

## 琵琶湖固有ピワマスを新種として記載する保全学的研究

桑原雅之

滋賀県

共同研究者(文責):藤岡康弘・田畑諒一・桑原雅之・中坊徹次

### 1. 目的

琵琶湖に生息し美味であるサケ科魚類のピワマスは、古来、重要な漁業資源となってきた琵琶湖を代表する魚で、その資源を維持するため、産卵期の禁漁などの保護対策と併せて、サケと同様に明治初期に人工ふ化と種苗生産技術が導入され、種苗の放流などの積極的な資源維持対策が長く行われてきた。一方、日本に固有のアマゴとピワマスは、日本および近海に分布するヤマメ(降海型はサクラマス)と合わせてサクラマス群と呼ばれ、これら3種類の形態や生態が極めて類似していることが知られている。このような中、ピワマスの分類学的な位置づけは、長らく西日本に広く分布するアマゴの降海型(サツキマス)と同種であると考えられ、アマゴとピワマスは同一の学名が適用されてきた(大島, 1929, 1940, 1957 など)。しかし、1970年代後半からピワマスとアマゴの比較研究が進み、両者の形態や生態・生理などに違いが見いだされてきた(加藤, 1973, 1978a, b, 1987; 藤岡, 1987, 1988; Fujioka & Fushiki, 1989 など)。

このような中、Kimura(1990)はサクラマス群の学名について模式標本などを精査し、ピワマスについては該当する学名がないことを明らかにした。近年、サクラマス群の遺伝子の塩基配列の比較が行われるようになると、サクラマス群の中でピワマスの塩基配列の違いが大きく、アマゴやヤマメとは早期に分化したことが明らかにされ(Oohara & Okazaki, 1996; Tabata et al., 2016 など)、これまでアマゴと同種と考えられてきたピワマスが、サケ属の別種と考えられるようになってきている。

一方、ピワマスの生息する琵琶湖の流入河川上流部にはアマゴが自然分布するとされ、ピワマスはアマゴの生息域まで遡上しないことから出会うことが無く共存可能と考えられてきた。しかし、桑原・井口(2007)はピワマスがアマゴの生息域まで遡上し、同所的に繁殖している可能性を示唆した。加えて、Kuwahara et al.(2019)は AFLP 法による核ゲノムの分析から、多くのアマゴ個体群からピワマス型のゲノムが検出され、その中には在来アマゴとの交雑個体と考えられるものが含まれることも報告している。その一方、湖内で捕獲されるピワマスへのアマゴの遺伝子浸透はごくわずかで、独立性を保っていることも報告している。

以上の状況から、ピワマスは独立種であると考えられるものの現在のところ学名不詳の状況にある。琵琶湖固有で湖のシンボルフィッシュであるピワマスは学名が与えられていない新種の可能性が強く、命名するための基礎的なデータを得ることを目的にして本研究を実施した。本研究はピワマスを保全対象として認識するために重要である。

## 2. 材料および方法

本研究を実施するため、ビワマスおよびアマゴ（サツキマス）、ヤマメ（サクラマス）の採集を以下の通り行った（表1）。ビワマス49個体のうち21個体については、琵琶湖沖合において2020年1月から2月に船上からのルアーを用いたトローリングにより釣獲した。さらに、2022年2月25日および3月20日に琵琶湖沖合の水深50mの湖底で沖曳網により捕獲したものをを用いた。アマゴ33個体は、2021年8月3・4日に和歌山県古座川町の古座川の源流部ゲンタ谷において釣りにより捕獲した。また、アマゴの降海型であるサツキマス11個体は徳島県の吉野川下流で2021年6月3日および2022年6月24・25日に釣りにより捕獲した。ヤマメ20個体は、2021年10月7日に富山県富山市の神通川の支流熊野川の源流部榎ヶ原川においてエレクトロフィッシャーを用いて捕獲した。採集した標本魚は冷蔵保存して持ち帰り、その後実験室で-20℃で冷凍保存した（表1：詳細は2021年度の間接報告に記載）。

各標本魚は、解凍後に直ちに体色・朱点の有無やその数などを観察記録し写真撮影を行った。右体側の背鰭と側線の間部の鱗約20枚を採取して清水で洗った後、スライドグラス2枚に挟み込んで固定し計測のための標本とした。さらに、右腹鰭の一部を採取し100%濃度のエタノールに保存して交雑の有無等を解析するためのDNA分析に用いた。その後、標本魚は10%ホルマリンで約2か月間固定した後に、実体顕微鏡下で12の計数形質（表2）の計数を行うとともに、ノギス等を用いて23の外部形質（表3）の測定を実施した。なお、脊椎骨数の計数は軟X線撮影装置を用いて行った。また、鱗の計測は各個体10枚を万能投影機で50倍に拡大し、加藤(1978a)の方法に従って鱗長、鱗幅の測定と基部と頂部の隆起線を計数した（表4）。

腹鰭からのDNAの抽出には、DNeasy Blood & Tissue Kit (Qiagen) もしくは QIAamp DNA Micro Kit (Qiagen) を用いた。抽出したDNAに対して、改良版 MIG-seq 法 (Suyama & Matsuki, 2015; Watanabe et al. 2020) と小型次世代シーケンサー (Miseq) を用いたゲノムワイドな配列データの取得と、Stacks (Catchen et al., 2011) を用いた一塩基多型 (SNPs) 情報の抽出を試みた。Stacks のパラメーター設定は、Watanabe et al. (2020) および Onuki & Fuke (2022) に基づいた。SNPs 情報を基に、クラスター分析 (ADMIXTURE; Alexander et al., 2009) を行い、各標本魚のDNAから交雑個体の有無を確認し、もし交雑が疑われる個体があれば、本研究から除外することとした。

## 2. 結果

### DNA 分析による標本魚の交雑の有無

今回DNA分析を行った235個体の内、179個体からSNPsデータが得られ、ADMIXTUREによるクラスター分析ができた（図1）。その結果、今回解析が完了できた個体については、交雑個体が見られなかった。

ただし、一部の個体では、PCRによるDNAの増幅が不十分だったためか、データ量が不足し、クラスター分析ができなかった。また、クラスター分析は完了したが、ミッシングデータが多かったため、見かけ上サツキマスが2集団に分かれたり、サクラマスの中にサツキマスが現れたり（図1；K=4のサクラマスの一部）しているように見受けられるが、本研究では、概観からは交雑を疑われる個体は元々含まれておらず、実際遺伝分析済みの

個体の中からは交雑を疑われる個体が見つからなかった。そのため、分析ができなかった個体にも概観から交雑を疑われる個体は含まれていなかったことから、交雑個体はいないと判断して、以降の形態分析を進めた。

