishi et al. 2019, doi: 10.1371/journal.pone.0222052)。この研究では、海水から抽出した eDNA の qPCR によるサケ特異的な分析に、ミトコンドリア DNA の調節領域 (図 18 参照) の配列を対象とするプライマーとプローブが用いられている。フィールドの試料を分析する前に、まず、水槽実験により、海水中におけるサケ eDNA の動態や定量性が調べられた。サケ eDNA 量は時間と温度に依存しており、人工海水を満たした水槽中にサケ幼魚を入

れると、eDNA 量が増加し始め、水温 14℃なら数時間後に、水温 8℃なら 24 時間後にピークに達し、その後は何日かけて徐々に減少したという。また eDNA の量と幼魚の尾数の間に正の相関があったことから、分析方法の定量性が確かめられている。

続いて、2016 年のフィールドで採取した海水中の eDNA 分析法を確認する予備実験の後、2017 年と 2018 年の 2 年間に涉って、大槌湾に降海したサケ幼魚の数ヶ月間の動態が綿密に調べられた。2017 年には水深に留意した採水が、2018 年には湾内の広い範囲での採水が行われている。得られた試料の eDNA の分析から、早い個体では 1 月に降海したサケ幼魚が、始めは地先の浅い海域に留まっているが、2 月には湾内奥部の水深 20 m 以浅の海域に広く分布するようになり、3 月になると一部が湾口にまで移動する。このような外洋に向けての移動は 4 月には一時休止するが、5 月になると再び湾口さらには外洋に向けての移動が始まり、6 月になると湾内では eDNA が検出できなくなった。このような二相性の外洋に向けての移動は、親潮の状態と密接に関わっているのではないかと示唆している。

図 21 大槌湾。上記の研究のフィールドとなったのは図の左上に内挿されている東日本の地図にその位置が示されている三陸の湾で、湾奥にサケが回帰する 3 本の川(上から)、大槌川、小槌川および鵜住居川が流入している。大槌川と鵜住居川の上流にふ化場があり、3 月から 5 月にかけて稚魚が放流されている。(図は航海用海図から切り出し改変)



外洋における eDNA 研究

NPAFC (北太平洋溯河性魚類委員会) は、本会報 12 号で紹介したように、IYS (国際サーモン年) のプロジェクトとして“冬期のアラスカ湾における国際共同調査”を 2019 年から実施してきた。その一端として、各調査定点で採取された eDNA 試料の分析がメタバーコーディング法* によって行われ、2019 年および 2020 年の冬季の結果が公表されている (Deeg et al. 2023, doi: 10.1002/edn3.404)。その概要を紹介しておこう。

*) 先にメタバーコーディング法について述べたが、eDNA 試料には、海水を採取した海域中に分布する生物由来の多くの DNA が含まれている。これらの DNA がどの生物種に由来し、その量がどの程度なのかを分析し情報を得ることで、特定の海域の生態系、すなわち餌動物の種類や量、あるいは捕食動物の存在を知ることができる。海洋における調査研究では、一般に、CTD(電気伝導度・塩濃度、水温、深度等を記録する装置)による海洋環境の測定といくつかの深さでの採水、プランクトンネットを用いた小型あるいは微小な動植物の採集などが行われている。ここに紹介する研究でも、各調査定点においてそのような海洋環境についての調査・採水(eDNA の抽出用)、採集などが行われるのに続いて、トロール網によるサケ・マス類などの捕獲が行われている。

主要な成果は、各調査定点で採取した eDNA 試料の分析から、冬季アラスカ湾表層のサケを中心とした海洋生態系、著者は **Salmonosphere** と呼んでいる、のおおよその様子が見えてきたことである。分析の対象は太平洋サケ（マスノスケ、ギンザケ、カラフトマス、ベニザケ、シロザケ）；サケ類を捕食している可能性があるネズミザメなどのサメ類やイシイルカ、シャチ、アザラシなどの海獣類；サケ類が捕食しているイカの仲間およびカイアシ類などの動物プランクトンで、eDNA によって示されたこれらの動物の分布が、トロール網による漁獲やプランクトンネットによる採集と定量的に比べられた。

サケ（シロザケ）については、図 22 に示すように、各調査定点におけるサケ eDNA の量が、トロール網による漁獲量とは必ずしも一致しないという結果になった。トロール網で捕獲した他の太平洋サケや遠洋性の魚類およびイカの仲間でも、同様の結果となっている。一方、プランクトンの種類と量についての eDNA の分析結果は、ネットの鉛直曳きにより採取された試料とよく対応していた。なおサケ類を捕食しているサメ類や海獣類は、通常はトロール網では捕獲されないが、eDNA で検出したその分布は、2019 年、2020 年、いずれもサケ類の eDNA が多く検出された海域と重なり合っていた。

サケ類についての eDNA 量とトロール網による漁獲量の食い違いについて、論文の著者は、それぞれの手法における試料の採取方法が違うためだとしている。eDNA を抽出した海水は、調査定点の表層からのみ採取しているが、トロール網の漁獲量は海水を採取した定点に始まる 5 ノット・1 時間の曳航で得られたものだという。そのため 2022 年冬季の IYS 調査航海では、それを考慮して eDNA 試料が採取された (NPAFC Doc1995)。この試料の分析からどのような結果が得られるか楽しみである。

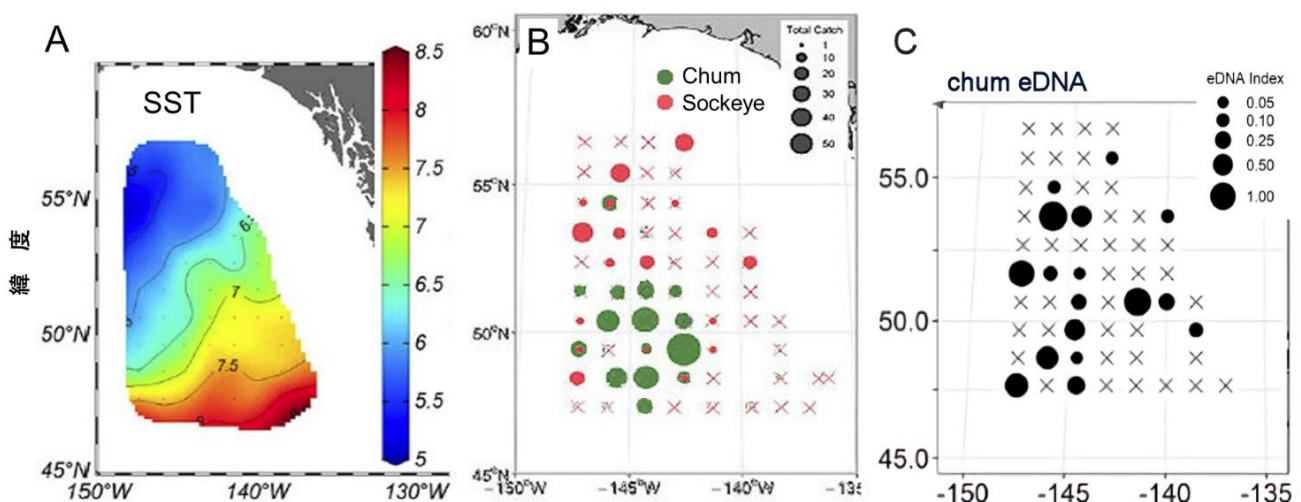


図 22 冬季ベーリング海におけるサケ(シロザケ, chum)の分布. IYS プロジェクト“冬期のアラスカ湾における国際共同調査”が 2019 年 2 月 16 日～3 月 18 日に実施された。それによって得られたサケについての結果：A 表面水温の分布. B トロール網の漁獲量からみたサケ (Chum) とベニザケ (Sockeye) の分布. C eDNA の分析結果が示すサケの分布. (図中 A, B は NPAFC Doc1858 から C は Deeg et al. 2023 から抜き出した図で、それらを改変して組み合わせた。)

サケ研究：今後の課題と方向

北太平洋におけるサケ資源（カラフトマスを除く）の減少は深刻な問題であり、その要因の解明はサケ研究における喫緊の課題でもある。そのため NPAFC（北太平洋溯河性魚類委員会）は、IYS（国際サーモン年）のプロジェクトとして“冬期のアラスカ湾における国際共同調査”を2019年から実施しており、2022年には下図（図1）にあるように、北太平洋の広い範囲にわたる“Salmonosphere”の調査が実施された。この活動は「持続可能な開発のための国連海洋科学の10年（UN Decade of Ocean Science for Sustainable Developmental project, 2021-2030）」によっても高く評価されているとのことであり（NPAFC Newsletter 53, 2023）、発展的に持続することが望まれている。

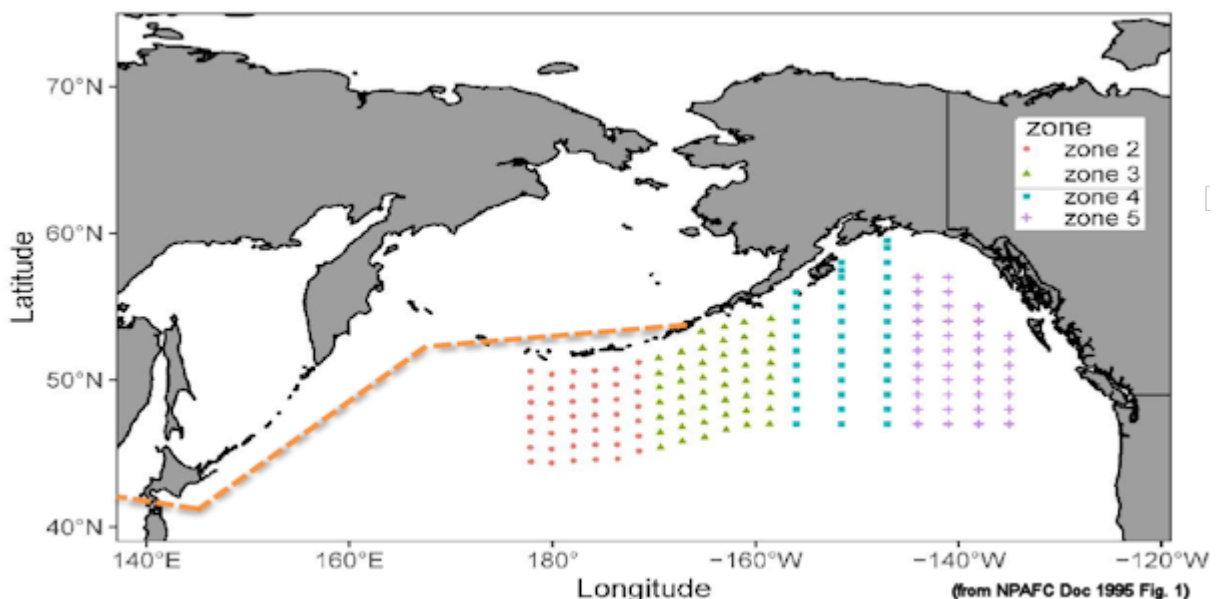


図1 IYS2022 冬期の北太平洋における国際共同調査の調査定点（予定図）。Zones 2 と 3 はロシアの TINRO 号が担当するが、橙色の破線で示した帰路上の何箇所かの定点（Zone 1）でも調査が行われる。Zone 4 では米国 NOAA の Bell M Shimada 号が、Zone 5 ではカナダの Sir John Franklin 号と Raw Spirit 号が同時並行的に調査を実施する。（NPAFC Doc 1995 より）

