

戦-23. 在来魚種保全のための水系の環境整備手法の開発

研究予算：運営費交付金

研究期間：平18～平22

担当チーム：水環境研究グループ（河川生態）

研究担当者：三輪準二、村岡敬子

【要旨】

本研究は、在来魚集団維持のために必要な水系内の空間配置や連結性の考え方を示し、現在の水系の中で効果的に水域環境を保全・修復するための考え方や手法の提案を行うために実施しているものである。本研究では、①ニッコウイワナの交雑検出におけるマイクロサテライト手法とAFLP®手法の比較および②保全策を必要とする淡水カジカ集団における物理環境および集団の遺伝子構造の調査を行った。調査の結果、AFLP®手法によりマイクロサテライト手法に準じるレベルで在来魚集団における移入個体との交雑履歴を検出することができることを示した。また、カジカの成長と河床材料の大きさに関係があるとともに、同一水系内に生息するカジカ集団の遺伝子構造と現地調査の結果から、堰堤の改修および水利用に伴う水温環境の変化がカジカの繁殖や成長に影響を与えている可能性を示した。これらの結果は、同一水系に生息する在来魚種の生息環境調査に生息する遺伝情報の分析手法が確立していない魚種に対しても、AFLP®手法の適用により、集団の遺伝子構造に基づいた繁殖や移動環境などに関する情報を得ることが可能であることを示す。

キーワード：カジカ、イワナ、在来魚種、遺伝子構造、AFLP

1. はじめに

河川に生息する魚類の中には、その生活史の中で河川だけでなく周辺の小水路やそこにつながる湿地・水田地域などを利用するものが多く、これらの魚種は個々の移動能力に応じてこれらの水域が適切に連続することを必要とする。こうした魚類における個体の移動は水系内に広く分布する個体同士の交流にもつながり、水系内の在来魚の集団としての存続にも大きく関わっている。このような水系を面的に捉えた河川環境の整備は在来魚種を中心とした健全な生態系の保全のためにも必要であり、国土交通省で重点的に取り組みつつある課題のひとつでもある。

しかしながら、河川周辺の水域が人間活動によって物理的にも時間的にも大きく改変されている現状の下、在来魚種の保全を目的とした事業の効果をを得るためには、現在の河川および周辺の水環境と魚種が必要とする水域の条件を的確に把握し、魚種の移動能力と結びつけた評価を行うとともに、必要な水環境を保全・復元していくことが重要である。

本研究では、在来魚集団維持のために必要な水系内の空間配置や連結性の考え方を示し、現在の水系の中で効果的に水域環境を保全・修復するための考え方や手法の提案を行うために実施しているものである。

2. 研究方法

2.1 遺伝情報分析手法の比較検討

本研究では、実際の3河川において遺伝情報を用いた在来魚集団の分布域の推定を試みた。手法の選定にあたっては、①同一水系内の集団であっても、集団内の変異を検出できること、②サンプルの大量処理が可能であること、③得られる情報が客観的であること、④再現性があること、の視点にたって検討した。①のように、遺伝的に近い個体間の遺伝的多型を検出するためには、核の遺伝情報を対象とする必要があり、代表的な手法としてマイクロサテライト法が挙げられる。②に挙げたサンプル大量処理には、分析データから容易に情報を得ることが必要であり、自動解析ソフト等のツールがあることが望ましい。③のデータの客観性のためには、自動化だけでなく遺伝情報上のターゲットが多いことがより望ましい。④の再現性については分析機器や分析者の違い等によって生じるわずかな条件の違いが得られる結果に関与しないことが必要である。

マイクロサテライト手法は核遺伝子の配列中にある、2～数塩基の配列が繰り返される領域(＝マイクロサテライト領域)の長さを比較する手法である。マイクロサテライト領域は遺伝的な多型が高く、同一領域に双方の親の遺伝情報が引き継がれることから、

親子鑑定や個人特定など法医学の現場でも活用される技術でもある。マイクロサテライトのように特定領域の変異を比較する方法として、塩基置換の有無から多型を得る SNP などの手法も近年用いられるようになってきた。マイクロサテライトや SNP のように特定領域を対象とした分析手法は再現性が高い手法であるが、ターゲットとする特定領域を新たに探索するための作業負担が大きいという欠点を有する。

特定領域の探索を要しない手法として制限酵素を用いた RFLP 法、ランダムプライマーを用いた RAPD 法、制限酵素とプライマーを組み合わせた AFLP[®] 手法などがある。いずれも核遺伝子内における特定の配列 (2～数塩基程度) に挟まれた箇所を制限酵素やプライマーで抽出し、その長さを比較する方法である。ここでは、分析データの解析が比較的容易な AFLP[®] 手法に着目し、実用性について既往の手法と比較することとした。