### 標本魚のサイズと性別

標本魚の標準体長(mm)と性別は、ビワマスでは 95.3-380mm で雌が 20 個体、雄が 29 個体であった。アマゴ(サツキマス)は 99.6-360mm で雌が 25 個体、雄が 19 個体であった。また、ヤマメは 92.2-190.2mm で雌が 2 個体、雄が 18 個体であった。

### 計数形質の比較

背鰭条数など 12 形質について計数した結果を表 5 に示した。3 種の背鰭条数は、11-15 の範囲にあったが、胸鰭条数は 11-16 でビワマスが 11-15 と若干少ない傾向が見られた。腹鰭条数は、ビワマスが全て 9 で変異がなく、アマゴとヤマメでは 9-11 までの変異が見られた。臀鰭条数は、ビワマスとアマゴが 11-14 であったが、ヤマメは 13-15 と多い傾向を示した。有孔側線鱗数は、3 種間で重なりが認められた。側線上方鱗数は、ビワマスとアマゴ・ヤマメ間に差が見られ、ビワマスが少なかった。側線下方鱗数は重なりがあるもののビワマスが他 2 種より少ない傾向を示した。鰓耙数および脊椎骨数は 3 種で差がなかった。幽門垂数は、3 種で重なりがあるもののビワマスが他の 2 種より多い傾向を示した。鰓条骨数には 3 種間で差はなかった。朱点数は、アマゴ(サツキマス)では 1 個体に朱点のない個体が認められたが、他の 43 個体には 2-46 個が見られた。ヤマメでは全個体に朱点はなかった。ビワマスは 220mm 未満の個体に 1-15 個の朱点があったが、220mm 以上の個体に朱点はなかった(図 2)。

### 形態の比較

各標本魚の標準体長と外部形態 13 形質の相対成長を図 3 に示した。これらの中でビワマスとアマゴ(サツキマス)・ヤマメ間で差異が見られるのは、頭長(図 3-3)、体幅(図 3-6)、吻長(図 3-7)、上顎長(図 3-8)、眼径(図 3-9)、両眼間隔(図 3-10)、尾柄高(図 3-13)で、これらの中で眼径および両眼間隔は 200mm 以下の小型魚では差が見られない。また、尾柄高は 200mm 以上の大型魚では差が見られない。アマゴ(サツキマス)とヤマメ間では、体高(図 3-5)と眼径(図 3-9)で差が見られた。

次に、標準体長と各鰭の長さとの相対成長を図 4 に示した。これらの中でビワマスとアマゴ(サツキマス)・ヤマメ間で差異が見られるのは、最背鰭長(図 4-4)と最臀鰭長(図 4-5)で、ビワマスが他の 2 種より短い傾向を示したが、300mm 以上の個体ではその差が見られなかった。

背部にある黒点長径は、3 種間で明らかにビワマスが大きく、アマゴ(サツキマス)とヤマメ間には差異が見られなかった(図 5)。さらに、鱗の各形質は、鱗長と鱗幅は 3 種間で明らかにビワマスが大きく、アマゴ(サツキマス)とヤマメ間では差異が見られなかった(図 6-1,2)。また、基部隆起線数と頂部隆起線数は、ビワマスが他の 2 種より明らかに多かった(図 6-3,4)。アマゴ(サツキマス)とヤマメ間では、完走鱗紋数の割合以外の形質では差がなかったが、完走鱗紋数の割合はアマゴ(サツキマス)よりヤマメでは小さかった(図 6-5)。

### 3. 考察

**ビワマス分類の経過** 琵琶湖に自然分布する唯一のサケ科魚であるビワマスは、これまでアマゴと同一種でその湖沼型として認識され、学名として *Oncorhynchus rhodurus* が適用されてきた経緯がある（大島,1929,1940,1957 など；岡田・松原,1943；中村,1963）。その後、加藤（1973, 1978a,b, 1987）のアマゴとビワマス間には幽門垂数、上下横列鱗数および鱗の隆起線が頂部でも連続する特徴などの報告から、荒賀（1984）や阿部（1987）、あるいは阿部・落合（1989）は、ビワマスはアマゴとは別亜種とし、学名として *O.m.rhodurus*（荒賀,1988；阿部,1987；阿部・落合,1989）や *Salmo (O).m.macrostomus*（宮地・川那部・水野,1982）、あるいは *Salmo (O).m.ishikawai*（古川,1989）が用いられてきた。

さらに、近年の遺伝子分析の手法が魚にも適用されると、Oohara & Okazaki (1996)は、日本のサクラマス群3種の mtDNA の ATPase6 と ND4L の配列を比較し、2162bp のうち 24bp で変異があり、サクラマスはアマゴと類似した配列を示したが、ビワマスは大きく異なっていることを初めて明らかにし、この結果からビワマスがサクラマス群の祖先から 50 万年前に分岐したものと推定した。さらに、手賀・谷口（2012）は核ゲノムにあるマイクロサテライト DNA マーカーを使いアマゴ（サツキマス）の 4 河川集団とビワマス进行分析し、ビワマスが高い遺伝子分化指数 ( $F_{st}=0.078$ ) を示しアマゴ（サツキマス）集団とは離れた位置にクラスターを形成すること、および交雑の証拠がないことを述べている。また、Yamamoto et. al.(2019)は、台湾のタイワンマスを含むサクラマス群 55 個体群の mtDNA の cyt-b と ND-5 の塩基配列を比較して 13 遺伝子座で変異を検出し、ビワマス以外には顕著な地域的亜種特異的な mtDNA のハプロタイプは認められなかったとし、ビワマス以外では弱い個体群構造と浅い遺伝的分化であると報告している。同様に cyt-b の全塩基配列を分析比較した Iwatsuki et. al.(2019)および岩槻ら（2020）は、サクラマス群が大きく 6 つのグループに分けられ、ビワマスがその中でもアマゴやヤマメなどより塩基置換数の多い別グループに分けられることを示している。

このように様々な学名が用いられる中で、ヤマメやアマゴの模式標本を直接検討した Kimura (1990) は、*S.macrostoma* は *O.masou* の同種異名であり、*O.ishikawae* はアマゴ（サツキマス）に該当し、さらに *O.rhodurus* は *O.masou* あるいは *O.ishikawae* の同種異名であることを解明して学名としては、*O.masou masou* にはヤマメ（サクラマス）、*O.masou ishikawai* にはアマゴ（サツキマス）が適当であり、ビワマスには該当する学名がないことを報告した。上記のように、サクラマス群の中でビワマスの計数形質や遺伝子の塩基配列の違いが明らかになり、最近ではビワマスがサクラマス群の中で亜種ではなく独立種として扱うのが妥当だと考えられてきており、その学名については、*O.sp.*（細谷,2013；川瀬,2015；藤岡,2022）が用いられ、種の学名がつけられていない。このように琵琶湖に生息するビワマスの分類については様々な経過を辿って今日に至っているが、これまでビワマスが新種として学名が正式に与えられることはなかった。