国連海洋科学の10年に併せて IYS のプロジェクトが持続的に進められるかは不明であるが、北太平洋の環境は、そこを生活の場とするサケ・マス類だけでなく、海洋全体ひいては地球全体を知る上でも極めて重要である。そこで、現時点でどのような調査研究が行われたか見ておきたい（NPAFC Doc 2048, 2060, 2061 参照）。

IYS 冬期航海の調査研究の内容（調査項目）

図1の説明に記したそれぞれの船は1日に2つの定点で調査を行い、各定点では以下の観測や採集を行うという計画になっていた。

1 CTD による伝導度・水温・深度の測定とニスキン採水器 による海水の採取

a) CTD は最浅 300 m, 最深 2000 m まで降ろす。

b) 採水（5 or 10 L）は少なくとも水深 0・5, 25, 50, 75, 100, 150, および 200 m で実施。

c) 採取した海水を用いた分析：溶存酸素濃度、溶存栄養塩濃度、クロロフィル a, eDNA（水深 5, 25, 50, 100 m）、有機物の粒子（水深 5 m）、HPLC 用色素試料、金属結合物質、細胞当たりのクロロフィル a（フローサイトメトリー

による)

2 プランクトンネットによる採集

- a) ボンゴネット(2つの径 60 cm のネットが並置されている)の鉛直曳き 250 m による動物プランクトン採集. 一方のネットの試料はホルマリン固定し採集した種の同定に使われ, 他方のネットの試料は冷凍保存される(生物量や同位体の分析に使用).
- b) MOCNESS(多段開閉式ネット・環境計測システム)による Zone 5 の深さ 400 m までの大型動物プランクトンの採集.

3 中層トロール (midwater trawl) による採捕

調査船によってトロール網のサイズは異なるが, 表層から 50 m までの層を浮子網が表層近くにあるようにして 4~5 ノットで 1 時間曳網する. 得られたすべての漁獲物は, 種によって分別し, 重量と個体数を記録する. なお, サケ・マス類は, 各種それぞれの個体について, 以下のように処理することが求められている.

- a) 血液の採取: 漁獲後 30 分以内に尾静脈から採血. 遠心後に血漿を分取して冷凍保存.
- b) 鰓の採取および RNAlater (RNA の分解を防ぐ試薬) 中での保存. 漁獲後 1 時間以内.
- c) 尾叉長 (mm), 体重 (g), 性別, 成熟度, 脂びれの有無の記録. 標識の確認. 外見の確認.
- d) 鱗の採取. 遺伝子試料(腹びれ)の採取. 頭部の切断と冷凍. 生殖腺と肝臓の冷凍保存. 筋組織(2 箇所)の冷凍保存.

- e) 胃内容物の確認(できれば船上で, 不可能なら冷凍). 消化管癒着の確認.

サケ・マス類以外の魚種, サメ類, クラゲ類などのそれぞれについても処理法が指示されている.

4 船が航走している時の調査および試料の採取

- a) 海生哺乳類: 目視観測を励行し, 調査定点での作業が影響を与えないよう努力.
- b) 科学魚探(広帯域・計量魚群探知システム)および超音波流速計による観測と記録.
- c) サーモサリノグラフ (thermosalinograph, TSG) による海表面の水温と伝導度 の連続記録. 航走中, 船の取水口から連続的に取り込まれた海水を. 取水口近くに設置されている TSG によって測定する. 蛍光光度計により連続的にクロロフィル a 濃度の測定も行う. (これらの測定は船の装備による).
- d) 海鳥と海生哺乳類の目視観察.
- e) GoPro カメラのタイムラプス撮影による海洋プラスチックゴミの記録.
- f) eDNA 試料の連続的な採取.

以上に記した各船に共通の調査項目に加えて, 2022 年冬期の調査では, トロール網による漁獲によってサケ・マス類の資源量を推定してよいか確認するため, Zone 5 において, 流し網を用いた操業が, トロール網による操業と並行して実施された. いずれの方法でも魚種と漁獲量に大きな違いはなかったことが NPAFC Doc 2110 に予報として報告されている. この文書には 2022 年冬期の調査航海全体の成果についての予報も掲載されているが, より詳しくは Technical Report 20 (2023) に結果を踏まえた議論と合わせた会議報告に公表されている. そこでは, **さらなる調査航海**が必要だという声が多く寄せられたが, 海洋環境の変動にともなうサケ・マス資源の変動(図 2 の説明参照)を考えれば当然であろう. しかも図 2 の説明で述べるように, 気象庁はエルニーニョが発生しつつあるとしている. 事実, 本年 7 月の世界の海洋の月平均海面水温(図 3)を見ると, 南アメリカの西方沖合に設定されている気象庁のエルニーニョ監視水域の海面水温だけでなく, アラスカ湾も含む北太平洋の海面水温が基準値(30 年間の平均水温)を大きく上回っている.

求められる今後の調査航海と調査項目

IYS の冬期アラスカ湾と北太平洋国際共同調査が実施された 2019 年, 2020 年および 2022 年には, 弱いエルニーニョとラニーニャが発生していたが, 海洋環境はどちらかと言

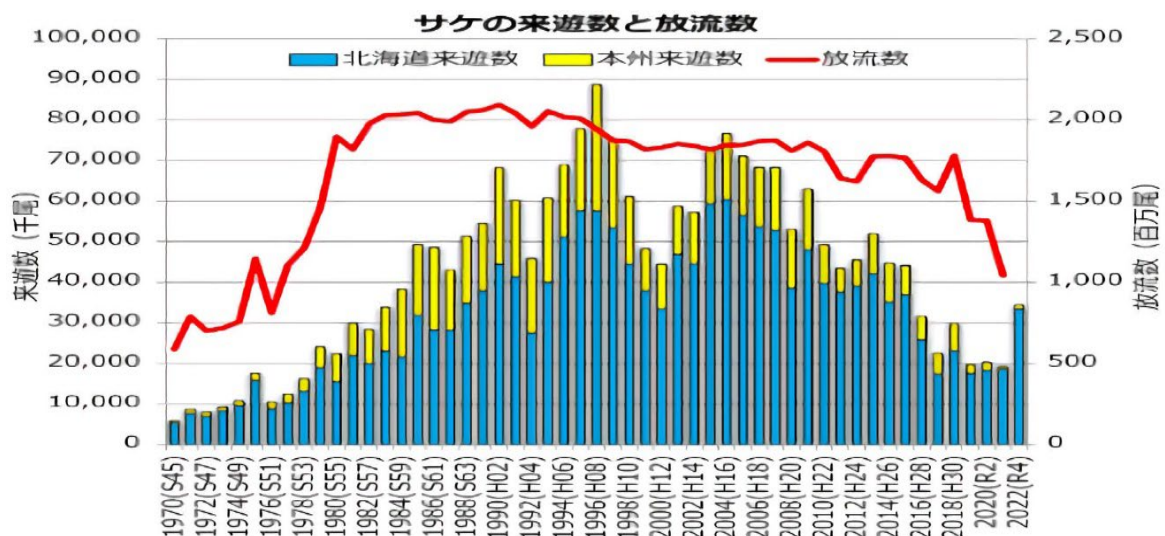
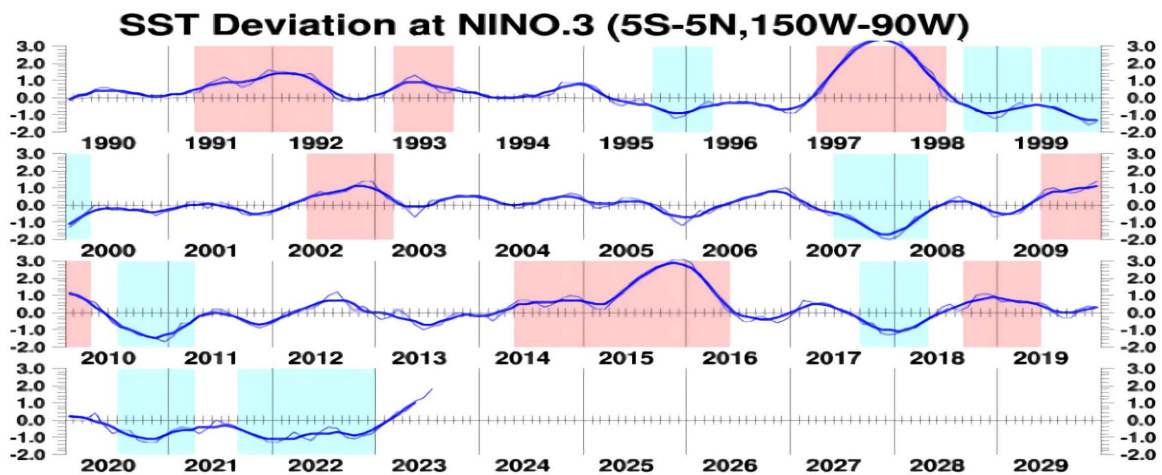


図 2 海洋環境の変動にともなうサケ・マス資源の変動。上)エルニーニョ現象を監視するための気象庁の領域, NINO 3, における海面水温の平年差の変動。海面水温の基準値は 30 年間の各月の平均値で, 平年差が数ヶ月間 $+0.5^{\circ}\text{C}$ 以上ならエルニーニョ, -0.5°C 以下ならラニーニャと呼ぶ。下)北海道および本州におけるサケ来遊数。エルニーニョが発生している時期(上図 赤枠の部分)に, 来遊数が大きく減少している。なお 2023 年(本年)前半から海面水温が上昇し始めているが, 気象庁によれば, エルニーニョが発生しつつあるという。(上図は気象庁 HP, 下図は水産研究・教育機構 HP にある図を改変。)

