

溪流資源増大技術開発事業(平成24年度/国庫委託)

誌名	栃木県水産試験場研究報告
ISSN	13408585
巻/号	57
掲載ページ	p. 11-12
発行年月	2014年2月

農林水産省 農林水産技術会議事務局筑波産学連携支援センター
Tsukuba Business-Academia Cooperation Support Center, Agriculture, Forestry and Fisheries Research Council
Secretariat



溪流資源増大技術開発事業（平成 24 年度／国庫委託） 久保田 仁志・綱川 孝俊・高木 優也
—ニッコウイワナ在来個体群保全管理研究—

目 的

栃木県の山地溪流においてニッコウイワナ在来個体群は、漁場の価値を高める貴重な水産資源であり、その遊漁への利用と保全の両立が漁場・資源管理上の課題となっている。現在残っているほとんど全ての在来個体群の生息地は、多数のダムによって隔離、分断化されており、個々に小集団化した結果、一部の河川では遺伝的多様性が低下している。^{1,2)} 遺伝的多様性の低下を防ぐ方策を検討するため、有効集団サイズの推定値に基づく遺伝的多様性の減少予測を行った。

材料および方法

調査場所と解析サンプル 遺伝的多様性の減少予測調査は、栃木県北西部の利根川水系支流 A 沢の堰堤間の 5 区間（区間 1-5）で行った（図 1）。2006 年から 2008 年の秋（産卵直後）に標識再捕法で各区間の生息個体数 (N_c) を推定し、同時に 1 歳以上の個体から DNA 分析用の鱭組織を採取した。また、2007 年から 2011 年の初夏に各区間で浮上直後の当歳魚の採集を行った。採集した個体の鱭組織を採取し DNA 分析用の試料とした。魚はエレクトリックショッカーにより採集し、鱭組織の採取後は採捕した区間内に放流した。

データ解析 遺伝的多様性の減少予測においては、まず、各年、各区間の当歳魚のマイクロサテライト DNA (11 遺伝子座) のデータから、有効親魚数 (N_b) を推定した。 N_b は Approximate Bayesian computation 法 (program ONeSAMP を使用した。) と Sibship assignment 法 (program COLONY2 を使用した。) で推定し、両推定値の調和平均を各年、各区間の N_b とした。次に各年、各区間の有効集団サイズ (N_c) を N_b に平均世代間隔 (GI) を乗じることにより求めた。GI は、2006 年の一歳以上個体と 2007 年の当歳魚をあわせたマイクロサテライトデータセット、2007 年の一歳以上と 2008 年の当歳魚のセット、2008 年の一歳以上と 2009 年の当歳魚のセットの計 3 セットについて、それぞれ Estimator by Parentage Assignments (EPA) 法 (program AgeStructure を使用した。) により求めた。遺伝的多様性の減少予測は、区間毎に平均 N_c に基づく平均ヘテロ接合度の減少量を 30 世代後まで計算した。

結 果

遺伝的多様性の減少予測 A 沢各区間には 10–154 個体の 1 歳以上のイワナが生息していると推定された（図 1）。

N_c の大きさは概ね区間の流程長に比例し、区間 2 と 3 で比較的多くの個体が生息していた。一方、区間 4 には、例年少数 (10–33 個体) の個体が生息していた。調査年ごとに全区間の N_c を合計した値の調和平均は 294 個体であった。各年各区間で推定された有効親魚数 (N_b) は 2–25 の範囲で (当歳魚が採捕されなかった年は、計算の便宜上 $N_b=2$ としてある。)、区間 4 や区間 5 といった上流側の狭い区間でやや小さい傾向があった（図 2）。また、年によって完全に繁殖が失敗した区間も観察された（2006 年の区間 2 および区間 4、2008 年の区間 4）。EPA 法で算出された GI は、1.00–4.55 の範囲となり、年や区間によって大きな変動が観察された（表 1）。算出された全ての GI の調和平均は 2.26 となった。このことは、子を残した親の平均年齢が 2.26 歳であったことを意味する。次に $N_c \approx N_b \times GI$ (2.26) の関係性に基づき、各年、各区間の有効集団サイズ N_c を算出した（表 2）。集団全体の N_c は年ごとには 107–219 (5 区間の合計) で変動し、区間毎には 9.2–44.2 で大きく異なっていた。特に区間 4 の N_c は小さく、区間 3 の N_c は大きい傾向があった。区間毎の N_c の調和平均を N_c の調和平均で除した N_c/N_c は、平均（幾何平均）で 0.48 となった。