**ビワマスとアマゴ（サツキマス）・ヤマメの形態的差異** 本研究に使用したビワマス 49 個体の核遺伝子の分析から、琵琶湖水系に生息するアマゴとの交雑は確認されなかったことから、ビワマスがアマゴとは独立した集団として存在していることが明らかとなった。本研究の計数形質の比較結果から、ビワマスは側線上方横列鱗数がアマゴ（サツキマス）・ヤマメより少ないこと、および幽門垂数が少ない傾向にあることが示された。この 2 形質

の差異については加藤（1973）の報告と一致している。次に、体側に見られる朱点については、これまでヤマメ（サクラマス）とアマゴ（サツキマス）・ビワマスに分ける分類形質の1つとなってきたが（大島,1940；岡田・松原,1943；阿部・落合,1989など）、本研究で用いたサツキマス1個体に朱点はなかったこと、およびビワマスでは220mm以上の個体で朱点がないことから、朱点の有無はサクラマス群の分類形質にはならないと考えられる。この点で岩槻ら（2020）は、*cyt-b*の全塩基配列からタイワンマスを含むサクラマス群4種を数グループに分け、1つのグループではアマゴとヤマメが朱点では区別できないことを指摘している。さらに、ビワマスは塩基置換数が多く1つの独立したグループを形成することを明らかにしている。

本研究で比較した3種間の相対成長にビワマスとアマゴ（サツキマス）・ヤマメ間で多くの形質で差異が見出された。それらの中で特に大きな差異は、頭長、体幅、吻長および上顎長であった。また、標準体長200mm以下の小型個体では顕著ではなかったが、成長するに従い眼径および両眼間隔で差異が大きくなった。これらの結果は、体幅、吻長および上顎長がサクラマス群内でビワマスに分けるための分類形質になることを示している。藤岡（1988）は、飼育したビワマスとアマゴ間で眼径に差異がありビワマスの眼が大きいことをすでに指摘している。荒賀（1988）が指摘しているように、一般的に、ビワマスとアマゴ・ヤマメの外観を比較した場合、ビワマスの頭部形態の違いが大きい印象を与えるが、これは本研究で明らかになったアマゴ（サツキマス）・ヤマメに対してビワマスの頭長、吻長、上顎長が小さく、逆に眼径が大きいという頭部の特徴が反映されているものと考えられる。

上記のビワマスにおける外部形態の差異に加えて、背部に散在する黒点の大きさがビワマスで大きい特徴が明らかとなった（図6）。この違いを指摘した研究は、この報告が初めてである。

サクラマス群の3種の鱗相については、これまで大島（1929,1957）、大野・安藤（1931）、川嶋・鈴木（1968）および加藤（1978）の報告があり、形や隆起線の完走状態の違いが指摘されてきた。本研究においても同様な違いのあることが確認できた。しかし、本研究から標準体長200mm以下の小型個体では、頂部隆起線数を除き多くの形質が3種間で重なることから、小型個体の分類には適応できない可能性がある。しかし、ビワマスではアマゴ（サツキマス）・ヤマメに比較して頂部隆起線が多く形成される点で、分類形質になる可能性があると考えられる。

以上をまとめると、ビワマスをアマゴ（サツキマス）およびヤマメから分類する形質としてこれまでに指摘されてきた側線上方横列鱗数や眼径、幽門垂数、鱗の頂部隆起線数に加えて、本研究で明らかになった頭長、体幅、吻長、上顎長および体背部の黒点長径が分類形質として有効であると考えられた。今後、これらの結果を踏まえてビワマスを新種として命名する記載論文を用意する予定である。

#### 4. 謝辞

本研究を実施するにあたり、研究を支援していただいたタカラ・ハーモニストファンズに感謝申し上げます。また、本研究のための標本魚の収集に協力していただいた富山県農林水産技術センターの田子泰彦所長、南条暢聡氏、野村幸司氏、古座川七川漁業協同組合

の中田義和組合長、和歌山県水産試験場の高橋芳明氏、自然写真家の内山りゅう氏、元水資源機構理事の柳川晃氏、元福井県内水面総合センター長の岩谷芳自氏、サクラマスレストレーション代表の安田龍司氏、福井県漁業協同組合連合会の松浦高久氏、岐阜市の大橋亮一氏と大橋修氏、近江八幡市の川田義光氏、北海道の土谷弘氏、徳島県の松浦鮎人氏に深く感謝します。さらに、研究を絶えず後押し励まして下さった大阪市の（故）吉安克彦氏、名古屋市の（故）近藤仁氏にお礼を申し上げます。また、標本の測定・保存あるいはDNA分析に協力していただいた滋賀県立琵琶湖博物館の川瀬成吾氏ならびに京都大学大学院理学研究科（現所属：国立遺伝学研究所）の福家悠介氏にお礼を申し上げます。

## 5. 文献

- 阿部宗明（1987）サケ目サケ科．原色魚類大圖鑑．北隆館：190-191.
- 阿部宗明・落合明（1989）さけ科．原色魚類検索図鑑 III，北隆館：80-81.
- 荒賀忠一（1988）サケ目サケ科．日本産魚類大図鑑．（編）益岡一・尼岡邦夫・上野輝彌，東海大学出版会：38-39.
- 藤岡康弘（1987）ビワマスのパー・スモルト変態．日水誌，53(2):253-260.
- 藤岡康弘（1988）ビワマスとアマゴの成長ならびにパー・スモルト変態に伴う外部形態の変化．日水誌，54(1):77-86.
- Fujioka Y. and S. Fushiki（1989）Seasonal changes in hypoosmoregulatory ability of biwa salmon *Oncorhynchus rhodurus* and amago salmon *O. rhodurus*. Nippon Suisan Gakkaishi, 55(11): 1885-1892.
- 藤岡康弘（2022）サクラマス種群．日本魚類館，小学館：139-141.
- 細谷和海（2013）サケ科．（編）中坊徹次．日本産魚類検索 第3版，第2版，東海大学出版会：362-367.
- 古川哲夫（1989）ビワマス．日本の淡水魚，（編・監修）川那部浩哉，山と溪谷社：180-181.
- Iwatsuki, Y., T. Ineno, F. Tanaka and K. Tanahara（2019）The southernmost population of *Oncorhynchus masou masou* from Kyushu Island, Japan and gross genetic structure of the *O. masou* complex from the northwestern Pacific. Pages 101-118 in J.-C. Gwo, Y.-T. Shieh and C. P. Burrige eds. The proceedings of International Symposium on the 100<sup>th</sup> Anniversary of the discovery of the Formosa landlocked salmon. Natl. Taiwan Mus. Press.
- 岩槻幸雄・田中文也・稲野俊直・関伸吾・川嶋尚正（2020）サクラマス類似群4亜種における Cytochrome *b* 全領域(1141 bp)解析による6つの遺伝グループの生物的特性と地理的遺伝系統．Nature of Kagoshima 47: 5-16.
- 加藤文男（1973）伊勢湾で獲れたアマゴの降海型について．魚類学雑誌，20(2): 107-107-112.
- 加藤文男（1978a）降海型アマゴの鱗相について．魚類学雑誌，25(1):51-57.
- 加藤文男（1978b）琵琶湖水系に生息するアマゴとビワマスについて．魚類学雑誌，25(3): 197-204.
- 加藤文男（1987）サクラマス群3種のスモルトの形態と *Oncorhynchus ishikawai*. 福井市立郷土自然科学博物館研究報告，34: 105-113.
- 川瀬成吾（2015）ビワマス．日本の淡水魚，（編）細谷和海，山と溪谷社：252-253.
- 川嶋和雄・鈴木亮（1968）日本産サケ属魚類2,3種における鱗相の比較研究．淡水研報

18(1): 49-59.