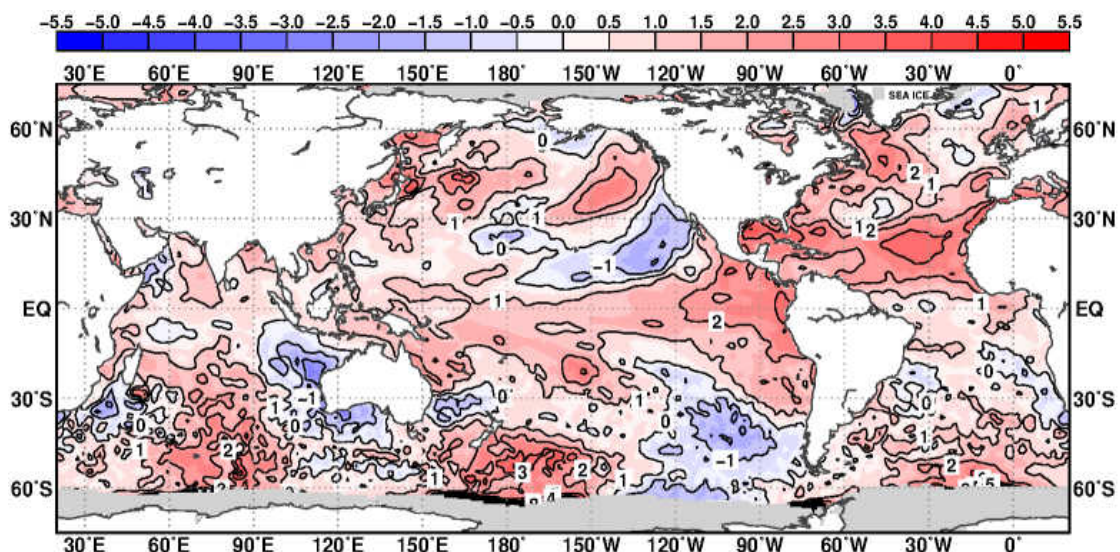


図 3 2023 年 7 月の月平均海面水温。北太平洋の高水温に注意。(気象庁 HP より)

えば平年に近いものであった。予測されている今回のエルニーニョによる北太平洋の海洋環境の変動はそれらより大きくなる懸念がある。北太平洋の "Salmonosphere", ひいては日本へのサケの来遊にどのようなことが起きるかたいへん気になるところである。先に IYS の会議報告で「さらなる調査航海」が必要だという声が多かったと述べたが、図 2 上部のエルニーニョーラニーニャの発生の様相を見れば、「国連海洋科学の 10 年」が 10 年と銘打っているように、10 年間ほどの継続的な調査航海が必要だと思えてくる。

先に IYS の国際共同調査における調査項目のあらましを述べた。これらの項目は、北太平洋の Salmonosphere の海洋環境と生態系を総合的に知る上で欠かすことができないものであるが、肝心のサケ・マス資源の推定には問題が残っている。2022 年冬期の IYS の調査で、流し網とトロール網が比較され、いずれの方法でも魚種と漁獲量に大きな違いはなかったと報告されているが、延縄による操業や科学魚探による魚群の分布の解析結果とは食い違いが見られた。2019 年と 2020 年の調査航海では、分子生物学的研究の項の図 22 に示したように、各調査定点におけるサケ eDNA の量が、トロール網による漁獲量とは必ずしも一致していなかった。それだけでなく、トロール網で捕獲したサケ以外の遠洋性の魚類およびイカ類でも、同様の結果となっていた。ところが、プランクトンの種類と量についての eDNA の分析結果は、プランクトンネットの鉛直曳きにより採取された試料とよく対応していたのである。これらの結果を踏まえ、2022 年の調査航海では eDNA の採取方法に工夫が加えられたが、未だその分析結果の報告は見当たらない。(試料数が大きく増えたので、それらの分析に時間がかかっているのであろう。)

ここで問題としたいのは、北太平洋におけるサケ・マス資源の動態を眼目とする調査である。上に述べたような現状を考えると、科学魚探による探査、eDNA の分析、中層トロールによる採捕の 3 つを併用せざるを得ないと思われる。

近年の科学魚探は、技術的に大きく進歩している。その 1 つは、超音波送信に、同一の周波数帯域内で 2 つ以上の複数の通信（多元接続）を行うために用いる技術（CDMA 方式）を採用した魚群探知機が開発されたことである。開発したアクアフュージョン社によれば「超音波の送信回数を従来の魚群探知機の 10 倍以上に増やし 5 cm ほどの小魚を 1 匹ずつ見分ける魚体識別を実現した」という。また、「魚の種類や大きさを正確に識別して、水産資源を管理」するだけでなく海洋プラスチックごみの検知など様々な可能性が見えてくるという。ただ魚群探知機の有効距離は最大でも数百 m である。この難点を解決する OAWRS (Ocean Acoustic Waveguide Remote Sensing) という技術が、米国マサチューセッツ工科大学によって開発され、半径 60 km までの範囲の浮魚類の群れの分布を、分単位で可視化できるようになった (Eleftherios et al, 2023. doi: 10.3390/rs15020437 参照)。今後、AI の利用等により、音響データの解析はより精度を上げていくだろう、が、問題はサケ・マス類の種や系群、餌生物の種についての情報が得られないことである。

これらの情報・知見を得るためには eDNA の分析が欠かせない。しかし、上に述べたように、2019 年、2020 年の IYS 冬期航海の調査定点における eDNA の分析結果は、ネット

で採集したプランクトンの種類と量によく対応していたが、サケ・マス類のそれとはそれほどよくは対応していなかった (Deeg et al, 2023). そのため、2022 年の IYS 冬期航海では、各定点において複数の深度で eDNA 試料を採取する、あるいは、航海中、eDNA 試料を連続的に採取するといった工夫が加えられたのである。まだ分析結果は報告されていないが、連続的に採取された eDNA の分析結果は、トロール網による漁獲の結果よりは、科学魚探による調査結果によりよく対応することが予測される。

近年、eDNA の分析に分子生物学的研究の項でふれたナノポアシーケンサーが用いられるようになってきており、2019 年の IYS 冬期航海でも、船上においてギンザケの系群解析が試みられたと報告されている (Deeg et al, 2022). この時の DNA 試料は eDNA ではなかったが、直近のナノポアシーケンス法の進展は、この方法による eDNA の分析によって、サケ・マス類の種と系群を半定量的に知ることが可能だと思わせる。しかも、試料当たりの分析の経費が、次世代シーケンサーよりも格段に安価だという。カナダの研究者によるシロザケの全ゲノム解読にナノポアシーケンス法が用いられていることを考え合わせると、十分に試行の価値があるだろう。

先に調査項目についてふれた「中層トロールによる採捕」では、漁獲した魚体から様々な情報を得ている。これらの情報は、サケ・マスの母川、年齢、健康状態、栄養状態、成長・成熟、回遊の履歴等を知るために必須であるが、サケ・マスをよりよく理解するためには、「分子生物学的研究」の項で述べたような生理状態についての分子レベルに至る知見も必要であり、新鮮な魚体から血液や新鮮な臓器を採取して凍結保存することが求められる。したがって、サケ・マス類の漁獲には、流し網ではなく、トロール網による漁獲が望ましい。なお、図 4 に 1995 年から 2005 年に至るサケの母川溯上時の血中テストステロン濃度の変動を示したが、ここからは生理状態もおそらくはエルニーニョ・ラニーニャによる海面水温の変動 (図 2 上図) の影響を受けていると考えられる。今後のサケ・マス研究では、調査航海も含めて、10 年規模の海洋環境の変動を考慮するべきであろう。

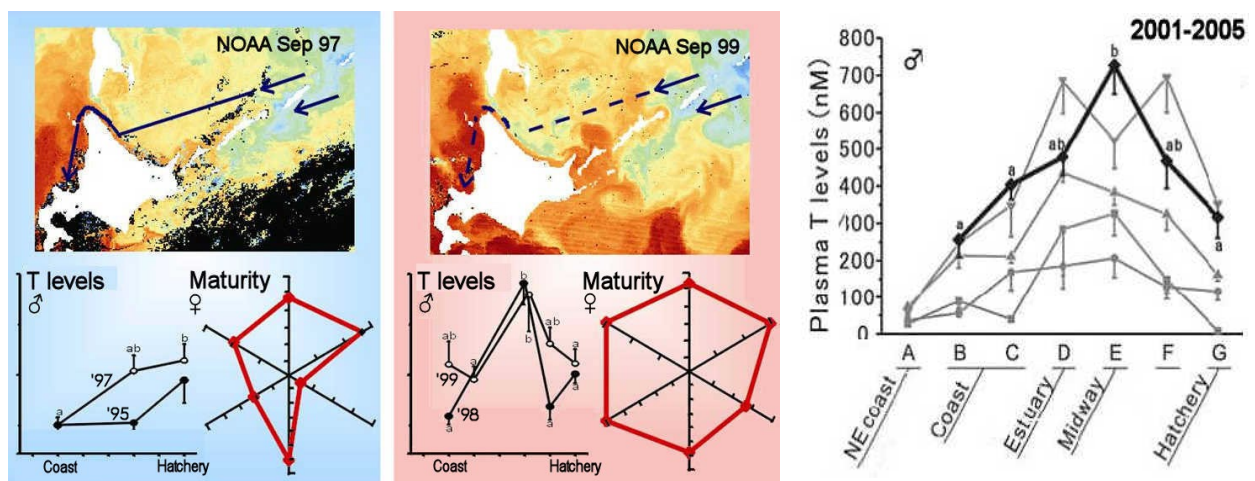


図 4 サケの母川溯上時の血中テストステロン濃度の変動。左・中) 1995-2000 年、沿岸の海洋環境の大きな変動 (図 2 上図参照) が性成熟に与えた影響。海面水温が低かった 1995 年と 1997 年 (空色背景) はレーダーチャートに示すようにふ化場にたどりついた雌が未熟であり、雄の血中テストステロン濃度も右肩上がりに上昇していた。一方、海面水温が高かった 1998 年と 1999 年 (橙色背景) は、雌が十分に成熟しており、雄の血中テストステロン濃度は一過性に変動していた。(Onuma et al, 2003 より抜粋・編集) 右) 2001-2005 年、海洋環境の変動が小さかった時期 (図 2 上図参照)。雄の血中テストステロン濃度は、幅に違いはあるものの、各年とも一過性に変動していた (Makino et al, 2007 より)。

会員の活動（HP 探訪）

新型コロナウイルス感染症が、5月8日に、感染症法上の分類で、季節性インフルエンザと同じ5類に引き下げられ、いわゆる「コロナ明け」となった。それにともない北海道サケネットワークの各会員の活動もコロナ以前に戻ってきた。その様子をいくつかの会員のホームページで見ておきたい。なお、サケネットワークは2006年11月18日の設立総会で正式に活動を開始しており、設立以降すでに15年以上が過ぎているので、会報14号はこれまでの活動を振り返る特集号にしたいと考えている。そのため、本号で取り上げる会員のHPはサケについての情報が入手できるサイトに限らせていただいた。（**図中のリンクは無効です**）

