

## 研究成果概要書（ホームページ掲載用）

### 「ダム・堰によって孤立化した水生生物の集団健全性の遺伝子診断手法の開発」

所 属：九州大学大学院農学研究院

氏 名：三品 達平

#### 1. 目的

ダムや堰などによる移動制限は、生息地の分断化による小集団化を引き起こし、集団の絶滅につながります。この絶滅過程は、小集団化に伴う遺伝的多様性の喪失と、有害変異の蓄積が進むことが引き金となると考えられてきました。そのため、生物保全においては、集団健全性の評価指標として「中立遺伝標識に基づく遺伝的多様性」が長らく使われてきました。しかしながら、この評価手法は存続性を正しく反映せず、「遺伝子の機能に着目した多様性」に注目すべきという批判が高まりつつあります。本研究では、小集団・低い遺伝的多様性でありながら、例外的に長期にわたり存続する集団を含むホトケドジョウ属魚類をモデルとして、低い遺伝的多様性下での長期存続要因を解明するとともに、集団健全性の評価手法の枠組みの構築を目指しました。

#### 2. 方法

計53地点から採集した134個体のホトケドジョウ属について、全ゲノム配列を解読しました。変異の情報に基づいて、遺伝的多様性、近親交配の進行度合い、過去の集団サイズ、機能遺伝子の多様性、有害変異の蓄積状況を包括的に調べました。

#### 3. 成果

ナガレホトケドジョウは遺伝的多様性が極めて乏しく、かつ近親交配が重度に進行した、驚きのゲノム特性をもつことが明らかになりました。しかしながら、ゲノムの限られた領域には遺伝的多様性が平衡選択によって残存していること、こうした領域には免疫関連の遺伝子群が多く見られました。また、小集団から予想される有害変異の蓄積はありませんでした。本種が小集団ながらも長期存続できた要因は、機能遺伝子における多様性の維持と有害変異の効率的な排除が鍵であったと考えられます。また、遺伝的多様性によって有害変異の蓄積状況を予測できるか検証したところ、ホトケドジョウにおいては比較的よく相関し、その有用性が示されました。しかしながら、その限界も浮き彫りとなり、ホトケドジョウ属全体での評価には適用できないこと、ナガレホトケドジョウやトウカイナガレホトケドジョウのような長期にわたり小集団で維持された種では予測性が低いことが分かりました。

#### 4. 今後の展望

河川の上流部には、自然に形成された落差や堰によって、孤立した生物集団が多く見られます。本研究で確立した多様な指標に基づく健全性の評価の枠組みは、こうした生物に対しても適切な保全施策を立案することに貢献すると考えられます。