- Kimura, S (1990) On the type specimens of *Salmo macrostoma*, *Oncorhynchus ishikawae* and *O. rhodurus*, Bull Inst Zool, Academia Sinica, 1-16.
- 桑原雅之・井口恵一朗 (2007) ビワマスにおける早期遡上群の存在. 魚類学雑誌, 54(1): 15-20.
- Kuwahara M., H. Takahashi, T. Kikko, S. Kurumi, and K. Iguchi (2019) Trace of outbreeding between biwa salmon (*Oncorhynchus masou* subsp.) and amago (*O. ishikawae*) detected from the upper reaches of inlet streams within Lake Biwa water system, Japan. Ichthyol. Res. 66: 67-78.
- 岡田彌一郎・松原喜代松 (1943) サケ科 Salmonidae 属の検索表. 日本産魚類検索, 第2版, 三省堂: 44-45.
- 宮地傳三郎・川那部浩哉・水野信彦 (1982) ビワマス. 原色日本淡水魚類図鑑, 保育社: 86-87.
- 中村守純 (1963) サケ目サケ科. 原色淡水魚類検索図鑑, 北隆館: 38, 90-97.
- Onuki, K., & Fuke, Y. (2022). Rediscovery of a native freshwater shrimp, *Neocaridina denticulata*, and expansion of an invasive species in and around Lake Biwa, Japan: genetic and morphological approach. Conservation Genetics, 23(5), 967-980.
- Oohara I and T. Okazaki (1996) Genetic relationship among three subspecies of *Oncorhynchus masou* determined by mitochondrial DNA sequence analysis. Zoo. Sci., 13: 189-198.
- 大野磯吉・安藤寿三郎 (1931) 鮭属魚類の鱗の観察. 水産学雑誌 34:14-23.
- 大島正満 (1929) ヤマメおよびアマゴの系統並びに生活史に関する2、3の知見. 自然科学, 4(1):129-150.
- 大島正満 (1940) サケ属. 脊椎動物体系 魚. 三省堂: 236-255.
- 大島正満 (1957) 桜鱒と琵琶鱒. 楡書房, 79pp.
- 手賀太郎・谷口順彦 (2012) サツキマス (アマゴ) およびビワマスの遺伝的多様性評価および遺伝的類縁関係. 水産育種, 41: 51-61.
- Suyama, Y., & Matsuki, Y. (2015). MIG-seq: an effective PCR-based method for genome-wide single-nucleotide polymorphism genotyping using the next-generation sequencing platform. Scientific reports, 5(1), 16963.
- Tabata R., R. Kakioka, K. Tominaga, T. Komiya, K. Watanabe. (2016) Phylogeny and historical demography of endemic fishes in Lake Biwa: the ancient lake as a promoter of evolution and diversification of freshwater fishes in western Japan. Ecology and Evolution 2016; 6(8): 2601-2623.
- Yamamoto S., K. Morita, T. Kikko, K. Kawamura, S. Sato and J. Gow (2019) Phylogeography of a salmonid fish, masu salmon *Oncorhynchus masou* subspecies-complex, with disjunct distributions across the temperate northern Pacific. Freshwater Bio., 65: 698-715.
- Watanabe, K., R. Tabata, J. Nakajima, M. Kobayakawa, M. Matsuda, K. Takaku, K. Hosoya, K. Ohara, M. Takagi, N.-H. Jang-Liaw (2020) Large-scale hybridization of Japanese populations of Hinamoroko, *Aphyocypris chinensis*, with *A. kikuchii* introduced from Taiwan. Ichthyol. Res. 67: 361-374. Doi:10.1007/s10228-019-00730-9

表 1. 本研究で収集して形態を比較した標本魚

和名	採集地	採集方法	個体数
ビワマス	琵琶湖（滋賀県）	釣り、および沖曳網	49
アマゴ（サツキマス）	アマゴ：古座川ゲンダ谷（和歌山県） サツキマス：吉野川（徳島県）	釣り	アマゴ：33, サツキマス:11 (合計44)
ヤマメ	神通川 榎ヶ原川（富山県）	エレクトリックショックカー	20

表2. 標本比較のための計数形質の測定部位

No.	記号	計数部位	英名
1	D	背鰭条数	Dorsal fin rays
2	P1	胸鰭条数	Pectoral fin
3	P2	腹鰭条数	Pelvic fin
4	A	臀鰭条数	Anal fin
5	LLp	側線有孔鱗数	Lateral line scals
6	Tra	側線上方横列鱗数	Transverse scals above lateral line
7	TRb	側線下方横列鱗数	Transverse scals below lateral line
8	GR	鰓耙数（第一鰓弓）	Gill-rakers on first arch
9	VN	脊椎骨数	Vertebrate
10	PC	幽門垂数	Pyloric caeca
11	CRS	鰓条骨数	Branchiostegals
12	RS	朱点数（左体側）	Red spots

表3. 標本比較のための形態等の測定観察部位

No.	記号	部位	英名
1	TL	全長	Total length
2	FL	尾又長	Fork length
3	SL	標準体長	Standard length
4	POBL	眼後体長	Postorbital body length
5	PDL	背鰭前長	Predorsal length
6	HL	頭長	Head length
7	POHL	眼後頭長	Postorbital head length
8	BD	体高	Body depth
9	BW	体幅	Body width
10	SnL	吻長	Snout length
11	UJL	上顎長	Upper jaw length
12	ED	眼径	Eye diameter
13	IOW	両眼間隔	Interorbital width
14	POL	眼後長	Postorbital length
15	CPL	尾柄長	Caudal peduncle length
16	CPD	尾柄高	Caudal peduncle depth
17	P1FL	胸鰭長	Pectoral fin length
18	P2FL	腹鰭長	Pelvic fin length
19	CFL	尾鰭長	Caudal fin length
20	Longest DL	最背鰭長	Longest dorsal fin length
21	Longest AL	最尻鰭長	Longest anal fin length
22	BDS	黒点長径	Long axis of black spots
23	Sex	性別	Sex