道立総合研究機構場さけます・内水面水産試験場 > [さけます資源部](#)

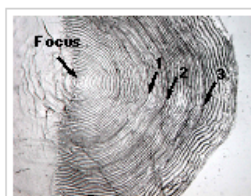
さけます資源部

さけます増殖と資源の効率的な管理に関する調査研究

さけます資源部

北海道におけるサケ、カラフトマス、サクラマスの増殖事業と野生資源の効率的な管理にかかわる調査研究を担当するセクションです。

毎年の種苗生産、放流計画策定の支援、秋サケの来遊数量予測、種卵需給調整の支援、種苗生産事業の効率化の推進、ふ化放流事業成績の解析等、さけますの増殖管理にかかわる業務に加え、野生さけますを対象とした系群特性や集団構造についての生態研究、資源の回復や生息環境の復元に関する調査研究、保護水面管理にかかわる調査等の生物多様性および生態系の保全にかかわる業務を行っています。



鱗から年齢情報を得て資源構造を把握する



スクリュートラップを用いた 幼稚魚の降河調査



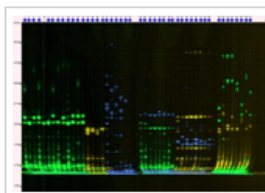
サケ稚魚降海後の沿岸環境調査



野生魚の遡上調査



野生サケが確認された河川(赤)、確認されなかった河川(白)



DNAを解析し、集団を比較

このさけます資源部のページの下方に、収載されている内訳の目次があり、「さけます」インフォメーションというタイトルの下に「秋サケの資源状況」、「さけますとは何か」といった項目へのリンクが並んでいる。

さけますに関する情報

サイトURL変更のお知らせ（2023年8月1日）

国立研究開発法人水産研究・教育機構のウェブサイト改修およびURLの変更に伴い、本ページのURLも変更となりました。

お気に入りやブックマークなどに登録されている方は、お手数ですが新アドレスへの変更をお願いいたします。

(旧) <https://www2.fra.go.jp/xq/水産資源研究所/さけます/>

(新) <https://www.fra.go.jp/shigen/salmon/index.html>

さけますに関するデータ

- [さけます来遊速報](#)
- [サケの放流数と来遊数及び回帰率の推移](#)
- [河川別の捕獲数・採卵数・放流数](#)
- [Salmon Database](#)
- [さけます標識魚発見のお願い](#)

↑
Pagetop

「さけますに関するデータ」の下方には、「さけますに関する成果等」といった項目が並んでいる。「成果等」の下には SALMON 情報などの刊行物へのリンクが掲載されている。

サケの
ふるさと
[千歳水族館](#)

サケのふるさと 千歳水族館

HOME ご利用案内・フロアマップ・イベント案内・わくわく体験・各種情報

わくわくがいっぱい
豊富な体験メニュー

本日の営業時間
2023年10月13日 金曜日
9:00～17:00

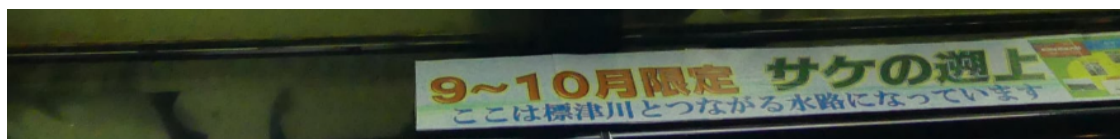
本日のイベント

- ・【平日限定】コイのエサやり体験（10月午後）
- ・【平日限定】コイのエサやり体験（10月午前）
- ・バックヤードツアー&エサやり（10月）

イベント案内 >

営業・料金案内 >

[標津サーモン科学館](#)



ご利用案内



北海道内でも有数のサケの水揚げ量を誇る標津町。
標津サーモン科学館は「サケの町 しべつ」の「サケの水族館」です。
サケ科魚類と標津周辺に暮らす魚たちを展示しています。

[日本遺産【「鮭の聖地」の物語 ～根室海峡一万年の道程～】](#)についても紹介しています。

開館時間 9:30 - 17:00 入館受付は16:30まで

5月 - 10月は無休 です

2月・3月・4月・11月の 休館日は水曜日 です。（但し水曜日が祝日の場合は翌日休館）

12月 - 1月は冬季休館となります。

豊平川 [さけ科学館](#)



[施設・展示案内](#) [イベント・実習](#) [サケ情報](#) [資料集](#) [アクセス](#) [お問い合わせ](#)

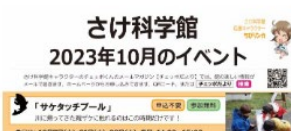
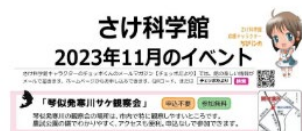


[ご来館のみなさまへ](#)

[豊平川サーモンウォッチング申込フォーム](#)

[サケ採卵実習申込フォーム](#)

[サケの人工授精体験申込フォーム](#)



2021 年度サケ会議要録

日 時： 2021 年 6 月 5 日（土）14:30～

会 場： TKP 札幌駅カンファレンスセンター

Zoom を併用したハイブリッド方式で開催

テーマ： サケ資源～いまとこれから

趣 旨： 北太平洋におけるサケの漁獲量は地域により異なり，北高南低の状態にある．分布の南限域にあたる日本のサケ漁獲量は近年減少傾向が続き，特に最近では日本海側に比べ太平洋側の落ち込みが大きい．資源減少の要因として，降海初期の稚魚の減耗，沖合の海洋環境や生物環境の変化などが示唆されているが詳細は不明である．そこで，今回，サケマス漁業の将来を考えるため，沖合資源や回帰資源の現状と資源変動の原因究明を含めた最先端の取り組みや今後の展望について，専門の方々に語って頂くことにする．

【講 演】

国際サーモン年における沖合サケマス共同：サケは冬に死亡するのか？

浦和茂彦 氏（水産研究・教育機構 水産資源研究所 さけマス部門・資源生態部）

はじめに

日本系サケの来遊数は，2000 年代半ばより長期的に減少傾向を示すようになり，2019 年と 2020 年には 2,000 万尾前後と過去 40 年間で最も低くなった．日本系サケの減少要因として，初期生活期における生残率の低下が指摘されている．一方，冬の海洋生活期にもサケマス類の死亡が起きやすいと考えられ，サケマス類の成長に関連した海洋死亡が最初の秋から冬にかけて起き，それが年級群豊度を決定しているとの仮説が提唱されている．

北太平洋東部のアラスカ湾では，1996 年と 2006 年に水産庁の調査船「開洋丸」による冬期調査が行われ，北米系だけでなく日本を含むアジア系サケもこの海域で越冬していることが明らかになっている．同海域にはカラフトマス，ベニザケ，ギンザケやマスノスケも生息し，アラスカ湾は太平洋サケマス類にとって極めて重要な越冬場所である．しかし，過去の冬期調査では，調査海域や時期が限定され，正確な分布域や資源量などを特定できていない．謎の多い冬期のサケマス類の海洋生態を調査し，冬期死亡仮説を検証するため，2019 年 2 月 16 日～3 月 18 日にアラスカ湾で国際共同調査プロジェクト「International Gulf of Alaska Expedition」が国際サーモン年活動の一環として実施された．

冬期調査の概要

北太平洋溯河性魚類委員会（NPAFC）がロシアの調査船「プロフェッサー・カガノフスキー（Professor Kaganovskiy）」を外部資金で用船した．本船はウラジオストックを母港とする調査船（総トン数 2,062 トン，乗員 30 名）である．乗船する研究者が待つカナ

ダのバンクーバーまで調査を実施しながら北太平洋を横断してきたが、途中猛烈な低気圧に襲われ、到着が 2 日ほど遅れた。加盟 5 カ国から研究者 21 名（カナダ 6 名、日本 1 名、韓国 1 名、ロシア 9 名、米国 3 名、NPAFC 事務局 1 名）が冬期調査に参加した。研究者は海洋観測グループ、プランクトン・栄養分析グループと魚類グループに別れ、演者は魚類グループで耳石や遺伝標本の採集と標識放流を担当した。

調査海域はアラスカ湾（北緯 47-56 度、西経 137-147 度）の約 60 定点で、表層トロールによる漁獲、動物プランクトンなどの採集と海洋観測を行った。また、環境 DNA 分析用の採水と、最近問題になっているマイクロプラスチックの採集も行われた。航海中は 24 時間体制で、深夜や早朝など時間に関係なく、定点に到着すると、すべての研究者が調査に参加した。

漁獲されたサケマス類に個体識別タグを付け、魚種別に魚体を測定して、鱗、耳石と遺伝標本を採集した。また、摂餌状況を把握するため胃内容物を分析し、栄養状況等を調べるために筋肉と肝臓を採集した。さらに、成長や健康状態を把握するための採血を行うと共に、遺伝子解析で病原体の保有状況を調べるために、鰓、心臓、肝臓、腎臓、消化管、脳などを細かく切り出し、一部は組織観察用に固定保存した。沖合における本格的な病原体検査はおそらく初めての試みであった。

サケマス類の海洋分布

調査した海域の表面水温は、北方で 5°C、南方で 7-8°C であった。表層トロールで漁獲されたサケマス類は、サケ 223 個体、カラフトマス 31 個体、ベニザケ 73 個体、ギンザケ 93 個体、マスノスケ 3 個体の合計 423 個体であった。漁獲された魚の種組成は昼夜で大きく異なり、サケは 80%、カラフトマスは 87%が昼間漁獲されたのに対し、ベニザケは 89%、ギンザケは 75%が夜間に漁獲された。

調査海域内でも魚種により分布に差がみられ、サケは水温 5.0~7.6°C の海域に広く分布していたが、南西海域で多い傾向を示した。ベニザケは北方の水温 5°C 台の冷たい海域に多く分布していた。海洋生活 1 年ほどで成熟するギンザケとカラフトマスは、大部分が水温 7°C 前後の南の海域に分布していた。

サケの地理的起源と肥満度

最近カナダで開発された新しい環太平洋遺伝子 (SNP) 基準群 (545 SNPs, 400 個体群) を用いた分析により、沖合で漁獲されたサケの地域起源や河川起源が高い精度で個体別に識別出来るようになった。この新たな SNP 分析によると、日本系サケは 22%含まれ、これらの大部分は北緯 52°より南の海域に分布していた。日本系以外の系群組成は、西アラスカ系 14.8%、ユーコン川系 5.1%、中央アラスカ系 6.5%、南東アラスカ系 11.2%、カナダ BC 系 16.5%、ワシントン系 3.7%、ロシア系 20.2%で、多様な地域個体群起源のサケがアラスカ湾で越冬していることが確認された。