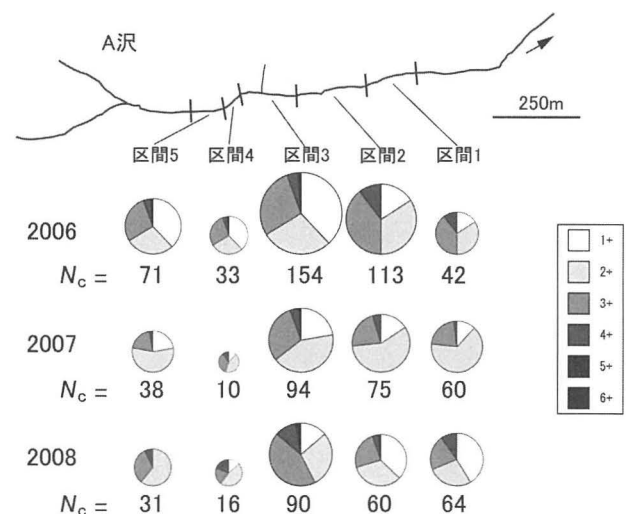


図 1 A 沢における各年、各区間の推定生息個体数と年齢構成 図中の円の大きさは生息個体数の相対的な大きさを示す。

推定された N_c に基づき、各区間における平均ヘテロ接合度の低下予測を行った（図 3）。相対的に小さい N_c と N_c が推定された区間 4 や区間 5 では、将来的に遺伝的多様性が大きく低下する傾向が予測された。 N_c が比較的大きかったものの N_c が小さかった区間 2 についても大きく低下する傾向が予測された。30 世代後の遺伝的多様性は、

各区間で現状の 18.8-71.1%に低下すると予測された。一方、全区間の間に移動阻害が無く、全体が一つの繁殖集団だと仮定した場合、遺伝的多様性の低下は大きく軽減され、30 世代後も現状の 89.9%の遺伝的多様性が残ると予測された。

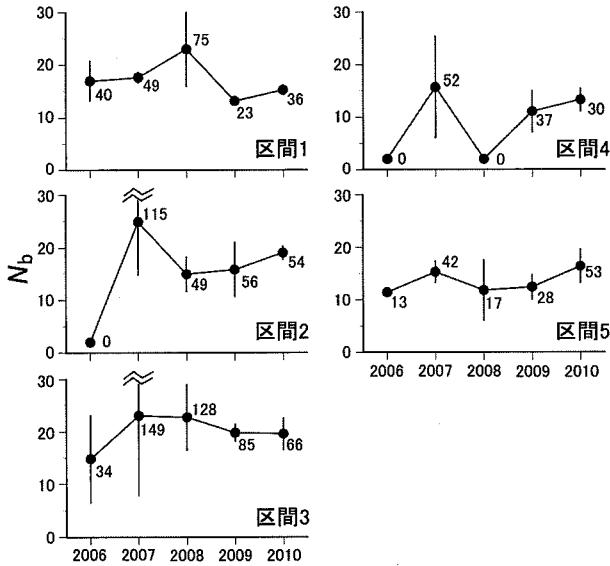


図2 A 沢における各年、各区間の推定有効親魚数(N_b) 縦のバーは2つの方法による推定値の標準偏差を、プロットに添えた数字はサンプルとした当歳魚の数を示す。当歳魚が採捕されなかった年は、計算の便宜上 $N_b=2$ (最小値)としてある。

表1 各年、各区間の推定世代間隔(GI)