表4. 鱗の計測部位

計測部位	英名	計測枚数
鱗長	Scale length	10
鱗幅	Scale radius	10
基部隆起線数 (NRB)	Number of ridges on basal areas	10
頂部隆起線数 (NRA)	Number of ridges on apical areas	10
完走鱗紋数の割合(NRA*100/NRB)	% of NRA for NRB	10

表5. ビワマス・アマゴおよびヤマメの計数形質（値は最小値-最大値を示す）

No.	記号	計数部位	ビワマス	アマゴ	ヤマメ
1	D	背鰭条数	11 - 14	12 - 15	13 - 14
2	P1	胸鰭条数	11 - 15	13 - 16	14 - 16
3	P2	腹鰭条数	9	9 - 11	9 - 10
4	A	臀鰭条数	11 - 14	11 - 14	13 - 15
5	LLp	側線有孔鱗数	123 - 147	110 - 145	121 - 139
6	Tra	側線上方横列鱗数	19 - 26	27 - 36	28 - 35
7	TRb	側線下方横列鱗数	21 - 35	24 - 37	27 - 34
8	GR	鰓耙数（第一鰓弓）	17 - 22	17 - 23	18 - 21
9	VN	脊椎骨数	63 - 66	64 - 67	62 - 67
10	PC	幽門垂数	41 - 67	28 - 49	32 - 56
11	CRS	鰓条骨数	11 - 14	11 - 14	13 - 14
12	RS	朱点数（左体側）	0 - 15	0 - 46	0

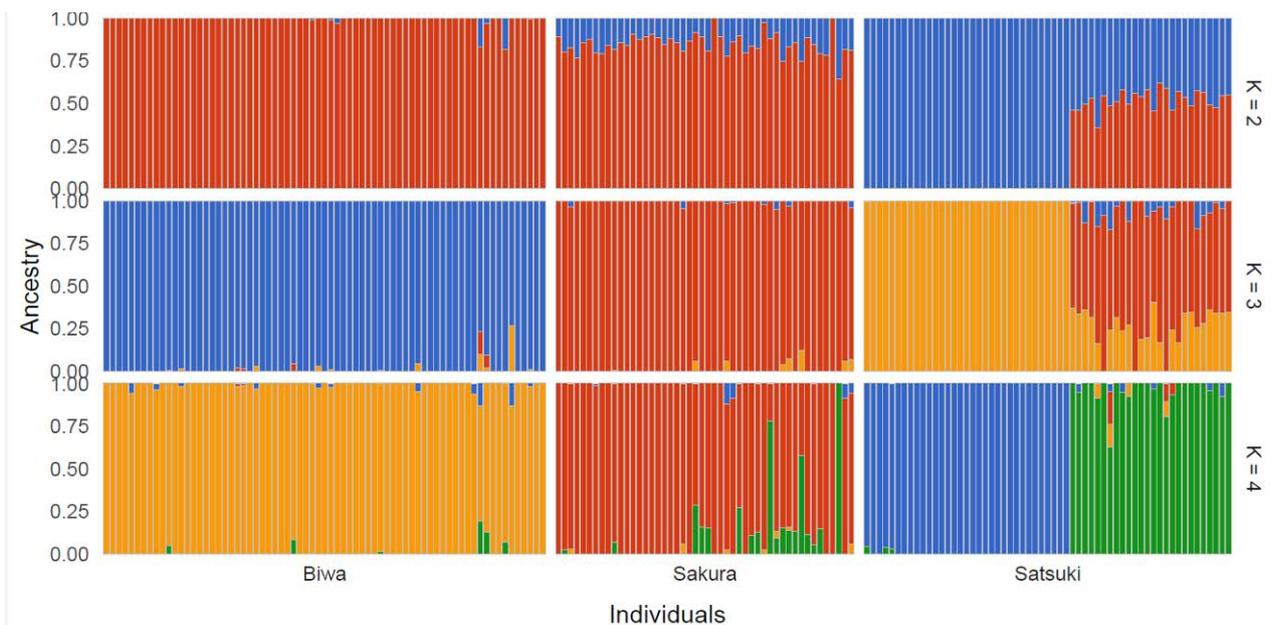


図 1. ビワマス、サクラマス、サツキマスの MIG-seq 法によって得られた SNPs データに基づくクラスター分析の結果。1本のバーが1個体、色がその遺伝的グループに属するかを示す。