今回の冬期調査では、極端に痩せたサケが頻繁に見つかった。これらは大部分が海洋年

齢 2-3 年魚で、特に海洋年齢 2 年魚の 39%が肥満度 0.9 未満であった。SNP 分析によると、日本系サケは海洋年齢 2 年魚の 40%、3 年魚の 17%が肥満度 0.9 未満であった。また、BC 系サケは海洋年齢 2 年魚の 70-75%が肥満度 0.9 未満であった。

サケの胃内容指数は、同じ海域で漁獲されたベニザケ、ギンザケやマスノスケよりも低い値を示した。冬の間、サケはあまり餌を食べず、越冬前に蓄えたエネルギーを利用して乗り切る戦略を取っているのかもしれない。冬期におけるサケの生息水温は、北西太平洋よりアラスカ湾の方が高く、そのため筋肉中の脂質含量は北西太平洋よりアラスカ湾に生息するサケの方が有意に低いことが知られている。越冬前の栄養蓄積が十分でないと、アラスカ湾での生息水温は比較的高いので、代謝エネルギー消費量が増加し、サケは痩せて死亡するリスクが高くなると考えられた。また、海洋生活 1 年目の秋から冬が危険期と考えられていたが、2 年目以後の冬も死亡の起きる可能性が示唆された。

おわりに

今回は多分野の専門家が乗船した国際共同調査となったが、お互いに協力して多様な調査を概ね計画通り実施できた。参加者の国籍も様々で、沖合調査における国際協力のあり方を示す良い機会となった。今回の調査をモデルケースとして、4 隻の調査船による大規模な国際共同調査を 2022 年冬に実施することが計画されている。日本からも次世代を担う若手研究者が参加し、他国研究者と共に貴重な体験を積むことが望まれる。

この要旨は、北海道区水産研究所より発行された「Salmon 情報第 14 号（2020 年）」の記事より抜粋したものである。

北海道における秋サケ資源の動向と今後の資源づくり

隼野寛史 氏（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）

令和 2 年度の北海道への秋サケ来遊数（沿岸漁獲尾数と河川捕獲尾数の合計）は 1,833 万尾で、前年より僅かに増加（前年比：104%）したものの、平成以降で最低となった平成 29 年とほぼ同水準の来遊数に留まった。海区別に見ると、日本海とオホーツク海で前年を上回ったものの、根室と太平洋では前年を大きく下回り、特に、根室では 1971 年以降、過去 50 年間で最低の来遊数となった。来遊魚の年齢組成は、4 年魚が全体の 76%を占め、シーズンを通して 4 年魚主体の来遊資源構造となった。また、平均目廻り（平均体重）も 3.15kg と小さく、データのある平成 10 年以降では下から 3 番目の値となった（平成 24 年：3.10kg、平成 30 年：3.04kg）。そのため、重量ベースで見ると令和 2 年の北海道への秋サケ来遊量は平成以降で最低となった。

周知のとおり、サケの増殖事業は栽培漁業における代表的な成功例としてよく知られており、北海道では現在、毎年約 10 億尾の稚魚が放流されている。この増殖事業の歴史は実に 130 年以上にもおよび、増殖技術の発展とともに、北海道への来遊数は昭和 50 年代

から大きく増加しはじめ、昭和 60 年にはじめて 3,000 万尾を超えると、平成 16 年には 6,000 万尾を超える来遊が見られるようになった。しかしながら、その後は急激な減少傾向へと転じ、平成 28 年には 3,000 万尾、令和に入ってから 2,000 万尾を割り込むなど、直近 3 ケ年の来遊数は過去 40 年間で最低の水準となっている。

このため、現在は沿岸の秋サケ定置網漁業のほか、その水揚げの一部によって賄われている増殖事業の運営にも支障をきたしている地域もあり、実施体制の早急な見直しとともに、来遊数減少の原因究明と資源回復へ向けた取り組みが喫緊の課題となっている。資源減少の主な要因には、気候や海洋環境の変動のほか、最近では種苗放流による遺伝的劣化の影響なども指摘されている。ここでは、北海道におけるサケの資源変動の特徴と現段階で想定される変動要因について整理し、今後の資源づくりへ向けた取り組みについて紹介したい。

以下の図は、隼野氏のプレゼン資料の中にあったスライドを抜き出したものである。講演のまとめとして示されたものであるが、今後のサケ漁業にとっての多くの重要な指摘がなされているので、編者の判断で要旨とあわせて掲載させていただいた。



道総研

持続的なサケ漁業を目指して

憂慮すべき事項

★短期的視点から：

1. 回帰率の低迷（特に、根室～太平洋）
2. 種卵不足（負のスパイラル、来遊時期の遅れ）
3. 来遊予測精度の低下（成熟年齢の若齢化）
4. 原虫症のまん延、新規疾病の発生

★中長期的視点から：

1. 気候変動の影響（沿岸域、外洋域での減耗）
2. 期別来遊数の偏り（中後期が低迷傾向）
3. 放流魚の遺伝的劣化の可能性

2022 年度 サケ会議要録

日 時： 2022 年 5 月 28 日（土）14:30～

会 場： TKP 札幌駅ビジネスセンター赤レンガ前

テーマ： 気候変動下のサケ～適応的な生産と利用に向けて

趣 旨： 地球温暖化に伴う気候変動は海洋環境に変化をもたらし、魚介藻類などの水産資源に大きな影響を与え始めている。遡河性の生活史をもち海洋を広く索餌・産卵回遊するサケ類は、沿岸から外洋までの環境変化の影響をとりわけ受け易いと考えられる。

気候変動への対策には、原因を極力排除する緩和策と被害を極力軽減する適応策の 2 つがある。緩和策によっても避けられない気候変動と海洋環境の変化が水産資源に及ぼす影響を軽減するには、やはり適応的な生産と利用が現実的な対応となる。

このような状況の下、回帰資源の減少が続いている我国のサケ類の適応的な生産と利用に係る増殖・環境・水産経済などの展望について、今回、関係の方々からお話し頂くことにする。

【開会の挨拶】

阿部周一（北海道サケネットワーク代表）

阿部代表より、3 年ぶりの対面方式のサケ会議であり、国連提唱の SDGs 関連の話題なので、限られた時間ではあるが十分にご議論頂きたい旨、挨拶があった。

【講 演】

衛星を利用した持続可能なサケ資源生産支援

齊藤誠一 氏（北海道大学北極域研究センター）

成長の生理学から見たサケマスの生残と成熟

清水宗敬 氏（北海道大学北方生物圏フィールド科学センター）

北海道のサケ産業の動向

濱田武士 氏（北海学園大学経済学部）

【総合討論】

司会：河村 博 氏（北海道サケネットワーク顧問）

（以降、講演要旨とコメント、質疑応答が掲載されています。）

衛星を利用した持続可能なサケ資源生産支援

齊藤 誠一（北海道大学名誉教授）

NPO 法人 Digital 北海道研究会 理事長

国立大学法人北海道大学北極域研究センター 研究員

北海道のサケの来遊数は最盛期（2004 年 6,050 万尾）以降減少傾向を示し、2019 年にはその約 3 割（1,760 万尾）にまで減少し、漁業のみならずフードサプライチェーン（加工業者・消費者）にも経済的な打撃を与えている。川から海へ下ったサケは水温が概ね 8～13℃の範囲にある時期に沿岸域で動物プランクトンなどを食べて成長し、その後、沖合への回遊を開始する。最近では沿岸域の水温が 13℃を超える時期が早期化してサケ幼魚が沿岸域で成長できる期間が短くなったことが最近のサケ資源の減少要因の一つであることが指摘されている。このため、放流時期の前に沿岸水温を予測できるシステムが構築することで、サケ幼稚魚をより適切な時期に放流することが可能になるものと期待される。

2020 年度に内閣府「課題解決に向けた先進的な衛星リモートセンシングデータ利用モデル実証プロジェクト」に採択された「衛星を利用した持続可能なサケ資源生産支援プロジェクト」において、放流最適化を目指したサケ資源生産支援のための衛星画像や数値モデル予測値などを見える化したプロトタイプ WebGIS を開発した。沿岸滞留期は生活史の初期減耗期として重要であるが、近年の水温上昇、海洋熱波などの気候変動下においては 2 年目、3 年目に回遊するベーリング海（索時期）、アラスカ湾（越冬期）における海洋生活期の海洋環境把握も重要になってきている。これに、複合衛星データを取り込むことでその予測技術をより精緻なものにすることができる。宇宙航空研究開発機構（JAXA）の第 3 回地球観測研究(2022-2024 年度)に採択された研究テーマ「複合衛星データを用いた気候変動下における持続可能なサケ資源利用」において、内閣府で開発したプロトタイプ WebGIS の運営および改良などの情報サービスを継続してサケ資源利用へ貢献するとともに、複合衛星データや数値モデル再解析データを利用して放流期から来遊期までの長期に年級群別に餌環境、越冬環境をモニタリングし、生活期を通じた回帰資源推定に貢献していくことを目指している。

衛星画像解析からのサケの来遊数の激減に係わる知見など

- ・海洋熱波が 7～9 月に増えている。従来の研究では、降海 1 年目の生残が来遊数の増減に決定的だと考えられていたが、2～3 年目以降のサケの生残も重要だとの認識が高まる。
- ・また日本系サケの回帰ルートになっている北方領土におけるロシア側の「先取り」も日本の秋サケ資源に影響している可能性があり、衛星画像から北方領土の島嶼沿岸に定置網の拡大設置が確認された。
- ・今後も衛星画像解析による沿岸や沖合の環境変化や回帰資源のシミュレーション予測の精度をあげて行く。現在、以下のプロジェクトが走っており、持続可能なサケ資源生産に貢献して行きたい。

内閣府サケプロジェクト：WebGIS 水温と放流記録との対応を比較

JAXA サケプロジェクト：プランクトンの残存量や水温などの環境比較

成長の生理学から見たサケマスの生残と成熟

清水宗敬

国立大学法人北海道大学北方生物圏フィールド科学センター 教授

我が国においてシロザケは水産重要種であり、その資源量はふ化放流事業によって支えられている。近年、我が国のシロザケの回帰親魚の数が激減しているが、考えられる理由の一つとして、気候変動に伴う海水温などの海洋環境の変化が挙げられる。シロザケを含むサケマスは、海洋生活初期と冬季に成長と栄養状態に依存した大規模な減耗受けるとされる。そのため、シロザケの資源加入を評価するには、変動する海洋環境下における成長をリアルタイムにモニタリングすることが重要である。

