

ダム・堰は遺伝的攪乱から在来個体群を守るのか？ -在来系統の探索と遺伝的攪乱の実態解明-

所 属 大分大学理工学部
氏 名 北西 滋

1. 目的

ダムや堰は生息域の分断化や水質悪化などをもたらし、河川性魚類の生息に大きな影響を与えることが知られている。しかし近年、コイ科魚類オイカワを対象とした研究から、小規模ダムや堰が、他地域から導入された外来個体による競争や遺伝的攪乱から在来個体群を保護していることが示唆された。そこで本研究では、九州におけるオイカワの遺伝的集団構造と遺伝的攪乱の実態把握、ダム・堰が遺伝的攪乱に与える影響について調査した。

2. 方法

まず、九州における遺伝的攪乱の実態把握を行うため、ミトコンドリアDNAチトクローム**b**遺伝子領域を対象に、オイカワの在来系統と外来系統とを判別するプローブを作成した。次に、九州全域の73地点から採集した2,349個体を対象に、SNPジェノタイピングによる在来-外来系統判別を実施し、各地点における遺伝的攪乱実態を評価した。また、各地点における外来遺伝子数と環境特性（土地利用、ダム・堰の有無など）との関係性について評価した。

3. 成果

系統判別の結果、46地点（63.0%）812個体（34.6%）が外来遺伝子を有する個体であった。外来個体の割合には地域差が見られ、長崎県や大分県、有明海沿岸地域では低い一方、九州南部では高かった。GLMの結果、外来遺伝子数に対して、水面面積、遺伝的エコリージョン、堰の3要因は負の影響を、ダムは正の影響を与えていた。

九州中央部の遺伝的多様性が最も高く、全体的には北西部から南東部に向かって遺伝的多様性が高くなっていく傾向が認められた。九州各地から多数の在来ハプロタイプが検出され、本種の高い遺伝的多様性が明らかとなったものの、在来ハプロタイプの分布に明瞭な地域性は認められず、九州全域での遺伝的攪乱による遺伝的構造の不明瞭化・消失が示唆された。

4. 今後の展望

本研究により九州全域における遺伝的集団構造および遺伝的攪乱の実態が明らかとなった。また、ダムが遺伝的攪乱に与える影響についてはある程度明らかとなった一方、堰の影響についてはさらなる調査が必要となった。今後、さまざまな河川における研究事例の蓄積を進め、遺伝的攪乱防除におけるダムや堰の効果について検証を進めていきたい。