2. 2 ニッコウイワナの交雑検出におけるマイクロサテライト手法と AFLP[®] 手法の比較

本検討の対象とした在来魚のひとつとして、利根川の上流に生息するニッコウイワナ (*Salvelinus leucomaenis*) を選定した。ニッコウイワナはサケ科イワナ属に属する陸封型の溪流魚で、形質に変異が認められる地域特有の集団＝在来集団が存在する。溪流地域に建設される河川横断工作物が近隣の沢間におけるイワナの自由な移動を阻害する場合には、在来集団の孤立を招くことが指摘されており、近年では河川横断工作物に本種を含む溪流魚を対象とした魚道等の整備が積極的に進められている。本種は溪流釣の対象魚でもあり、昭和 40 年代から日本各地で積極的に放流がなされており、他地域由来の個体や異なる亜種由来の個体、あるいはこれらの交配種 (以下移入個体) の放流・移殖による遺伝的攪乱の問題が指摘されている。

移入個体の検出には、mtDNA の塩基配列比較が一般的な手法である。ミトコンドリアは安全性が高く種や亜種レベルでの遺伝的な違いの検出に有効な手法である半面、母から子へのみ継承される遺伝情報であるため、父系の遺伝的かく乱は検出されない。例えばニッコウイワナの母親と移入個体の父親を持つ子は在来種である母親のミトコンドリア情報を受け継ぎ、交雑個体でありながらもミトコンドリア情報上はニッコウイワナと判断される。さらに在来個体との交配を重ねたその子孫は、外部形態による交

雑個体の判断も困難となる。そこで、栃木県水産試験場では、関東地方のイワナのマイクロサテライトマーカーを開発し、得られたデータを元に交雑集団の検出を試みている。ここでは、隣接するふたつの沢および本川に生息するニッコウイワナ集団を対象に、ミトコンドリアおよびマイクロサテライトによる移入履歴の調査を行うとともに、AFLP[®] 解析を行うことにより、AFLP[®] 解析手法の検出精度の検討を行った。

調査のため、ニッコウイワナが分布している可能性がある 2 沢および本川の 11 地点 (図-1 A 沢 S1～S5、B 沢 S6～7、本川 C1～C3) において 192 個体のイワナが電気ショッカーを用いて採捕された。このうち、本川と堰堤で区切られた 2 沢での採捕数は 126 個体で、これは同沢においてピータセン法により算出した推定個体数の約 45% にあたる。採捕したイワナは体長を計測後、アビラビレの先端を 5mm 程度切除した後、再放流した。採取されたヒレは 95% エタノールに浸した状態で実験室内に持ち帰り、ProtenazeK によるたんぱく質分解処理の後、フェノール・クロロホルム法により DNA を抽出した。

移入種の侵入履歴を調査するために、まず、全サンプルを対象に、Yamamoto^ら¹⁾の方法によりミトコンドリア DNA の配列情報 (mitDNA-Cyt-b 領域 557bp) を得た。得られた配列情報は、山本^ら²⁾が示す在来イワナ集団の配列情報および日本産淡水魚類データベース ; GEDIMAP GENetic Diversity and its Distribution Map (<http://gedimap.zool.kyoto-u.ac.jp>) により取得した他地域のイワナの配列情報と比較し、利根川水系で報告されているミトコンドリアのタイプか否かを判断した。

マイクロサテライト分析においては、kubota³⁾らの方法を用いて、9 領域を対象としたマイクロサテライト分析を実施した。

AFLP[®] 法では 6 組の試薬 (プライマー) により得られた各遺伝子上の 301 箇所をターゲットに分析を実施した。得られた AFLP[®] データから、AFLP SURV^{4,5)} を用いて各地点間、個体間の遺伝的距離を求め、PHYLIP Version 3.68⁶⁾ によって系統樹を作成した。

2. 3 保全策を必要とする淡水カジカ集団における調査

本研究で取り扱う在来魚種のひとつとして、河川中流域や支流に生息し、分断や生息環境の悪化の影響を受けやすい魚種を基準とした。カジカ科は底生

魚の仲間で、アユなどの浮遊性の遊泳形態をとる魚に比べて移動能力が乏しい。そのため、河道内の横断工作物による移動阻害の影響を受けやすいとされ、例えばカジカ科のハナカジカは河川改修やダム建設の影響により激減したといわれる。

日本固有種であるカジカ属カジカ科カジカ中卵型（*Cottus sp. ME*、以下「カジカ」）は河川中下流を中心に生息し、孵化後の一定期間を海で生活する両側回遊性の生活環を有する。本種は、生活史の中での移動範囲が大きいとともに、河川上下流における移動阻害要因の影響を強く受けることが予想される種のひとつである。

