

千曲川で急増しているコクチバス (*Micropterus dolomieu*) の遺伝構造と集団動態

中島 颯大 (筑波大学 生物学類)

指導教員: 石田 健一郎 (筑波大学 生命環境系)

【背景と目的】

侵略的外来種は捕食や競争などを通じて在来生態系に大きな影響を与えるため、近年、世界各地で大きな環境問題となっている。ブラックバス的一种であるコクチバス (*Micropterus dolomieu*) は日本を代表する侵略的外来種であり、外来生物法に基づく特定外来生物に指定されている。コクチバスは北米の中西部および五大湖周辺を原産地とする魚食性の魚類であるが、ゲームフィッシングの流行などにより世界中の多くの地域に導入された。コクチバスは同属のオオコクチバスと比較して低温や流れに強いといわれ、日本にも 1990 年頃に定着して以来各地で分布を広げている¹⁾。日本最長の河川である信濃川は、上流～中流部にあたる長野県内では千曲川と呼ばれ、多様なハビタットに様々な生物が生息している。しかし、コクチバスの定着によって生態系は大きく変化し、近年、アユやウグイの漁獲量が減少するなど漁業活動にも大きな影響を与えている。現在も千曲川中流域を中心にコクチバスは増加しており、コクチバス増加を抑制する管理体制構築は急務である。一方で、コクチバスの現在の正確な分布域は不明であり、分布拡大のプロセスもわかっていない。コクチバスの分布拡大を防止するためには分散経路を特定し、分布拡大の実態を把握することが重要である。そこで本研究では、核 DNA のマイクロサテライトマーカーを用いてコクチバスの集団構造を評価し、また千曲川における分布可能域を予測することで、本種の集団動態を理解し、コクチバスの生態系管理の基礎情報を得ることを目的とした。

【方法】

1. コクチバスの集団遺伝解析

千曲川水系の複数地点で釣りや投網、タモ網によりコクチバスを採取し、さらに上小漁業協同組合や関連研究機関等からも協力を得て異なる年次や他地域のサンプルを収集した。これら採取地・採取年の異なる計 49 集団 413 個体の尾鰭などの部位から DNA を抽出し、マイクロサテライト遺伝子座 7 つ²⁾を用いて供試全個体の遺伝子型を決定した。得られた遺伝子型データから集団内の遺伝的多様性については Allelic richness^{3, 4)}などを用いて評価した。集団間の遺伝的分化程度の評価には F'_{ST} ^{5, 6)}を用いた。主座標分析および STRUCTURE 解析⁷⁾により、個体レベルでの遺伝構造も解析した。また、2017 年と 2018 年に同じ 9 地点で採取されたそれぞれの集団グループについて Allelic richness、ヘテロ接合度期待値 H_E 、固定指数 F_{IS} 、 F_{ST} などを算出し、年次間の違いについて検定⁸⁾した。さらに分子分散解析^{6, 8)}により遺伝的変異を年次間、集団間、集団内と階層的に評価した。

2. 種分布モデルによる分布可能域推定

コクチバスの分布可能域を推定するため、原産地のデータを用いて種分布モデル (Species distribution model; SDM) を作成した。在データとしては GBIF (Global Biodiversity Information Facility, www.gbif.org) からダウンロードしたコクチバスの観察情報を利用した。環境データとしては、WorldClim⁹⁾から得た平均気温、気温の平均日較差、降水量データ、および SRTM 標高データから計算した傾斜データを用い、すべて 1km×1km のラスタ

ーデータに調整した。最大エントロピー法 (MAXENT)¹⁰⁾によりモデルを構築し、日本の千曲川を含む領域に外挿した。日本の傾斜データは国土数値情報 (nlftp.mlit.go.jp/ksj/) から取得した。

【結果と考察】

1. コクチバスの遺伝構造について

Allelic richness は東御市上流部・羽毛山取水堰直下の集団 (羽毛山集団)で他の集団よりも高い値を示した。 F'_{ST} は 0.114 であり、供試全個体ではある程度の集団分化が示された。主座標分析および STRUCTURE 解析から、羽毛山集団の一部個体は他の供試個体から遺伝的に大きく異なっており、千曲川中流域へのコクチバス移入には複数ルートがあったことが示唆された。2017 年と 2018 年の年次比較では、2018 年の集団の方が Allelic richness および H_E が有意に高く、 F_{ST} が有意に小さかった ($P < 0.01$)。一方、分子分散解析では年次間の遺伝的変異は全くみられなかった。この結果から、千曲川のコクチバスは 2017 年から 2018 年にかけての 1 年間で集団間の遺伝子流動が進んだため、集団間の遺伝的分化程度は下がり、遺伝的多様性が上がったと考えられる。

2. 種分布モデルによる分布可能域推定について

SDM の結果、用いた環境変数のうちコクチバスの分布にもっとも影響を与えているものは気温であり、日本の広い範囲で分布可能であることが示された。特に、千曲川・犀川の上～中流域はコクチバスにとって非常に住みやすい環境であることがわかった。モデル精度の指標である AUC は 0.65 であった。今後、在データの調査努力量を補正し、隠れ場の有無や水温を環境変数として組み込むことで精度をさらに上げることが可能と期待される。

3. 千曲川の生態系保全に向けて

羽毛山集団は、現在コクチバスが特に増加している地域の上流部に位置する。羽毛山集団で見つかった遺伝的に他と分化している個体と他の集団個体との間で遭遇および交配が進むと、千曲川におけるコクチバスの遺伝的多様性はさらに増大し、有効集団サイズも大きくなるのが危惧される。そのため、羽毛山地域はコクチバス駆除の優先度が一番高い地域といえる。また、SDM の結果から羽毛山・小諸地域からさらに上流部分に分布拡大していく可能性が示された。羽毛山地域に生息する複数の系統が増水時などに堰を越えて遡上する可能性もあるため、生息適地である上流域でのモニタリングも重要である。

【引用文献】

- 1) Iguchi K. et al. (2004). *Trans. Am. Fish. Soc.* 133: 845-854
- 2) Malloy T.P. et al. (2000). *Mol. Eco.* 9: 1946-1948
- 3) El Mousadik, A., Petit R.J. (1996) *Theor. Appl. Genet.* 92: 832-839
- 4) Goudet, J. (1995) *J. Hered.* 86: 485-486
- 5) Meirmans P.G., Hedrick P.W. (2011) *Mol. Eco. Not.* 4: 792-794
- 6) Peakall, R. and Smouse (2006) *Mol. Ecol. Not.* 6: 288-295
- 7) Pritchard, J.K. et al. (2000) *Genetics*, 155: 945-959
- 8) Excoffier L. et al. (1992) *Genetics*, 131: 479-491
- 9) Hijmans, R. (2005) *Int. J. Climatol.* 25: 1965-1978
- 10) Phillips, S. J. et al. (2006) *Ecol. Model.* 190: 231-259.