一方、外洋で十分成長したシロザケは成熟を開始して河川に回帰するが、その年齢には幅がある。成熟年齢は外洋での成長に依存するとされており、回帰前年の秋に成熟を開始するか否かを決めているという仮説が提唱されている。このように、回帰年齢組成を評価・推定する上でも成長のモニタリングが有効であると考えられる。

成長のモニタリングには、耳石や鱗の輪紋幅を解析する方法が広く用いられてきており、資源量変動の評価に多大な貢献をしてきた。しかし、これらの方法は過去の成長履歴を再構築するものであり、現在の成長を評価するものではない。演者の研究グループは、成長調節のメカニズムに着目し、それに関わるホルモンや蛋白質が成長指標として有用であることを示してきた。現在、それらを用いて降海直後のシロザケ稚幼魚の成長や外洋のシロザケ若魚・成魚の成長を評価することを試みている。

稚幼魚に関しては、主に飼育実験による水温の影響を調べている。これまでに、シロザケ稚魚が淡水中で絶食を経験した後に冷たい海水に移行すると成長停滞が長引くことを報告した。その理由として、絶食後に摂餌をしても肝臓での栄養蓄積を優先してしまうことが考えられた。現在は離岸期の高水温の影響を飼育実験で調べている。加えて、さけます・内水面水産試験場、北見管内さけ・ます増殖事業協会および網走漁業共同組合と共同で、網走沿岸のシロザケ稚魚の調査や海中飼育の効果などを調べている。

また、最近、外洋シロザケの成長モニタリングを開始した。本プロジェクトは、水産研究・教育機構水産資源研究所ならびに北太平洋遡河性魚類委員会 (NPAFC) との共同研究として行っている。夏季にベーリング海、冬季にアラスカ湾にて行われる調査航海でシロザケならびに他のサケマスの血液試料を得、上述の成長指標を測定する。成長指標の変動やバラツキを海洋環境と関連づけて評価するとともに、成長と成熟の関係を理解することを目指す。以上のように、これまでの資源調査に生理学の視点とツールを加えて、より包括的にシロザケをはじめとするサケマスの海洋での成長変動を評価して、気候変動に対応する一助にしたいと考えている。

目標：インスリン様成長因子-1 (IGF-1) などを指標に生理学的なモニタリングを行い、サケの孵化放流事業や資源評価に役立てたい。

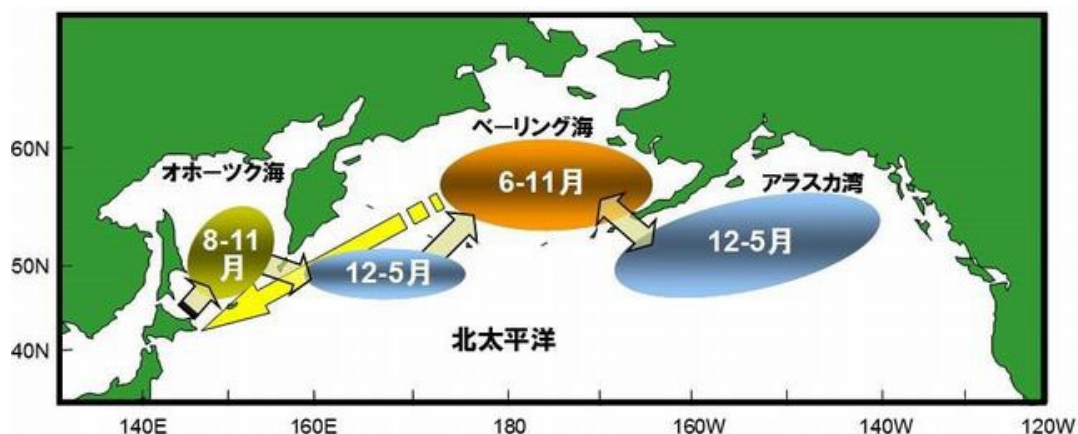
どのくらいが生き残るのか、サケの成長と生残や成熟との係わり。

海洋生活 1 年目が大規模な減耗に関わっているとの仮説がある。2 つの要因①最初期に一定のサイズが無いと遊泳能力が低い。そのまま捕食されたり、餌場に行き着けなかったりする。②エネルギー蓄積が足りないと 1 年目に相当減耗率が高くなる。これを実証するために、成長率を測定：①直接比較、②耳石の比較、③ IGF-1 による比較（IGF-1 の血中量は個体の成長と密接な関連性がある）。ただ近年は海洋生活 2～3 年目以降の生残の動向も注目されている。

飼育による稚幼魚の状況：

- i 絶食している稚魚は成長しない。
- ii 成長停滞＝ホルモン量が低い。
- iii 一定のサイズに達しなかった稚幼魚では、絶食から解放されても食べた餌は成長よりエネルギー蓄積に向けられる。
- iv 栄養摂取能力の強化と河川餌豊度の強化が、ふ化放流事業に必要な。

成熟開始のタイミングの仮説：1 年前の成長が重要。①前年秋に脂肪蓄積が充分で、②秋から春にかけてエネルギーが残っている、この条件が整うと回帰する。外洋調査の結果では、まだはっきりした結論は見えない。（更に各国漁業調査船などのデータ収集が待たれる。）



日本系サケ回遊ルート

その他、いろいろな観点からの報告があったが、データ収集中ということで、何らかの結論や提言はまだ具体的に出せないということだった。



露調査船「プロフェッソール・カガノフスキー」



北大実習船「おしよろ丸」V 世

北海道のサケ産業の動向

濱田 武士

北海学園大学経済学部 教授

北海道においてサケマスは重要な水産資源のひとつである。アキサケと呼ばれるシロサケについては孵化放流体制を拡充してきたこともあってか、1950年代は3万トンにも満たなかったが、70年代から増加傾向を辿り、2003年には20万トンを超える至り、その後、アキサケは輸出にも向けられるようになった。

北海道のサケ漁獲量は国産の7割を占める。サケの産業から見ても北海道は高い地位にある。しかし一方で、今日、下図に見られるように北海道内のサケ水揚量は5万トン程度まで落ちこんでいる。しかも、北海道のサケはサーモンの類であるにもかかわらず、過去10年の「サーモン」ブームの中で食材としての存在感を失っている。

本報告は、サケ産業の歴史や全体像を確かめながら、そのことを確認していきたい。

1. 流通しているサケマスについて
2. 北海道のサケの供給状況
3. サーモンの趨勢
4. 希少化するサケ魚卵
5. 出遅れたサーモン養殖と今後

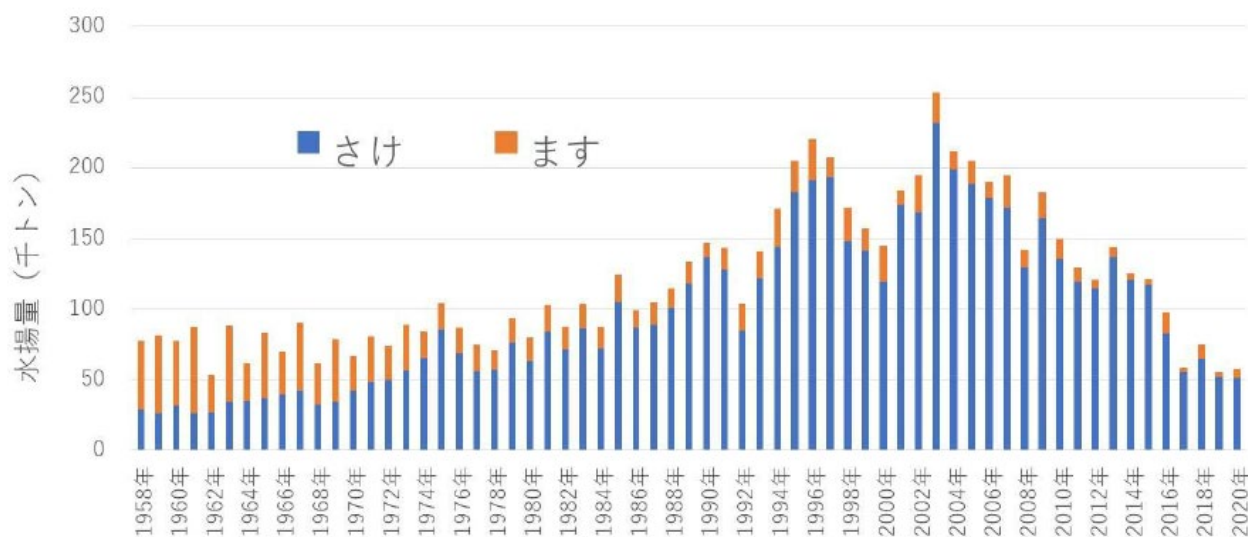


図. 北海道内のサケ・マスの水揚量の推移

1. 国内で流通しているサケマスについて

国産（シロザケ・サクラマス）、輸入（ギンザケ・アトランティック）など、

魚介類消費量：1人の消費～30年前14kg→現在8kgに減った。

サケの消費は90年代に増加し、2000年代に減っており、最近数年はコロナの影響でまた持ち直す。

サケの本身だけではなくイクラの消費も多い。

<漁業史>

- ・千島列島、カラフト・カムチャツカでの漁業
- ・大正期、母船式漁業
- ・戦後米ソに制限を付けられ、70年代から二百海里時代以降も、ソ連には漁業料を払って入漁した。
- ・しかしその後、合併事業によってある程度認められていたが、2016年に完全に露領のサケマス漁業は終焉。領海内での国産定置網漁による水揚げは継続。20万トンから獲れていたが、現在では5万トン程度。金額では400円/kg。
- ・2000年代まで日本では消費しきれず、6万トン程度を中国で加工して欧州に売る形を取っていたが、現在では輸出も絶えた。



母船式サケマス漁最盛期

2. 北海道のサケの供給状況

世界的な養殖事業では250万トンもの生産量がある。チリ（ギンザケ）、ロシア（ベニザケ）などから輸入されている。長期的な減少の中、加工製品から冷凍に移行している。

3. サーモンの趨勢

供給が不安定なため、需要も頭打ち。世界的な人気の上昇と、日本の経済状況の推移で消費が減っている。

4. 希少化するサケ魚卵

ロシア産が中心だったが、2018年に急に増えた後は、現在はまた輸入が低迷している。

5. 出遅れたサーモン養殖と今後

漁業はサケ資源次第で不安定、水産加工業は原材料不足で壊滅的に採算が厳しい。大規模海洋養殖については、先行き不透明。陸上養殖は光熱費等エネルギーコストの関係で悲観的。国内では小規模事業体の乱立で結局は地産地消程度の規模。サーモン養殖成功の見通しは暗い。