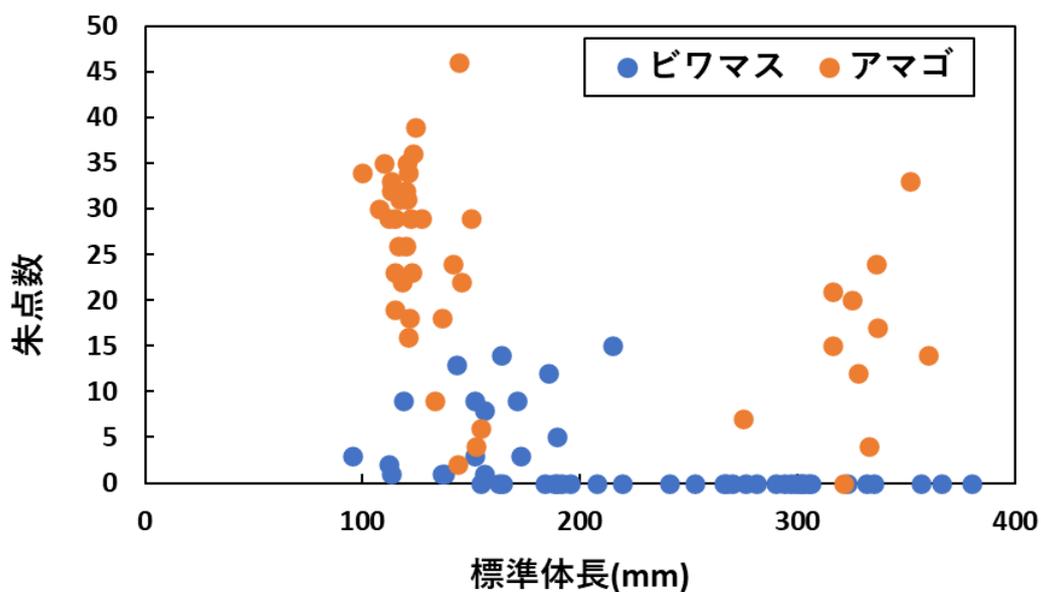
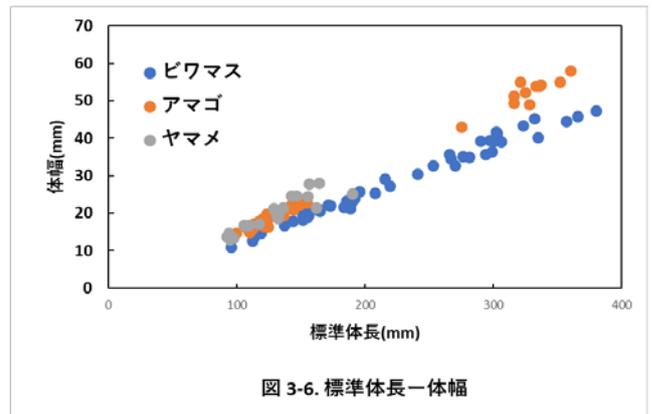
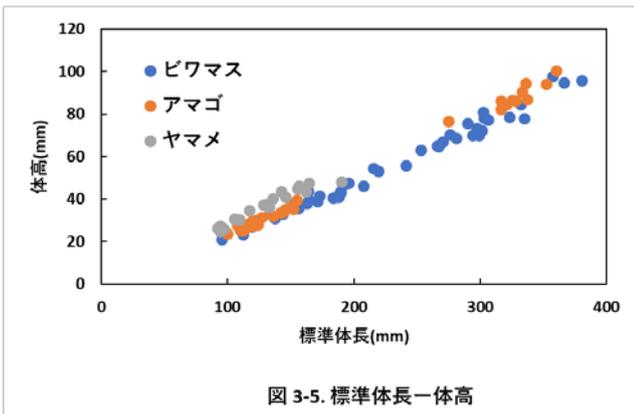
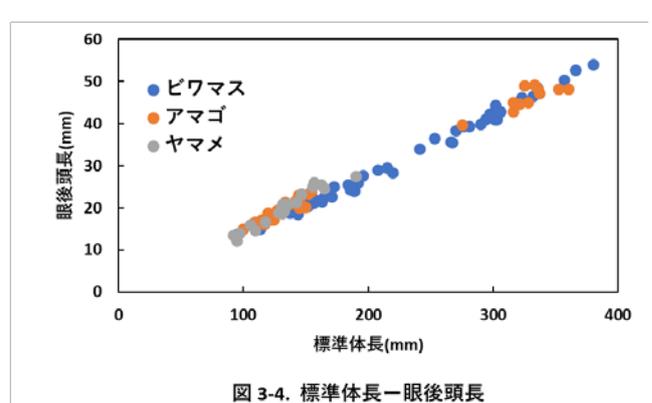
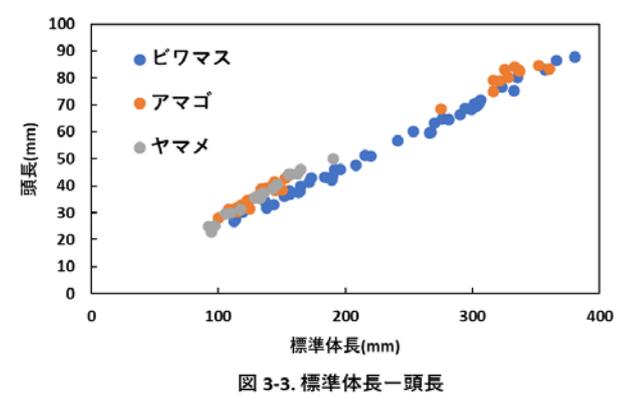
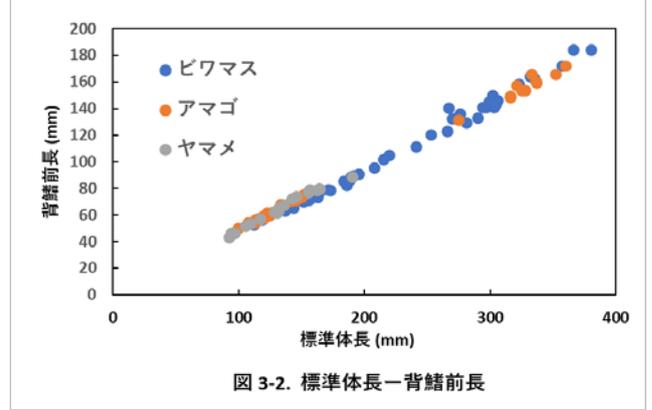
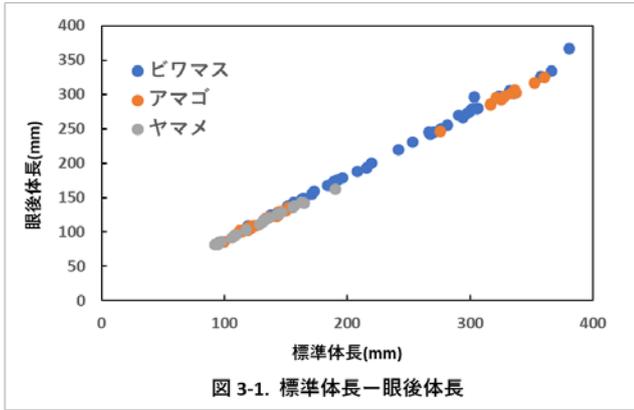