九州地方の本明川中流域のカジカ集団は、回遊性の中卵型でありながらも河川陸封個体群とされる。本カジカの生息域が、河川事業により受ける影響を回避するために、他の生息地への移殖実験が行われている（図-2）。本研究では、カジカの生息域が横断工作物により移動が阻害されていることを利用し、それぞれの地点のカジカ集団を仮想上の“地域集団”として扱い、生息環境を現地調査と遺伝情報を組み合わせて評価するための調査を実施した。材料は、本河川および周辺の水系において4年間にわたり採取した本明川カジカ現生息地の3地点、移殖先の3地点の計5地点において採取した1,691個体および九州内4水系で採取したカジカ222個体、計1913

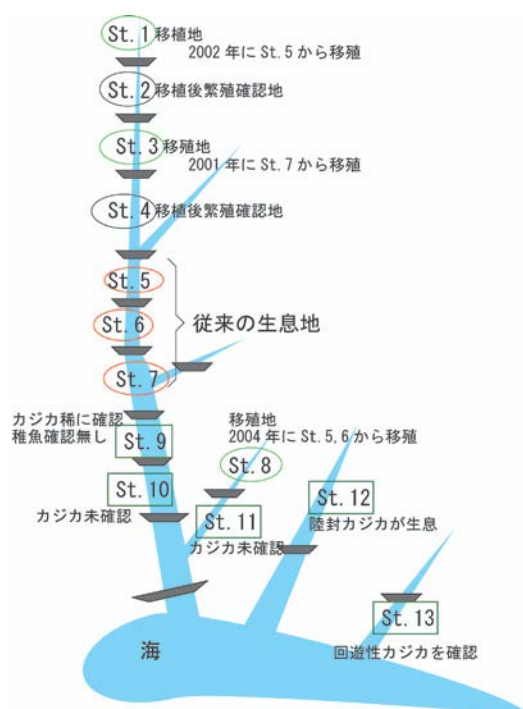


図-2 淡水カジカ調査地点概要(本明川)

個体のヒレ切片である。採取したヒレサンプルは、95%エタノールに浸した状態で実験室内に持ち帰り、Qiagen社製ProtenazeKによるたんぱく質分解処理の後、フェノール・クロロホルム法によりDNAを抽出した。

AFLP®解析はABI社製AFLP® Ligation and Preselective Amplification Modelを用いてアダプター配列に3塩基付加し、蛍光標識したEcoRIプライマーAGG-無標識のMSE-IプライマーCAA(以下同じ)、AGC-CTA, ACA-CAGの計3通りのプライマー組み合わせにより行った。PCR増幅産物は、ABI社製3100を用いて電気泳動した後、同社Gene-mapperR(ver.3)を用いて自動解析した。今回用いたサンプルでは、本明川の636個体に対し610alleleが検出された。

得られたAFLP®データから、AFLP SURVを用いて各地点間、個体間の遺伝的距離を求めるとともに、2007年に採取した876個体・全610alleleの情報を用いて、Structure⁷⁾による個体の帰属性解析を行った。

遺伝情報の解析と並行して、季節ごとの移動阻害状況調査を踏査した。また、各地点にデータロガー付き水位・水温計を設置し、通年の水温変化を観測した。また、盛夏の日中に、遠赤外線サーモグラフィを用いた踏査を実施した。このうち1河川においては、河道横断工作物間のカジカを仮想集団として遺伝子構造を比較した。

3. 研究結果

3.1 ニッコウイワナの交雑検出におけるマイクロサテライト手法とAFLP®手法の比較

ニッコウイワナのミトコンドリアの分析の結果192個体の中に5つのミトコンドリアのタイプが確

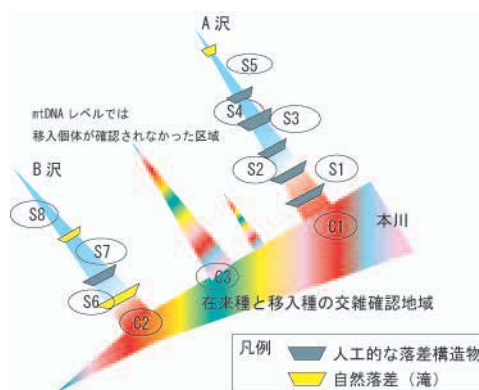


図-1 ニッコウイワナの交雑履歴調査地点の概況

表-1 ミトコンドリアタイプの出現状況

河川名	地点名	mtDNA Cyt-b のタイプと個体数
A 沢	St.1	N2 (6), N1 (4), A1 (1)
	St.2	N1 (14)
	St.3	N1 (11)
	St.4	N1 (17)
	St.5	N1 (20)
B 沢	St.6	N1 (13)
	St.7	N1 (20)
	St.8	N1 (20)
本川	C1	N1 (13), N2 (5), A1 (3)
	C2	N1 (29), N2 (2), A2 (1), B (1)
	C3	N1 (10), A3 (2)

