

令和8年6月16日

国立研究開発法人 水産研究・教育機構  
東京大学大気海洋研究所  
北海道大学  
長野県諏訪湖環境研究センター  
Eastern Michigan University

## 知床半島のオショロコマに残る「過去の交雑」の痕跡を解明

—小規模集団で同属異種由来のミトコンドリア DNA が残っている仕組みを解析—

### ポイント

- ・知床半島に生息するオショロコマにおいて、別種である「イワナ」に由来するミトコンドリア DNA をもつ個体が 37 河川中 24 河川で確認されました。
- ・その由来は、現在進行中の交雑によるものではなく、過去の歴史的な交雑の痕跡であることがわかりました。
- ・「過去の交雑の痕跡」が現在まで残っている主な要因は、イワナ由来の DNA をもつ個体が生存に有利だったためではなく、小規模集団で働く「遺伝的浮動」によって維持されてきた可能性が高いことが示されました。

### 概要

水産研究・教育機構の山本祥一郎グループ長らの研究グループは、東京大学大気海洋研究所、北海道大学、長野県諏訪湖環境研究センター、Eastern Michigan University と共同で、北海道知床半島のオショロコマ (*Salvelinus curilus*) 集団に、現在その地域に定着していないイワナ (*Salvelinus leucomaenis*) 由来のミトコンドリア DNA が残っている仕組みを解析しました。東アジアの全分布域を対象とした DNA の地域差を比べる解析 (比較系統地理解析) と進化モデル解析の結果、この現象は過去の種間交雑の名残であることがわかりました。また、その痕跡が現在まで維持されてきたのは、小規模集団で働く「遺伝的浮動 (偶然による遺伝子頻度の変動)」による可能性が高いことが示されました。本研究は、自然界で起こった歴史的交雑の痕跡がどのよう

な条件で長く残りうるのかを示す成果であり、サケ科魚類の保全遺伝学にも新たな視点を与えるものです。

この研究成果は、2026年5月28日に、*Biological Journal of the Linnean Society* (DOI : 10.1093/biolinnean/blag026) にオンライン掲載されました。

論文名 : Tracing the origin and persistence of introgressive hybrids of two salmonid species, *Salvelinus curilus* and *S. leucomaenis*, in allopatric habitats

著者 : Shoichiro Yamamoto<sup>1</sup>, Shujuan Xia<sup>2</sup>, Kousei Fukuzawa<sup>2</sup>, Kentaro Morita<sup>2</sup>, Satoshi Kitano<sup>4</sup>, Masashi Sekino<sup>1</sup>, Yoshiyuki Umatani<sup>3</sup>, Uli Reinhardt<sup>5</sup>, Koji Maekawa<sup>3</sup>

所属 : 水産研究・教育機構<sup>1</sup>, 東京大学大気海洋研究所<sup>2</sup>, 北海道大学<sup>3</sup>, 長野県諏訪湖環境研究センター<sup>4</sup>, Eastern Michigan University<sup>5</sup>

## 問い合わせ先

(研究担当者)

国立研究開発法人 水産研究・教育機構 水産技術研究所 環境・基盤部門 沿岸生態システム部  
内水面グループ 山本祥一郎

E-mail: yamamoto\_shoichiro33@fra.go.jp

(広報担当者)