	2006	2007	2008
区間1	2.78	1.89	1.77
区間2	4.00	1.00	3.20
区間3	4.55	3.50	3.50
区間4	4.00	3.50	3.50
区間5	2.88	1.46	1.04

考察

過去の調査によって、最上流区間の生息範囲が狭く、集団サイズも小さい支流では全体的な遺伝的多様性が低下し、特に上流側の区間でさらなる遺伝的多様性の低下が生じていることが明らかになっている。¹⁾

表2 各年、各区間の推定有効集団サイズ(N_e)

	2006	2007	2008	2009	2010	調和平均	N_e/N_c	幾何平均
区間1	38.5	40.0	52.2	29.9	34.6	37.7	0.71	0.480
区間2	4.5	56.6	33.9	35.9	43.2	15.7	0.20	
区間3	33.6	52.2	51.6	44.8	44.4	44.2	0.42	
区間4	4.5	35.6	4.5	25.2	30.1	9.2	0.59	
区間5	25.9	34.6	26.7	28.2	37.2	29.9	0.72	
全区間合計	107.0	219.0	168.9	164.0	189.5	136.70		

(指導環境室)

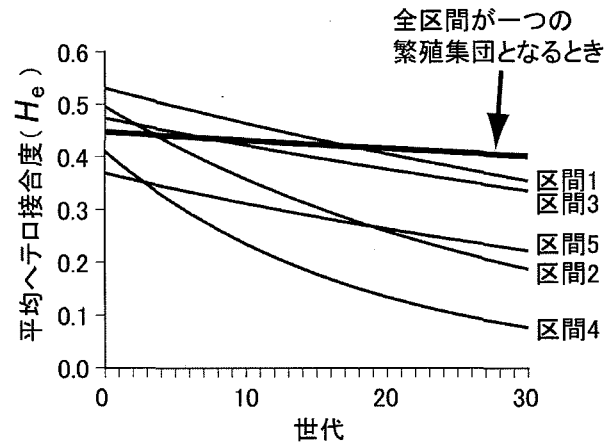


図3 A 沢における各区間の平均ヘテロ接合度の低下予測 太線は区間間の移動阻害が無く、全ての個体が一つの繁殖集団を形成すると仮定した時の予測。

A 沢における遺伝的多様性の低下予測においても、特に生息範囲の狭い上流区間で著しい低下が予測されており、こうした環境における遺伝的多様性の維持・増大が課題となると考えられる。推定された N_e は、いずれの区間も 9-44 と小さく、現状のままでは近親交配が避けられない。近親交配を回避し、遺伝的多様性のこれ以上の低下を防ぐためには、 N_e を大きくする必要があるが、そのためには堰堤による移動阻害を解消するか、遺伝子流動の回復を目的とした移植を行うことが考えられる。魚道の設置など移動阻害の解消をすぐには実現することは難しく、現時点では堰堤間区間の間で、計画的な移植を行う方法が現実的だと考えられる。

引用文献

- 1) 久保田仁志. 溪流魚天然資源増大技術開発事業. 栃木県水産試験場研究報告 2010; 53: 18-19
- 2) 久保田仁志, 酒井忠幸. 溪流魚天然資源増大技術開発事業. 栃木県水産試験場研究報告 2011; 54: 21-22

溪流資源増大技術開発事業—ニッコウイワナ在来
個体群保全管理研究— (p11-12)

ニッコウイワナ在来個体群存続の可能性を検討するために、有効集団サイズの推定値に基づく遺伝的多様性の減少予測を行いました。A 沢の堰堤に挟まれた 5 区間で 5 年間にわたり有効集団サイズを算出したところ 4.5-56.6 と推定されました。これらの値に基づき、遺伝的多様性の低下予測を行ったところ、30 世代後には各区間で現状の 18.8-71.1%に低下すると予測されました。一方、全区間の間移動阻害が無く、全体が一つの繁殖集団だと仮定した場合は、30 世代後も現状の 89.9%の遺伝的多様性が残ると予測されました。