タイプのうち N1,2 は利根川水系において既報告、A1~3 および B (下線のタイプ) は未報告であることを示す。() 内の数字は各タイプの個体数を示す。

認められ、そのうち 85%の個体が利根川水系内の在来集団として報告されている 2つのタイプと一致した (表-1)。この 2 タイプのうち、調査対象エリア全域に分布するタイプ N1 が、当該地域の在来集団である可能性が高いと考えられた。本川 (C1, 2, 3) 及び A 沢の最下流端 (St.1) では、利根川水系での報告が無い 4 タイプが確認された。これらのタイプはもとより利根川に生息していなかった移入個体を起源

とするものと推察され、移入個体の侵入による遺伝的攪乱の存在が示唆された。

マイクロサテライト法、AFLP®手法共に、4 つの遺伝的要素に分類された。これらの要素を色分けし、ミトコンドリアの結果と共に採取地点の順に並べたものが図-3 である。図中、各帯グラフにみられる縦ライン1本は1個体を現し、色は遺伝要素の違いを、1 個体内に占める色の割合は各個体における当該要素の強度を示す。尚、双方の分析手法が対象としているターゲットが異なるため、双方の手法における要素の構成比や検出レベルは一致しない。

マイクロサテライト法およびAFLP®手法双方とも、A沢とB沢で異なる要素を示し (赤と黄)、このことは隣接した沢に生息しながらも、滝等の影響により互いに交流する頻度が少なかったことが考えられる。

ミトコンドリアで遺伝的かく乱の存在が確認された湯西川本川およびA沢下流域において、移入個体を起源とすると思われる要素が検出された (マイクロサテライト法：緑・グレー、AFLP®手法：緑)。このうち、マイクロサテライト法にみられるグレーの要素は、ミトコンドリアでは移入種が検出されなかったS2においても強く検出され、さらにその上流にあたるS3、S4、S5においても一部の個体に検出された。同様に緑色の要素もまたわずかではあるがA沢