国立研究開発法人 水産研究・教育機構 本部経営企画部 広報課

E-mail: fra-pr@fra.go.jp

東京大学大気海洋研究所 附属共同利用・共同研究推進センター 広報戦略室

E-mail : kouhou@aori.u-tokyo.ac.jp

北海道大学社会共創部広報課

E-mail: jp-press@general.hokudai.ac.jp

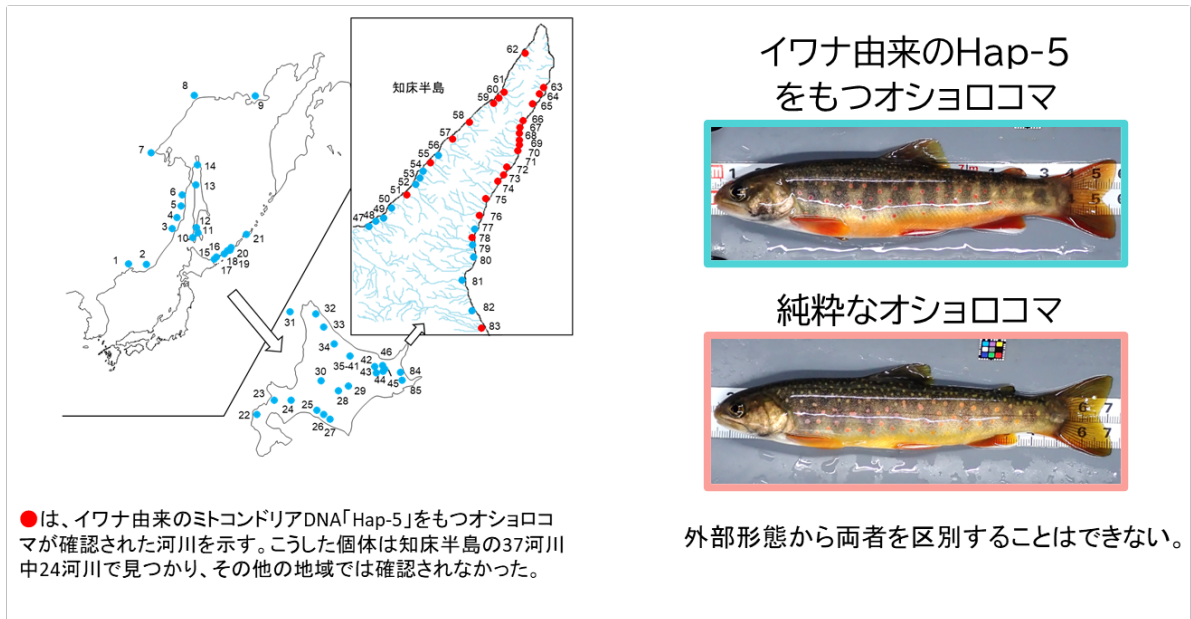
長野県諏訪湖環境研究センター総務部

E-mail: lskanken@pref.nagano.lg.jp

## 研究の背景

異なる種のあいだで交雑が起こり、その後の戻し交雑を通じて一方の種に他方の遺伝子の一部が取り込まれる現象は「遺伝子浸透」と呼ばれます。この現象は進化や生物地理を理解するうえで重要ですが、交雑の痕跡がなぜ長く残るのかについての仕組みは十分にわかっていませんでした。オショロコマとイワナは東アジアに広く分布する近縁なサケ科魚類ですが、知床半島では現在オショロコマが全河川に生息する一方、イワナは定着していません。それにもかかわらず、知床半島のオショロコマの一部にイワナ由来のミトコンドリア DNA が残っていることが、これまでの研究で示されてきました (Yamamoto et al. 2006)。

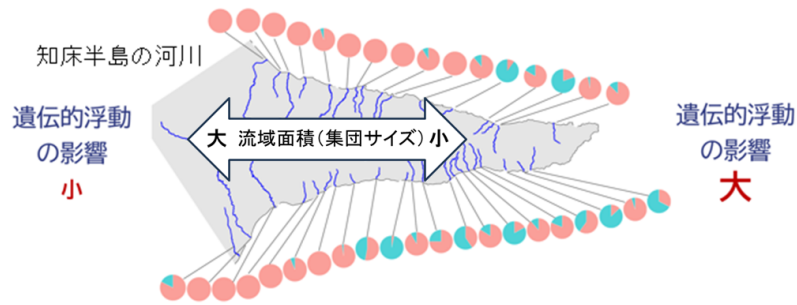
イワナ由来のミトコンドリアDNAをもつオショロコマは、知床半島の河川だけに確認された