南三陸町に於けるギンザケ養殖

総合討論

三名の方々のご講演に対して感謝を伝えた後、講演に関する質問を齊藤先生、清水先生、渡辺先生の順で頂戴した。（河村）

質問：ベーリング海の中央辺りに日本系サケが多いということだが、最近の研究では「日本系」かどうかという視点が少ないのではないか（浦野）

アラスカ海域に於いては、一部識別しているデータがある。北部（低温）：北米系、南部（高温）：アジア系でロシア系中心とのこと。（阿部）

質問：5日間絶食させた場合成長が鈍るが、どの程度で成長が戻るのか。(市村)

適温で再給餌されたものは1週間くらいで戻る。絶食後に低温だと、1ヵ月ほど掛かる。(清水)

質問：海洋に戻した場合はどうか。(市村) 未だ知見は無い。(清水)

IGF-1については、肝臓と血中濃度だけではなくて、生殖腺にも注目すべきでは。シアトルの研究者から、肝臓で作られるほか生殖腺でも作られているとの報告あり。(浦野)

質問：国内では100以上の小規模な養殖事業体があり、地域限定サーモンが生産されているが、共倒れの懸念が高い。行政による業界の整理は出来ないものか。(阿部)

「タネ」も餌も高い中、養殖適地も少なく鳥瞰的な整理は難しい。大規模な養殖産業に再編するのには時間が掛かると思われる。またトラウトなどの外来種養殖は、遺伝子汚染などの問題もあって行政は及び腰である。(濱田)

日本水産は東日本大震災後に宮城から島根の境港に拠点を移してギンサケ養殖に成功している。その辺りを参考に出来ないか。(浦野)

・最後に**司会者**からお三方の考えをいただきたい。

質問：齊藤先生に伺いたい。「SDGs（持続可能な開発目標）」に注目して、衛星データや数値モデルデータを利用したサケ稚幼魚がくらす沿岸域の環境収容力(キャリングキャパシティ)の時空間的評価ができる可能性は？(河村)

・興味はあるが現時点では難しいと思われる。(齊藤)

質問：清水先生に伺いたい。外洋シロザケの成長モニタリングは、回帰年齢組成および栄養状態評価にとって重要と言えるが、外洋でのサンプリングは系群解析など課題も多い。サケ以外のモデル（魚）として、生活史変異が多様な野外の外来種ブラウントラウトを用いることの可能性は？(河村)

・考えていない。サクラマスを用いて研究する考え。(清水)

質問：最後に濱田先生に伺いたい。講演要旨に「日本のサケの存在感がこの10年間で薄れている。」とのことだが、より具体的な説明等あれば伺いたい。(河村)

・講演内容以外の特別な説明は示されなかった。(濱田)

2020 年度北海道サケネットワーク総会・サケ会議 要録

コロナ禍のため、対面での総会は中止とし、メールにより議論・議決がなされた。またサケ会議は、予定のテーマと講演を 2021 年度に繰り越すこととなった。

議 事

【報告事項】

以下の通り、2019 年度の活動が報告された。

- 1) 2019 年度サケネットワーク総会及び北海道サケ会議が 2019 年 5 月 18 日（土）に札幌エルプラザにおいて、20 名の会員の出席をもって実施された。（総会の要録は “ホームページ>会員のページ>総会の記録” に、またサケ会議の要旨は “講演・ワークショップ等の要録>国際サーモン年～サケと私たちの暮らし” を御覧いただきたい。）
- 2) 会報 11 号 <19.5.10> をホームページ上 (http://salmon-network.org/public_html/) 上で発行するとともに、メールに添付して各会員に送付した。
- 3) ニュースレターを発行した（#59 <19.4.15>、#60 <19.9.10>、#61 <20.1.15>）。バックナンバーはホームページ上にアップされている。
- 4) ホームページ利用の便を図るため、サイトマップを設けた。御利用いただきたい。

【協議事項】

- 1) 2019 年度会計収支決算報告および会計監査報告が別紙資料 1 の通り提案され、承認された。
- 2) 2020 年度活動計画が次の通り提案され、承認された。
 - ア 20 年度総会は新型コロナウイルス感染拡大により総会はオンライン方式で行う。
 - イ サケをめぐる諸課題の考察のため会報 12 号を発行する。
 - ウ 会員相互の情報交換のためニュースレターを発行する。（4 回発行の予定）
 - エ その他当会の目的達成に必要な活動を行う。
- 3) 20 年度会計収支予算が資料 2 の通り提案され、承認された。
- 4) 役員の改選が資料 3 の通り提案され承認された。変更点は以下の通りである。
 - ア 「事務局長 木村義一」を「顧問 木村義一」（追加）に変更
 - イ 「事務局次長 高橋壽一」を「事務局長 高橋壽一」に変更
 - ウ 規約第 6 条（4）の「事務局次長 1 名」は空席とする

以上

<資料1>

北海道サケネットワーク 2019年度 収支決算報告

《収入の部》

(単位:円)

科 目	予 算 額	決 算 額	摘 要
前 期 繰 越 金	83,601	83,601	
会 費	42,000	40,000	11団体
雑 収 入	0	0	
合 計	125,601	123,601	

《支出の部》

科 目	予 算 額	決 算 額	摘 要
手 数 料	2,000	1,450	郵便振替
通 信 費	5,000	1,200	郵送料
消 耗 品 費	2,000	1,400	用紙・封筒事務用品
会 議 費	30,000	64,100	会場費等
会 報 費	0	0	
予 備 費	86,601	0	
合 計	125,601	68,150	

《次年度繰越金》 123,601－68,150＝55,451

2019年度 会計監査報告

北海道サケネットワークの、2019年度(2019年4月1日から2020年3月31日まで)の会務、並びに会計の収支決算報告書について、関係諸帳簿などを監査した結果、適正に執行・処理されていると認めます。

2020 年 4 月 22 日

監 事 鈴木栄三 

監 事 佐藤 信洋 

<資料 2>

北海道サケネットワーク 2020年度 収支予算（案）

《収入の部》

（単位：円）

科 目	前年度予算額	20年度予算額	増 減
前期繰越金	83,601	55,451	△28,150
会 費	42,000	40,000	△ 2,000
雑 収 入	0	0	0
合 計	125,601	95,451	△30,150

《支出の部》

科 目	前年度予算額	20年度予算額	増 減
手 数 料	2,000	2,000	0
通 信 費	5,000	5,000	0
消 耗 品 費	2,000	2,000	0
会 議 費	30,000	30,000	0
会 報 費	0	20,000	20,000
予 備 費	86,601	36,451	△50,150
合 計	125,601	95,451	△30,150

*会報費の増（20,000 円）はホームページ維持管理経費。

<資料3>

2020 年度北海道サケネットワーク役員名簿案(敬称略)

2020.5.1 現在

代 表	阿部 周一（北海道大学大学院水産科学研究院）
副 代 表	寺島 一男（大雪と石狩の自然を守る会）
事務局長	高橋 壽一（札幌サケ協議会）
幹 事	市村 政樹（標津サーモン科学館）
同	千葉 よう子（とがち・帯広サケの会）
監 事	鈴木 栄治（水産研究・教育機構北海道区水産研究所）
同	佐藤 信洋（札幌市豊平川さけ科学館）
顧 問	浦野 明央（北海道大学大学院理学研究院）
同	木村 義一（札幌サケ協議会）
同	河村 博（北海道立総合研究機構）

2021 年度 北海道サケネットワーク総会 要録

日 時： 2021 年 6 月 5 日 13:30～14:30

会 場： TKP 札幌駅カンファレンスセンター

【議 事】

1 2020 年度活動報告

- (1) 5 月 30 日に開催を予定されていたサケネットワーク総会は，新型コロナウイルス感染症の拡大によりオンライン方式で書面協議の形で実施した．
- (2) 北海道サケ会議も同上の理由により中止となった．
- (3) 会報 12 号を発行した．(2020.10.18, 61 ページ．編集・発行は浦野明央顧問)
- (4) ホームページを更新した．(編集は浦野明央顧問)
- (5) ニュースレターを発行した．(No.62/2020.4.30, No.63/2021.1.10. 編集・発行は寺島一男副代表)
- (6) サケマス情報プラットフォーム第 1 回を配信した．(「日本におけるサケマスの来遊状況」執筆は札幌サケ協議会運営委員 伴 真俊氏)

* 会員の状況 (2021.6.1 現在) <ホームページを参照>

特別会員 14 正会員 10 (退会：十勝川水系の生態系再生実行委員会 3.18)

2 2020 年度会計収支決算

2020 年度会計収支決算報告および会計監査報告が資料 1 の通り提案され，承認された．

3 2021 年度活動計画

- (1) サケネットワーク総会・北海道サケ会議を開催する．
新型コロナウイルス感染症の拡大の継続により，総会はメール配信による書面協議とする．
サケ会議は，ビデオ会議方式により実施する．(6 月 5 日 14:30～17:00)
 - ・テーマは「サケの資源～いまとこれから～」
 - ・講師：
 - ① 浦和茂彦氏 (水産研究・教育機構 水産資源研究所)
「国際サーモン年における沖合サケマス共同調査」
 - ② 隼野寛史氏 (北海道立総合研究機構 さけマス・内水面水産試験場)
「北海道における秋サケ資源の動向と今後の資源づくり」
- (2) ネットワーク会報第 13 号，第 14 号を発行する．第 14 号には，北海道サケネットワーク設立 15 周年を迎えたことから会員に原稿を依頼する．

- (3) ネットワーク・ホームページを更新する.
- (4) ネットワーク・ニュースレターを発信する.
- (5) サケマス情報プラットフォーム第2回を発信する.

4 2021 年度会計収支予算

20 年度会計収支予算が資料 2 の通り提案され、承認された.

5 役員改選

役員改選年に当たるが、現役員に再任をお願いすることが了承された.