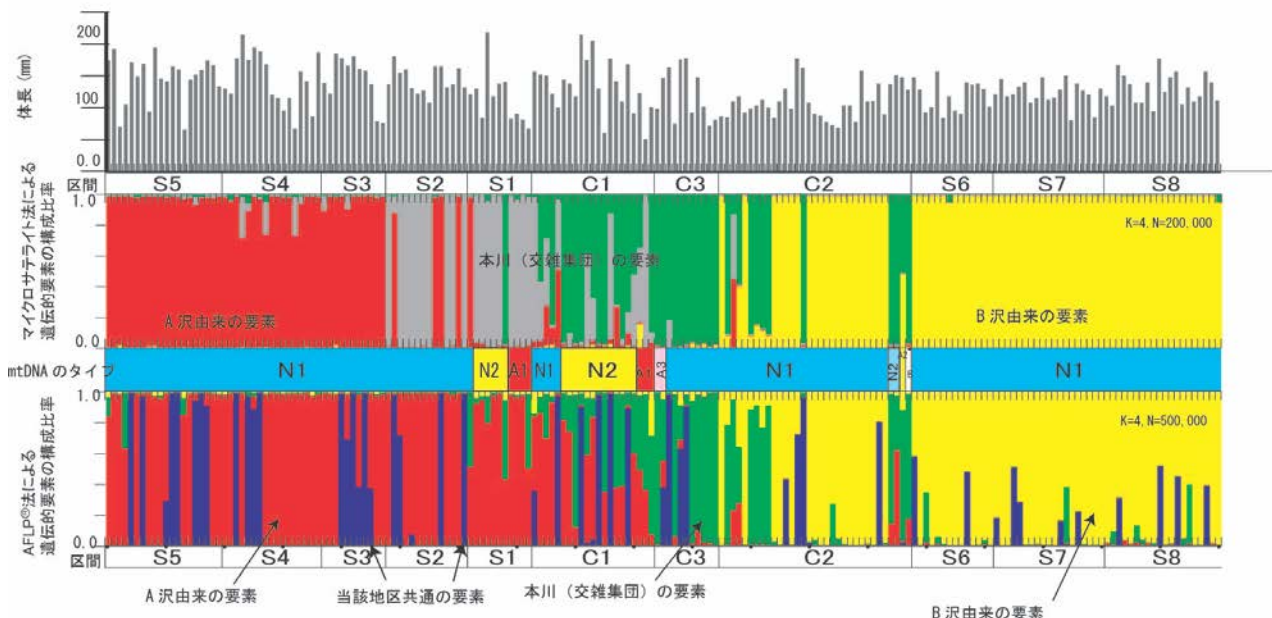


図-3 遺伝的要素 (核 DNA) の構成に基づいた遺伝的かく乱の検出

帯グラフ中の縦棒 1本は1個体を示し、色は遺伝的要素を表す。ミトコンドリアの結果と照らし合わせると、本川の交雑集団に由来すると推察される要素 (マイクロサテライトではグレー●と緑●、AFLP®手法では緑●) が抽出された。同様に、両手法共に赤色●はA沢由来の要素、黄色●はB沢由来の要素と考えられる。また、AFLP®手法にみられる紫色●の要素は、A沢、B沢共通の要素と考えられる。

の全域とB沢の上流端に観察された。AFLP®手法の結果もまた、移入個体を起源とすると思われる緑色の要素がA沢の上流域およびB沢の全域に観察された。

本ケースのように、遺伝的かく乱の頻度が低い集団においても、統計手法を用いた分析により、移入個体の侵入の履歴=遺伝的かく乱を検出することができた。また、AFLP®手法によりマイクロサテライト法に準じる結果を得たことは、マイクロサテライト法が確立していない種においてもAFLP®手法により本来の分布域や交雑の概況を検出することが可能であることが示された。

3. 2 保全策を必要とする淡水カジカ集団における調査

図-4はカジカ（稚魚・成魚共）の体長と確認地点における礫の大きさの関係を示す。ここに、d2は、カジカが確認された地点における河床材料の第1優占、第2優占材の径のうち大きいものを示す。カジカの体長が50mm以下程度の範囲では、礫の大きさは10～800mmの広い幅に分布するが、体長が50mmを超えると、河床の礫が体長と同程度以下の箇所ではほとんど確認されていない。カジカの成魚は礫の下に身を隠す習性が知られており、体長に応じた十分な大きさの礫が必要であることが再確認されるとともに、その目安は体長が50mmを超えるほどに成長した後であることが推測された。一方で、孵化から6月までの間にみられる小さな個体は、礫の大きさとの関係がみられず、体が隠れるサイズの礫よりもむしろ河床の小礫の有無が重要である可能性がある。尚、全調査期間を通じて、カジカの体長と、捕獲場

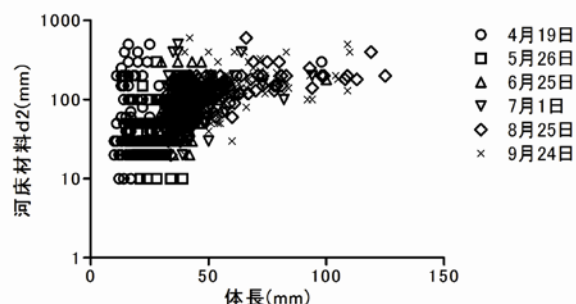


図-4 カジカの体長と河床材料の大きさ (d2)

所における流速(3～26cm/s)・水深(3～58cm)との明確な傾向はみられなかった。

AFLP®解析データに基づくStructureによる集団構造解析の結果を、地点毎に体長の大きい順に並べたものを図-5に示す。移殖後一時的に個体数を増やしながらも現在はほとんど個体を確認できないSt.8を除く全ての地点において、地点内に要素の出現状況が類似する2つのパターンが出現し、さらに2つのパターンが交互に現れることによる5つのグループが現れた。このような地点内に5つのグループが現れる状況は、2005年、2006年のサンプルにおいても同様であった。最も体長の小さいグループは11月のサンプリングの時点で成熟しておらず、また個体追跡調査における生存期間などから、各グループはそれぞれ世代を示すことが疑われ、耳石解析の結果各グループが1年の年齢差を持つことが確認された。これにより得られた成長曲線に基づき、当該集団の雌雄の体長分布を比較したところ、それぞれの世代の雌雄の体長比は1⁺、2⁺では有意な差が無く、雌雄比は3⁺以降に急減した(図-6)。

