

早川源流域のヤマトイワナ調査

とりまとめ：谷沢弘将

北岳に端を発する富士川水系早川源流域は、標高 2,000m を越す高所にイワナが生息している。ここに生息する在来個体群のイワナはヤマトイワナに分類される。ヤマトイワナ *Salvelinus leucomaenis japonicus* の生息数は堰堤による分断¹⁾、亜種のニッコウイワナ *Salvelinus leucomaenis pluvius* の放流による交雑が原因で減少していると考えられ²⁻⁶⁾、県のレッドデータブックでは絶滅の恐れのある生物に指定されている⁷⁾。早川源流域においても個体数の減少が懸念されることから、ヤマトイワナの生息状況について調査を行った。なおこの調査は南アルプス市の依頼により実施した。生態については Tsuboi et al.⁸⁾ を参考にされたい。

材料と方法

平成 23, 24, 26 年度に早川源流域の 8 河川において調査を行った (図 1)。①遺伝子サンプルとして脂鱗の採取 (在来個体群であることの確認のため)、②生息域の確認、③生息密度の推定を目的に、電気ショッカーによる魚類採捕を行った。なお、1 回の電気ショッカーによる捕獲率を 86.4% として (平成 23 年に行った河川 A および河川 B での捕獲調査より算出)、各調査地点における生息密度の推定を行った。ただし、当歳魚は全長 50mm 以下であり捕獲率が著しく低かったため、生息尾数には含めなかった。脂鱗は独立行政法人水産総合研究センターに依頼し、遺伝子解析を行った。在来個体であるかどうか判別するためについてはミトコンドリア DNA チトクローム b 領域遺伝子座より解析した。在来個体群の生息域では、単一あるいは 2 種類の遺伝子型 (ハプロタイプ, Haplotype) しか出現しないことが知られている⁹⁾。富士川水系では Hap-3 が在来個体を示す遺伝子型であるため、本調査では Hap-3 を示した個体を在来個体、Hap-3 以外を示した個体を非在来個体とした。

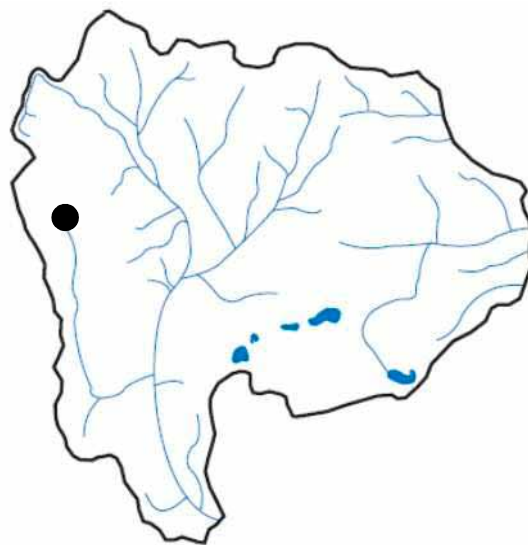


図 1 調査地点

結果及び考察

早川源流域におけるヤマトイワナ在来生息域は調査した8河川中6河川であると結論づけられた(表1)。1以上の生息数は全河川を合計して流程約10 kmの間に4000尾のヤマトイワナが生息すると推定された。

表1 調査河川の概要

調査年度	河川名	川幅(m)	遺伝子解析に用いたサンプル数	遺伝子型(ハプロタイプ)	在来個体群の生息
H23	A	5.89±1.06	39	Hap-3	○
H23	B	4.38±1.13	20	Hap-3	○
H23	C	4.83±0.58	40	Hap-3	○
H23	D	13.75±3.29	19	Hap-1,3,5,7,9,10,11,17,31	×
H24	E	-	7	Hap-10	×
H24	F	3.77±1.02	40	Hap-3	○
H24	G	2.99±1.32	17	Hap-3	○
H26	H	3.72±2.98	50	Hap-3	○

謝辞

生息調査の実施にあたり、独立行政法人水産総合研究センター増養殖研究所には、魚類調査、遺伝子解析にご協力頂いた。ここに深く感謝の意を表す。

文献

- 1) 遠藤辰典・坪井潤一・岩田智也(2006):河川工作物がイワナとアマゴの個体群存続におよぼす影響. 保全生態学研究, 11, 4-12.
- 2) 大浜秀規・高橋一孝(1998):溪流魚在来個体群の生息域推定. 山梨県水産技術センター事業報告書, 25, 24-28.
- 3) 加地弘一・大浜秀規(2003):溪流魚在来個体群の生息域推定—III. 山梨県水産技術センター事業報告書, 31, 24-28.
- 4) 加地弘一・坪井潤一(2005):溪流魚在来個体群の生息域推定—IV. 山梨県水産技術センター事業報告書, 32, 24-28.
- 5) 坪井潤一・遠藤辰典・加地弘一(2006):溪流魚在来個体群の生息域推定—V. 山梨県水産技術センター事業報告書, 33, 24-27.
- 6) 坪井潤一(2007):溪流魚在来個体群の生息域推定—VI. 山梨県水産技術センター事業報告書, 34, 26-28.
- 7) 山梨県(2005):『2005山梨県レッドデータブック』pp192.
- 8) Tsuboi et al., (2013): Life History Traits of White Spotted Charr in an Alpine Environment: Implications for Local Adaptation along an Altitude Gradient¹. Journal of Ichthyology, 53,10, 884-888
- 9) Yamamoto et al., (2004): Phylogeography of white-spotted charr (*Salvelinus leucomaenis*) inferred from Mitochondrial DNA Sequences. Zool. Sci., 21:229-240