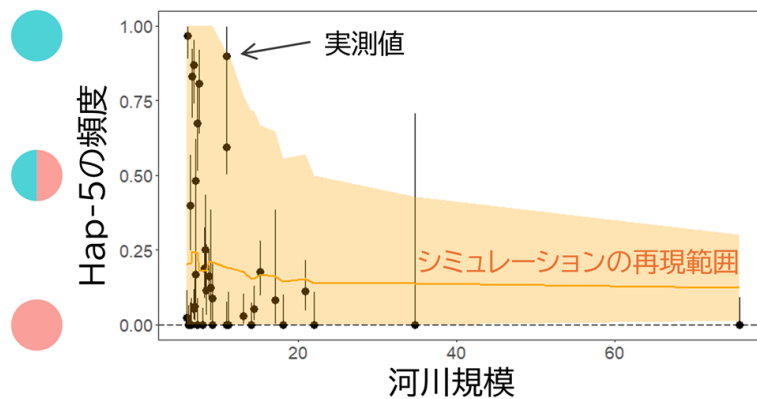
## 研究の内容・意義

研究グループは、オショロコマ 2,372 個体（74 河川・湖、85 地点）と、既報のイワナ 5,499 個体（127 河川・湖、285 地点）のミトコンドリア DNA データを用いて、両種の全分布域にわたる比較解析を行いました。その結果、知床半島のオショロコマからのみ特異なハプロタイプが見つかり、これがイワナのもつ DNA タイプ「Hap-5」と同一であることがわかりました。また、この「Hap-5」は知床半島周辺のイワナ集団からは見つからず、知床から離れた北海道中央部や本州北中部の限られた地域に不連続に確認されました。このことから、知床で見つかった「Hap-5」を持つオショロコマは、最近の交雑によって生じた第一世代雑種 ( $F_1$ ) である可能性は低く、過去にイワナが分布を広げた時期に起きた交雑の名残であると考えられます。

知床半島の先端部に位置する河川ほどイワナ型ミトコンドリアDNA「Hap-5」を持つオショロコマの頻度が高い



シミュレーションの結果は、小さな集団ほど交雑の痕跡が残りやすいことを示した



シミュレーションにより、河川規模(集団サイズ)が小さいほど、イワナ由来のDNAをもつ個体の割合の変動幅が大きくなり、固定や消失が起こりやすいことが示された。自然選択によって不利な条件を加えた場合でも、小さな集団では偶然の効果(遺传的浮動)によって交雑の痕跡が複数世代にわたり残りうることを示された。

さらに研究グループは、知床半島の37集団を対象に、Wright-Fisherモデルに基づくシミュレーションを行い、交雑由来個体の頻度分布が「遺传的浮動」だけで説明できるのか、それとも「自然選択」も必要なのかを検証しました。解析の結果、観察された頻度分布は遺传的浮動だけでも十分に説明できることがわかりました。生存に不利に働く自然選択(負の自然選択)を加えたモデルの当てはまりはわずかに良かったものの、その効果は限定的でした。つまり、交雑由来個体は生存に有利だったために残ったというより、小規模集団で働く偶然の効果(遺传的浮動)によって複数世代にわたり維持された可能性が高いと考えられました。

## 今後の予定・期待

本研究は、知床半島という小規模河川が高密度に分布する特徴的な環境において、歴史的な種間交雑の痕跡がどのように維持されてきたのかを、分布情報と理論モデルの両面から明らかにした点に意義があります。特に、「小さな河川ほど交雑由来個体の頻度のばらつきが大きくなる」という結果は、集団サイズが小さいほど遺传的浮動の効果が強まり、交雑の痕跡を残しやすいことを示しています。こうした知見は、交雑を通じた生物種の進化や種分化の理解に重要な示唆を

与えるとともに、外来魚との交雑や遺伝的攪乱が問題となるサケ科魚類の保全・管理においても、将来の予測やモニタリングに役立つものと期待されます。

本研究は、科学研究費助成事業（科研費）（課題番号：16K07884, 21K05761）の助成を受けて実施されました。

## 用語の解説

- \* 1 遺伝的浮動：個体数の少ない集団で、偶然によって遺伝子頻度の変動する現象。
- \* 2 戻し交雑：異なる種の中に生じた雑種が、親のどちらかの種と再び交雑すること。
- \* 3 遺伝子浸透：異なる種の交雑後、戻し交雑によって片方の種に他方の遺伝子の一部が取り込まれる現象。
- \* 4 ハプロタイプ：DNA 配列の型。ミトコンドリア DNA は母から子へ受け継がれるため、その型を比べることで母系の由来をたどることができる。