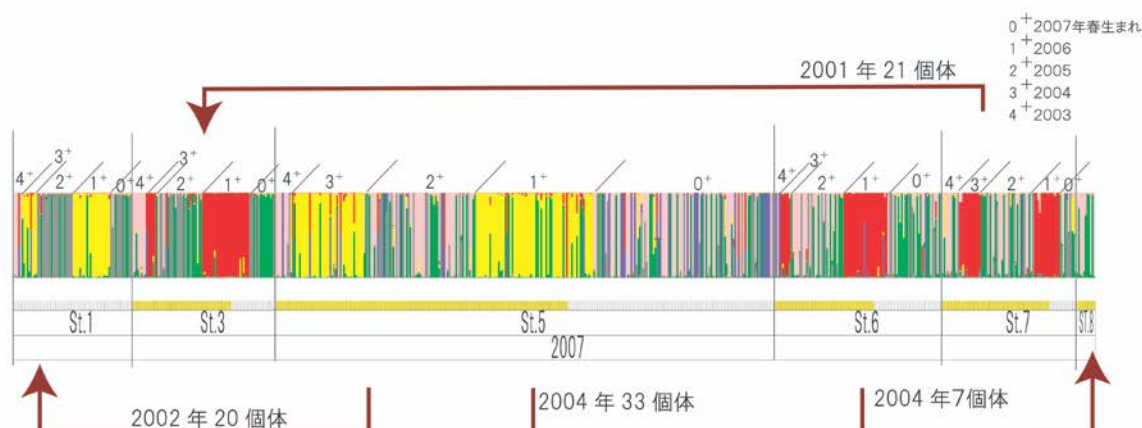


図-5 本明川カジカの遺伝要素解析結果

2007年サンプルのみ、地点毎の左から右に向かい、体長の大きい個体順に並ぶ。地点内には5つのグループがみられる。

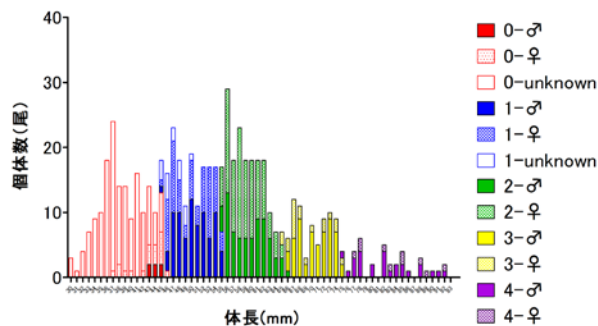


図-6 遺伝要素に基づいた年齢推定結果と体長分布

各世代の雌雄比は3+以降急減する。1+, 2+では雌雄の体長に優位差はみられない。

図-5 示す各地点の遺伝的要素は、現生息地の中・下流域にあたる St.6 と 7 では同様のパターンを示しているのに対し、現生息地の上流域となる St.5 では異なるパターンを示した。本地区のように生息地間が横断工作物等により隔たてられている場合であっても下流方向への個体の移動は可能だと考えられるが、St.5 と St.6, 7 の間および St.7 の下流に個体の流下・定着を妨げる障害があることが推定された。現地踏査の結果、St.5, 6, 7 の下流にはそれぞれ農業用取水堰があり、このうち現在も取水が行われている St.7 の直下では灌漑期に著しく流量が減少した。さらに St.6 および St.7 直下では水田落水の合流により、6 月（当該地区の田植え時期）から 9 月までの期間、他の地点よりも水温が高かった（図-7）。カジカの適水温の上限は 28℃程度といわれており、夏季の水温上昇がカジカの上流から下流への移動阻害の一因となることが推察された。一方、St.6 の下流には沢水の合流がみられ、水温の上昇が抑えられていた可能性が高いと判断された。堰堤の存在だけでなく、流

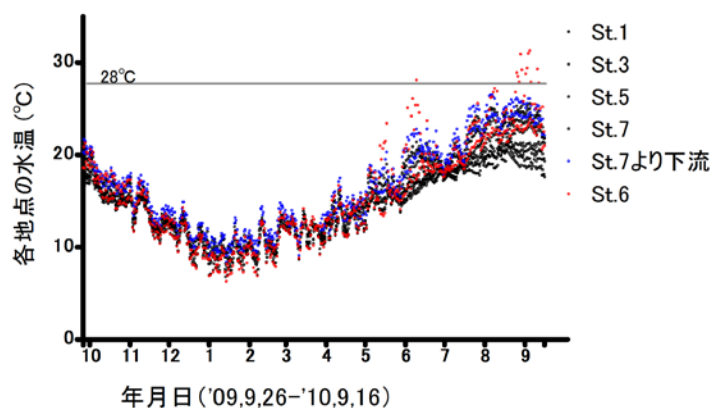


図-7 各地点の水温

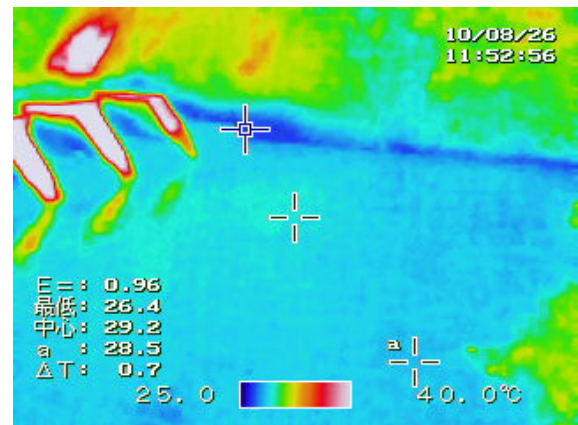


図-8 水温分布調査結果 (St. 13)