<参考 役員名簿（敬称略）2021.1.31 現在>

代 表	阿部 周一	（北海道大学大学院水産科学研究院）
副 代 表	寺島 一男	（大雪と石狩の自然を守る会）
事務局長	高橋 壽一	（札幌サケ協議会）
幹 事	市村 政樹	（標津サーモン科学館）
同	千葉 養子	（とかち・帯広サケの会）
監 事	鈴木 栄治	（水産研究・教育機構 水産資源研究所）
同	佐藤 信洋	（札幌市豊平川さけ科学館）
顧 問	浦野 明央	（北海道大学大学院理学研究院）
同	木村 義一	（札幌サケ協議会）
同	河村 博	（北海道立総合研究機構）

資料1 2020年度会計収支決算

北海道サケネットワーク 2020年度 収支決算報告

＜収入の部＞

(単位:円)

科 目	予 算 額	決 算 額	摘 要
前 期 繰 越 金	55,451	55,451	
会 費	40,000	34,000	8団体
寄 附 金	0	18,600	HPサーバー利用料
雑 収 入	0	4,400	キャンセル料返戻金
合 計	95,451	112,451	

＜支出の部＞

科 目	予 算 額	決 算 額	摘 要
手 数 料	2,000	1,412	郵便振替
通 信 費	5,000	840	郵送料
消 耗 品 費	2,000	0	用紙・封筒事務用品
会 議 費	30,000	0	会場費等
HPサーバー利用料	20,000	18,600	
予 備 費	36,451	0	
合 計	95,451	20,852	

＜次年度繰越金＞ 112,451－20,852＝91,599

2020年度 会計監査報告

北海道サケネットワークの、2020年度(2020年4月1日から2021年3月31日まで)の会務、並びに会計の収支決算報告書について、関係諸帳簿などを監査した結果、適正に執行・処理されていると認めます。

2021 年 5 月 26 日

監 事 鈴木 栄治 

監 事 佐藤 信洋 

資料 2 2021 年度会計収支予算

2021 年度 収支予算 (案)

＜収入の部＞

(単位：円)

科 目	前年度予算額	21 年度予算額	増 減
前 期 繰 越 金	55,451	91,599	△36,148
会 費	40,000	40,000	0
寄 附 金	0	0	0
雑 収 入	0	0	0
合 計	95,451	131,599	△36,148

＜支出の部＞

科 目	前年度予算額	21 年度予算額	増 減
手 数 料	2,000	2,000	0
通 信 費	5,000	5,000	0
消 耗 品 費	2,000	2,000	0
会 議 費	30,000	30,000	0
H P サーバー利用料	20,000	20,000	0
予 備 費	36,451	72,599	△36,148
合 計	95,451	131,599	△36,148

2022 年度 北海道サケネットワーク総会 要録

日 時： 2022 年 5 月 28 日（土）13:30～14:30

会 場： TKP 札幌ビジネスセンター赤れんが前（毎日札幌会館 5 階）

<全体進行 事務局長 高橋 壽一>

【挨拶】 北海道サケネットワーク代表 阿部 周一

3 年振りの対面総会だが、是非活発な議論をお願いしたい旨、挨拶があった。

【議 事】

【報告事項】

1 会員の現況（報告）

正会員と特別会員のリストに変更がいくつかあり、後ほど訂正して情報共有の予定。

2 2021 年度活動実績報告

- ① 21 年度サケネットワーク総会・サケ会議の開催（オンラインで書面協議）
- ② ホームページの編集（21 年 3 月現在 最新）
- ③ ニュースレターの発行（No.64／21.5.10 発行，No.65／22.1.5 発行）
- ④ サケマス情報プラットフォーム第 2 回配信「岩手のサケはどこへ行く!!」（岩手大学 研究・地域連絡部釜石キャンパス 田村直司氏 21.6.14 発信）



【協議事項】

3 2021 年度収支決算及び監査報告 <資料 1>

活動実績報告と決算監査報告については、特段の意見が無く了承された。

4 2022 年度活動計画案

- ① 22 年度サケネットワーク総会・サケ会議を開催する。（本日の予定どおり）
- ② 会報 13 号を発行する。特集号「設立 15 周年を迎えて」とする。
編集担当の浦野顧問から、会員を含め関係の方々から原稿を集めて特集号を作成したい旨、発言があった。
- ③ ニュースレターを発行する。（No.66 発行済／22.4.15）
- ④ サケマス情報プラットフォームを発信する。（阿部代表を中心にテーマ等を検討中）

5 2022 年度収支予算案 <資料 2>

提案どおり了承された。

6 2023 年度総会・会議開催地について（標津町を提案）

会員が道内各地にいるため、元々総会・サケ会議は札幌以外でも開催されてきた。標津は古くからサケ漁が盛んで、開催地にふさわしい。標津サーモン科学館・市村館長より手を挙

げていただきながら、コロナ禍で開催検討が延期されて来た。メリットとしては水族館である科学館で開催出来ること（ただし4月以降は無休になるので、17時の閉館後となる）がある。或は近場の町の施設も使用出来る。当会としては、今年同様サケ会議と総会を5月前後に開催したい。標津からの提案として、市村館長が関係するサケ学研究会とのコラボや、浦野顧問からの発言として他のサケ関連の団体とのジョイントで、内容をオンライン発信出来ればとの提言があった。当ネットワークとしても、広くオンラインで内容を発信することは、設立の趣旨からも妥当だと思われる。今後時期及び内容については、各提案を勘案しながら検討を進める。

審議の結果、特段の反対意見もなかったことから、次回開催は標津で開催の予定となった。（阿部代表より、標津は遠いので、交通手段・宿泊などの案内を詳細にお願いしたい、という趣旨の要望があった。）

7 会員（団体）の活動概要の報告（当会への要望・意見、将来展望など）

大雪と石狩の自然を守る会 寺島代表：サケが旭川に戻るようになってから20年となる。現会員約300人。忠別川から石狩川本流にかけて多数の産卵床が出来ている。会としては、いかに市民に関心を持ってもらうか、子どもたちの教育への貢献が出来るかが課題である。自然ウォーク、学習会などを開催している。現在の課題としては、忠別川の取水堰にある魚道が通り難くなっており、その手前が過密になっている。市に依頼してこの魚道の改修が出来ればと考えているが、改修費用が高ければ水道料金の値上げにも繋がりがねず悩んでいる。



サケの放流



標津サーモン科学館

標津サーモン科学館 市村館長：標津町が根室市、別海町、羅臼町とともに「鮭の聖地」として日本遺産に指定され、科学館2Fにサケの歴史に関する展示を増設。最近の取り組みとしては、サケ産卵の不適地（科学館の傍の川）について、直線場所に蛇行部分を付ける試みをしたところ、産卵の率が23%→60%と向上した。今後とも町内全域について、同様の試みをして行きたい。

豊平川さけ科学館 佐藤主査：この2年は臨時休館が多く、入館者2～3割減。産卵床調査自体はコロナとは無関係なため、粛々と進めた。今年の例では、サケ577ヵ所、サクラマス

706ヵ所を確認した。5月の体験放流と放流式には約30人の市民が参集した。現在はSWSPと共に野生のサケの増加を企図しているため、放流数を20万→7～8万と絞っている。イベントでの採卵を多くして、市民啓発に力を入れている。またサケ皮による工作などの取り組みも増やしている。

8 その他 *役員は継続年である。現役員は本会報裏表紙の表の通り。

2022年度 収支予算

<資料2>

＜収入の部＞

(単位：円)

科 目	前年度予算額	22年度予算額	増 減
前期繰越金	91,599	101,324	9,725
会 費	40,000	40,000	0
寄 附 金	0	0	0
雑 収 入	0	0	0
合 計	131,599	141,324	9,725

＜支出の部＞

科 目	前年度予算額	22年度予算額	増 減
手 数 料	2,000	2,000	0
通 信 費	5,000	5,000	0
消 耗 品 費	2,000	2,000	0
会 議 費	30,000	30,000	0
HPサーバー利用料	20,000	20,000	0
予 備 費	72,599	82,324	9,725
合 計	131,599	141,324	9,725

＜資料1＞

北海道サケネットワーク 2021年度 収支決算報告

《収入の部》

(単位:円)

科 目	予 算 額	決 算 額	摘 要
前 期 繰 越 金	91,599	91,599	
会 費	40,000	34,000	8団体
寄 附 金	0	18,600	HPサーバー利用料
雑 収 入	0	0	
合 計	131,599	144,199	

《支出の部》

科 目	予 算 額	決 算 額	摘 要
手 数 料	2,000	1,725	郵便振替
通 信 費	5,000	0	郵送料
消 耗 品 費	2,000	0	用紙・封筒事務用品
会 議 費	30,000	22,550	会場費等
HPサーバー利用料	20,000	18,600	
予 備 費	72,599	0	
合 計	131,599	42,875	

《次年度繰越金》 144,199－42,875＝101,324

2021年度 会計監査報告

北海道サケネットワークの、2021年度(2021年4月1日から2022年3月31日まで)の会務、並びに会計の収支決算報告書について、関係諸帳簿などを監査した結果、適正に執行・処理されていると認めます

2022 年 4 月 19 日

監 事

鈴木栄治 

監 事

佐藤信洋 

北海道サケネットワーク会員

	一 般 会 員	特 別 会 員
1	えにわ市民サケの会	北海道立総合研究機構さけます・内水面水産試験場
2	とかち帯広サケの会	水産研究・教育機構 水産資源研究所 さけます部門
3	大雪と石狩の自然を守る会	標津サーモン科学館
4	札幌サケ協議会	札幌市豊平川さけ科学館
5	丸水札幌中央水産株式会社	サケのふるさと 千歳水族館
6	高橋水産株式会社	北海道大学理学院
7	佐藤水産株式会社	北海道大学水産科学研究院
8	網走漁業協同組合	北海道栽培漁業振興公社
9	標津漁業協同組合	札幌市立東白石小学校
10	あさひかわサケの会	十勝エコロジーパーク財団
11		札幌市環境局みどりの推進部
12		岩手大学三陸水産研究センター
13		積丹町サクラマスサンクチュアリーセンター

北海道サケネットワーク役員

代 表	阿部 周一	北海道大学大学院・水産科学研究院
副 代 表	寺島 一男	大雪と石狩の自然を守る会
事務局長	高橋 壽一	札幌サケ協議会
幹 事	市村 政樹	標津サーモン科学館
幹 事	千葉 よう子	とかち・帯広サケの会
監 査	吉光 昇二	水産研究・教育機構・水産資源研究所
監 査	佐藤 信洋	札幌市豊平川さけ科学館
顧 問	浦野 明央	北海道大学・理学院
顧 問	河村 博	北海道立総合研究機構

編集後記 コロナ下で休刊状態に陥っていた会報であるが、久々に発行することができた。今号では、最近のサケ研究の動向を特集してみたのだがそのきっかけは科学技術振興機構の戦略的創造研究推進事業によって「先端技術で探るサケの回遊行動と生態」というプロジェクトが走っていたためであった。その成果の一端は今号でも紹介したのだが、それだけでは物足りず、つい内容をもっと充実させようと欲張ってしまい、今号の発行が大幅に遅れてしまった。お許しを乞う。（編集子）

サケネットワーク会報 No. 13

発行日 2023 年 9 月 30 日

編集・発行 浦野明央 akihisa_urano@s8.dion.ne.jp

事務局 札幌サケ協議会 高橋壽一

〒006-0839 札幌市手稲区

曙 9 条 1 丁目 10-25

Tel 090-1523-3278 Fax:011-681-4268

e-Mail: jaytaka@carrot.ocn.ne.jp

URL: http://salmon-network.org/public_html/