図 2. ビワマスとアマゴの朱点数と体長の関係



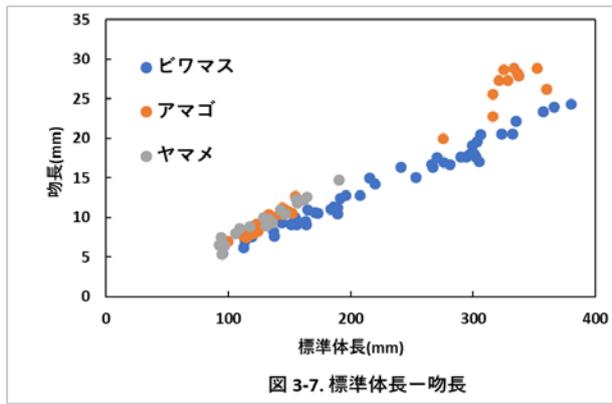


図 3-7. 標準体長—吻長

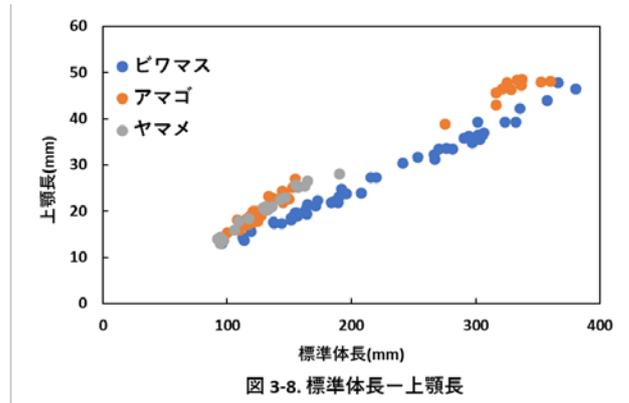


図 3-8. 標準体長—上顎長

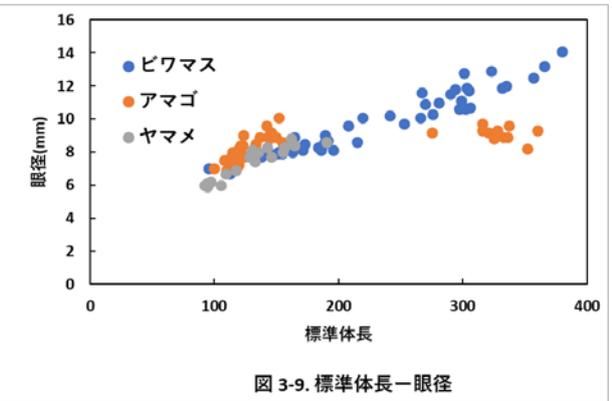


図 3-9. 標準体長—眼径

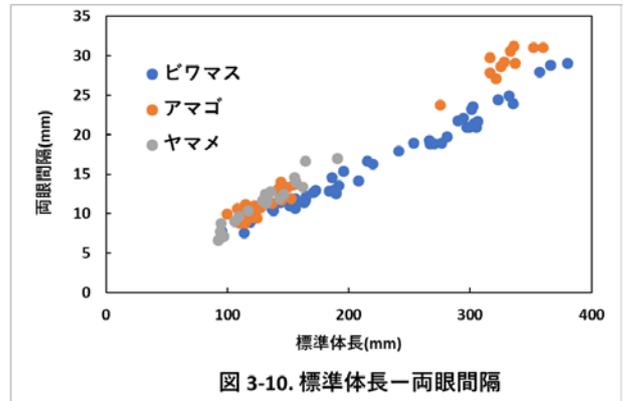


図 3-10. 標準体長—両眼間隔

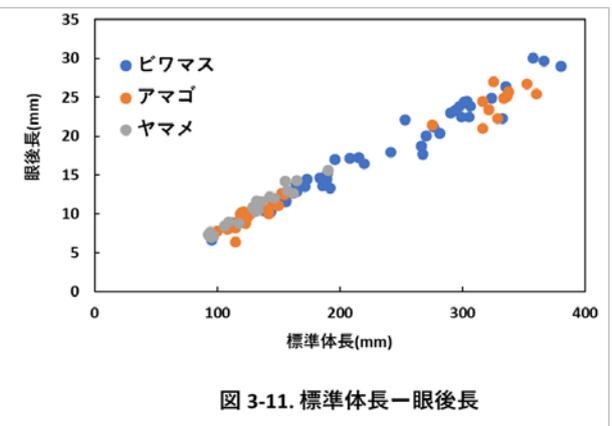


図 3-11. 標準体長—眼後長

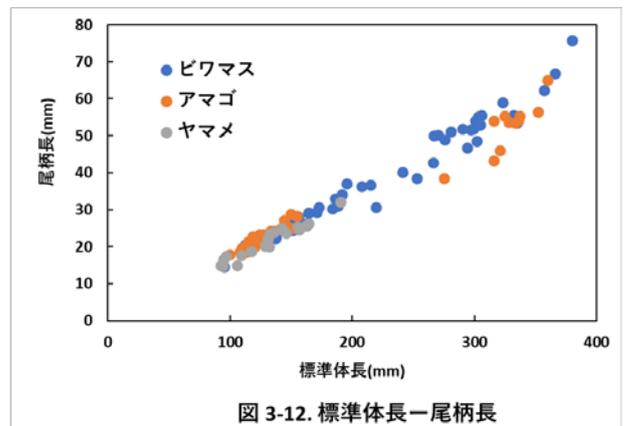


図 3-12. 標準体長—尾柄長

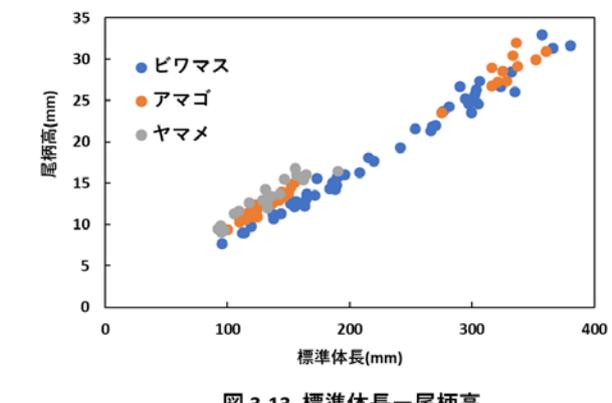


図 3-13. 標準体長—尾柄高

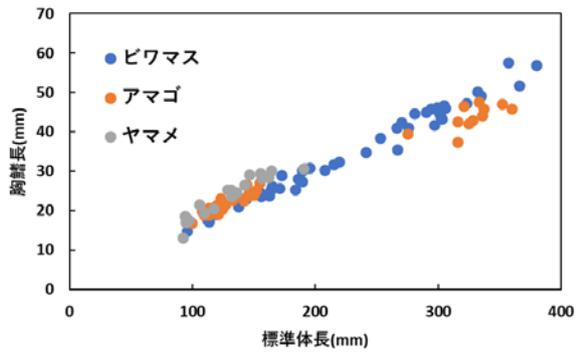


図 4-1. 標準体長-胸鰭長

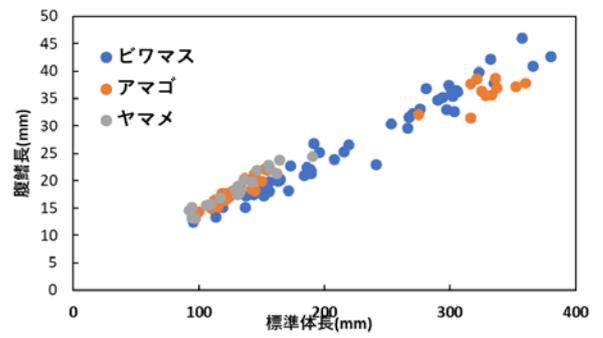