サーモグラフィー写真 堰堤上流左岸側に合流する冷水が、堰堤下流に冷水温域を形成する

域における人間活動が、カジカの分布域の南限である本河川の集団に影響を及ぼしている可能性が示唆された。

遠赤外線サーモグラフィーを用いた踏査では、夏季日中に堰堤の表面の表層から堰堤下流に流下する流れの水温は最高 25℃前後と高くなり、また水田からの落ち水の水温も高いため、水利用率の高い St. 6, 7 の下流では河川の水温が高くなる様子が観察された。一方で、破損した角落しの下部からの流れは、5℃近く低い状況や、地下水の流入が堰堤の下流に部分的に水温の低い領域を形成している状況も観察された（図-8）。

4. まとめ

ニッコウイワナの交雑履歴の検出においては、ミトコンドリア分析の結果とマイクロサテライト法・AFLP®手法の結果から、A沢とB沢双方に移入個体の侵入履歴があることが示された。しかしながら、移

入個体起源と思われる遺伝的要素の出現頻度はA沢の上流域とB沢の全域において低く、これらの地点においては沢に持ち込まれた移入個体による遺伝的かく乱の影響は小さいと判断された。また、移入個体起源と思われる遺伝的要素をもつ個体の体長分布から、既に交雑個体は複数世代に分布しており、交雑個体の選別・除去も困難であると考えられた。これらの結果から、保全対象エリアとしてA沢最上流地点S5 およびB沢のS6～8 の3地点が選定され、これに基づいた、移殖を含む保全策が立案された。

カジカの分布城南限付近においては、堰堤

による移動阻害だけでなく、人間活動に伴う水温環境の変化もまた影響を与えていることが示唆された。一方、このような水温上昇に伴う影響は堰堤の構造や地下水の利用等により低減できる場合もあり、冷水性淡水魚の保全策のひとつとして検討することも必要と考えられた。

今回の調査対象としたカジカの集団は、調査地点同士が隣接し、上流から下流への個体の移入が十分想定されるため、遺伝的な平衡状態にはなっておらず、厳密には集団同士を比較することが困難な集団である。今回、AFLP®とベイズ推定法による個体の帰属性解析を組み合わせることにより、このような近接した集団間においても遺伝的な差異を検出することができ、さらにこれを用いた要素解析により、本河川におけるカジカの集団構造の概略を把握することができ、オスの寿命は5年程度、メスは3年程度であるとともに、全ての世代が毎年繁殖に成功している状況ではないという、特異な繁殖状況が推察された。さらに、これを踏まえた物理環境調査より、カジカの分布域の南限に当たる本河川においては、人間の河川水の利用が水温の上昇に関与し、カジカの上流から下流への移動も阻害している可能性が示唆された。これらのことから、本カジカ集団を効果的に保全するためには、夏季の水環境に着目した整備を行うと共に、移殖にあたっては複数世代の個体を移殖することが必要であることが示された。