図 4-2. 標準体長-腹鰭長

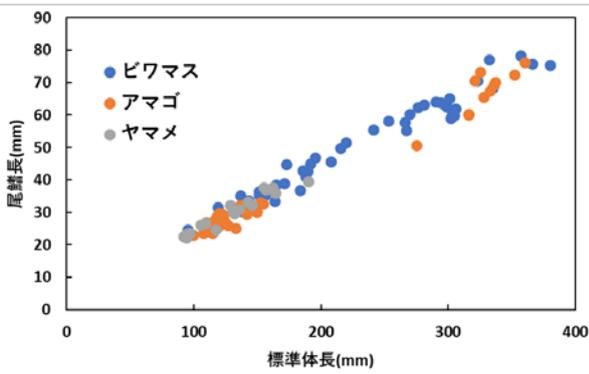


図 4-3. 標準体長-尾鰭長

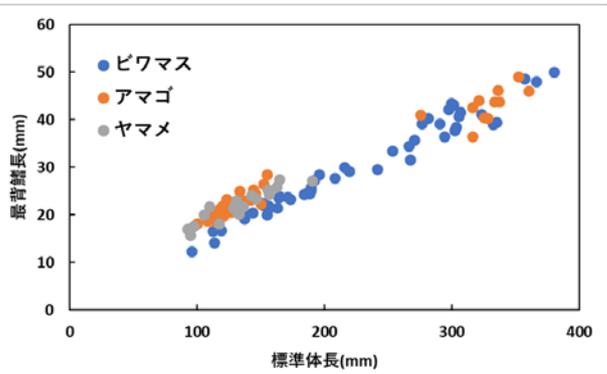


図 4-4. 標準体長-最背鰭長

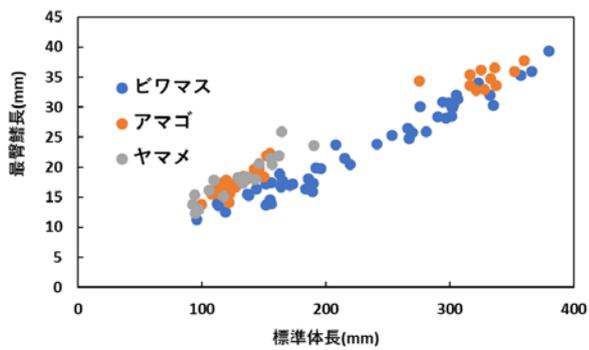


図 4-5. 標準体長-最臀鰭長

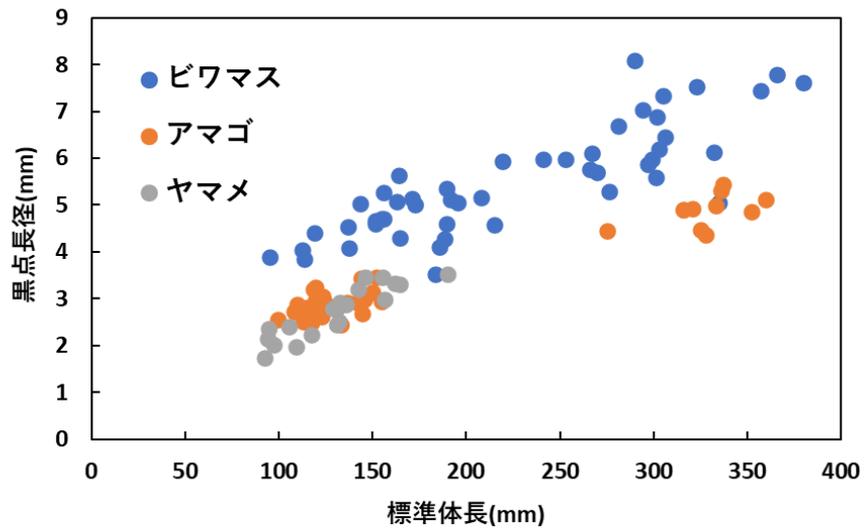


図 5. 標準体長—黒点長径

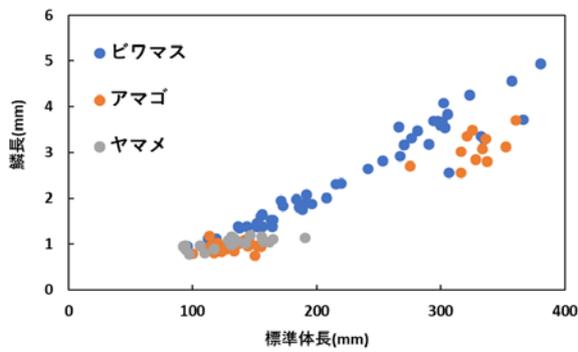


図 6-1. 標準体長—鱗長

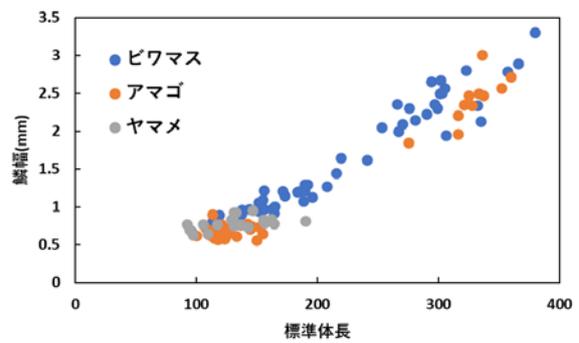


図 6-2. 標準体長—鱗幅

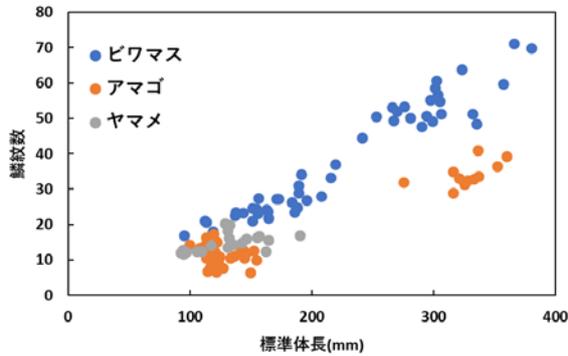


図 6-3. 標準体長—基部隆起線数

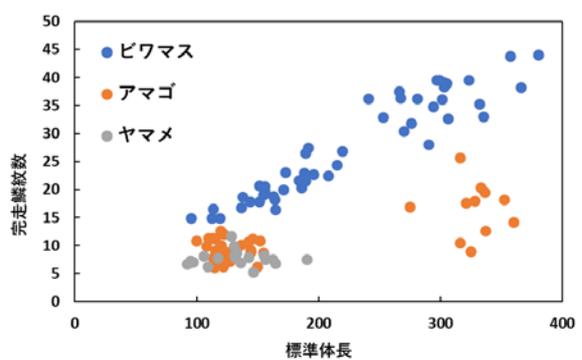


図 6-4. 標準体長—頂部隆起線数

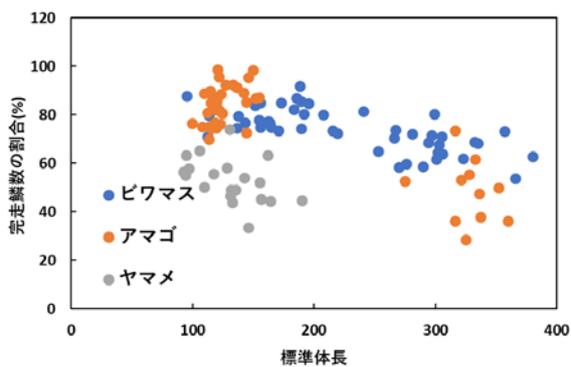


図 6-5. 標準体長—完走鱗紋数の割合