参考文献

- 1) Shoichiro Yamamoto, Kentaro Morita, Satoshi Kitano, et al.: Phylogeography of White-Spotted Charr (*Salvelinus leucomaenis*) inferred from Mitochondrial DNA Sequences. *ZOOL.Sci.* 21:229-240,2004
- 2) 山本祥一郎, 中村智幸, 久保田仁志, 他: ミトコンドリア DNA 分析に基づく関東地方産イワナの遺伝的集団構造. *日本水産学会誌* 74(5), 861-863, 2008
- 3) Hitosh KUBOTA, Takahide Doi, Shoichiro YAMAMOTO, et al.: Genetic identification on native population of fluvial white-spotted charr *salvelinus leucomaenis* in the upper Tone River drainage. *Fish Sci.* 73:270-284, 2007
Laboratoire d'Ecologie végétale et Biogéochimie, ULB-Campus de la plaine CP244 C5 oulevard du Triomphe, B-1050 Bruxelles
- 4) Laboratoire d'Ecologie végétale et Biogéochimie, ULB Campus de la plaine CP244 C5 Boulevard du Triomphe, B-1050 Bruxelles
- 5) Vekemans X., Beauwens, T., Lemaire M., and Roldan Ruiz I., (2002). Data from amplified fragment length polymorphism (AFLP) markers show indication of size homoplasy and of a relationship between degree of homoplasy and fragment size. *Molecular Ecology*, 11, 139-151
- 6) Version 3.68, August, 2008 by Joseph Felsenstein Department of Genome Sciences and Department of Biology University of Washington
- 7) Department of Human Genetics University of Chicago and Department of Statistics University of Oxford, USA
- 8) 山下慎吾, 村岡敬子ほか: 遺伝情報とコスト距離を用いた水域エコロジカルネットワーク計画の比較検討、土木技術資料 Vol.48-12、2006年12月
- 9) S. Yamashita, K. Muraoka, et al.: Estimation of the effect of mitigation plans for rare fish species in a dam project by population viability analysis (PVA), IAHR 6th Ecohydraulics Symposium, 2007, 2
- 10) 村岡敬子: 遺伝子を計る、川の技術のフロント、2007年7月
- 11) 村岡敬子, 山下慎吾ほか: 遺伝情報を用いた在来魚種の生息環境の保全、土木技術資料 Vol.51 No.8、2009年8月
- 12) 村岡敬子, 山下慎吾ほか: 河川周辺止水域のもうひとつの機能 ~魚食性魚種の餌資源として~、応用生態工学会 第13回大会、2009年9月
- 13) 村岡敬子: 希少在来魚種交雑履歴の調査、河川におけるDNA多型分析技術の活用事例集~現場技術者と市民のために~、2010年3月
- 14) Muraoka K., S. Yamashita, et al.: Ensuring effective rehabilitation and migration: The genetic diversity of freshwater sculpins, *Fish Habitat-Understanding and Improving Connectivity and Suitability International Congress on the Biology of Fish*, 2010, 7
- 15) Yamashita S., K. Muraoka, et al.: Predicting of nursery microhabitat characteristics of rare benthic fish in mountain stream, *Fish Habitat-Understanding and Improving Connectivity and Suitability International Congress on the Biology of Fish*, 2010, 7
- 16) 村岡敬子, 三輪準二ほか: AFLP®を用いたニッコウイワナの遺伝的攪乱の検出、DNA多型 Vol.18、2010年7月
- 17) 村岡敬子, 中山雅文ほか: 長崎県本明川におけるカジカの遺伝的組成と成長速度、日本魚類学会年会、2010年9月
- 18) 村岡敬子, 三輪準二ほか: 遺伝情報に基づいたニッコウイワナの交雑履歴の推定と移殖、土木技術資料 Vol.53-5、2011年4月
- 19) 村岡敬子, 山下慎吾ほか: カジカの集団の遺伝情報に見られた、特異な繁殖履歴、DNA多型 Vol.19、105-114、2011年7月

A STUDY OF ENVIRONMENTAL PLANNING METHOD FOR CONSERVATION OF NATIVE FISH SPECIES

Budgeted: Grant for operating expenses
General account

Research Period: FY2006-2011

Research Team: Water Environment Research Group
(River Restoration Research Team)

Author: MIWA Junji
MURAOKA Keiko

Abstract : In order to conserve environmental conditions for native fish, it is important to assess their habitats on larger spatial scale. Salmonid fish (*Salvelinus leucomaenis*) and The landlocked sculpin (*Cottus kazika*) populations insulated in upstream area were selected for this study. The genetic structure judged that the native salmonoid fish population remained on the few area. STR and AFLP method were used on this study, and sufficient genetic differences for analysis the group in narrow area could be found. The actual conditions of genetic contamination of native salmonoid fishes were detected by Bayesian estimation method. These can be used to estimate the breeding habitats conditions and its continuity.

The entire length of the river on the Island of Kyushu in Japan has been modified for flood control. The construction of large weirs and sabou dams along the river has resulted in the fragmentation of indigenous sculpin populations, and only a 1 km stretch of suitable sculpin habitat is considered to remain. As part of a program to conserve this species, 81 individuals were translocated to the upper reaches of dams and a tributary. Genetic assays of *Cottus pollux* caught at 8 sample sites along the length of the river indicated that the populations in the upper river reaches are important for the recruitment of river reaches further downstream. Furthermore, it was assumed that there were other factors impacting the reproduction of this species. Our results show that rehabilitation of the spawning beds in the upper river reaches is valuable for ensuring the continued survival of the native population. In addition, translocation of several generations of fish is important for ensuring the continued survival of the sculpin populations. These can be used to estimate the breeding habitats conditions and its continuity.

Key words : native fish, native population, weir, salmonoid fish, sculpin