

## 研究成果報告書

(国立情報学研究所の民間助成研究成果概要データベース・登録原稿)

研究テーマ (和文)	清流長良川の伝統漁業・遊漁を支える水産資源変動の可視化技術の開発		
研究テーマ (英文)	Unified framework to visualize aquatic resource dynamics in Nagara River		
研究期間	2021年～2023年		研究機関名 京都大学生態学研究センター
研究代表者	氏名	(漢字)	佐藤拓哉
		(カタカナ)	サトウタクヤ
		(英文)	Takuya Sato
	所属機関・職名		京都大学生態学研究センター
共同研究者 (1名をこえる場合は、別紙追加用紙へ)	氏名	(漢字)	別紙に記載
		(カタカナ)	
		(英文)	
	所属機関・職名		

概要 (600字～800字程度にまとめてください。)

本研究プロジェクトでは、最新のゲノム科学と地球化学の知識と技術を融合し、長良川流域全体を対象として、水産資源魚類であるサツキマスの産卵支流を推定し、支流集団ごとの親魚個体数(資源量)を推定する手法を開発した。

2017-2022年に収集した248個体のサツキマス(養殖場由来個体も含む)について、GRAS-Di(引用)を用いてゲノム全体から一塩基多型(SNPs)を膨大に取得した(5,290SNPs)。このSNPsに基づいて、系統解析を行ったところ、野生のサツキマスに明瞭な遺伝的集団構造は認められなかった。そこで、長良川流域の野生サツキマスは一つの大きな集団として維持されていると判断し、当該集団内の近親関係を推定して、分析試料に含まれる半兄弟の割合を得た。この半兄弟の割合を用いて、Close-kin mark-recapture(CKMR)手法によって親魚個体数を推定した。その結果、分析試料とした2021年のサツキマスを生み出すと考えられる2019年の長良川流域の親魚個体数は、約1000個体と推定された。さらに、ゲノム情報から近年の有効集団サイズを推定したところ、約1000個体と推定された。

一方、耳石のストロンチウム同位体比の時系列分析から、長良川流域において、サツキマスの主要な出生場所はおおよそ3支流にしかないことが明らかになった。各出生支流でのサツキマス幼魚の出生確率と親魚個体数の推定値を掛け合わせた場合、2021年に捕獲されたサツキマスを生み出した親魚は、各出生支流に数十～数百個体程度しかいなかったと推定された。ただし、サツキマスは河川残留型のアマゴ同士の子からも出現する可能性があるため、この推定個体数は、現状の最小親魚個体数と捉える必要がある。この点について、今後、アマゴとサツキマスそれぞれの親から生まれるサツキマスの頻度を野外調査から明らかにすることで、親魚推定の精度をさらに高められるはずである。

本研究で得られた成果については、その一部をすでに長良川漁業対策協議会に報告して、主要出生支流での親魚保全等に基づく持続的な資源管理について提言・議論を実施した。

発表文献（この研究を発表した雑誌・図書について記入してください。）						
雑誌	論文課題					
	著者名		雑誌名			
	ページ	～	発行年		巻号	
雑誌	論文課題					
	著者名		雑誌名			
	ページ	～	発行年		巻号	
雑誌	論文課題					
	著者名		雑誌名			
	ページ	～	発行年		巻号	
図書	書名					
	著者名					
	出版社		発行年		総ページ	
図書	書名					
	著者名					
	出版社		発行年		総ページ	

英文抄録（100語～200語程度にまとめてください。）

We developed a unified framework to estimate spatial and temporal dynamics of fisheries resources in large watersheds, using Satsukimasu (sea-run form of *Onchorhynchus masou ishikawae*) inhabiting Nagara River watershed as a research model. We successfully estimated the effective number of breeding adults in a certain year by using close-kin mark-recapture methods. In addition, we used strontium isotopic ( $^{87}\text{Sr}/^{86}\text{Sr}$ ) variation in otolith and stream water to predict the probability of birthplace for each Satsukimasu individual (i.e., natal origin) from the entire Nagara River watershed. By integrating the estimated population size (i.e., resource abundance) and the probability of natal origin, we finally estimated the annual resource abundance for each natal stream, allowing us to visualize spatial and temporal dynamics of the Satsukimatsu resource in the entire Nagara River watershed. We have submitted a report on this project to the Nagara River Inland Fisheries Task Force and have begun to discuss sustainable fisheries in the Nagara River watershed.

共同研究者	氏名	(漢字)	太田 民久	
		(カタカナ)	オオタ タミヒサ	
		(英文)	Tamihisa Ohta	
	所属機関・職名		富山大学 学術研究部 理学系・講師	
	氏名	(漢字)	飯塚 毅	
		(カタカナ)	イイツカ ツヨシ	
		(英文)	Tsuyoshi Iizuka	
	所属機関・職名		東京大学大学院 理学系研究科・准教授	
	氏名	(漢字)	坪井 潤一	
		(カタカナ)	ツボイ ジュンイチ	
		(英文)	Jyunichi Tsuboi	
	所属機関・職名		国立研究開発法人水産研究・教育機構 水産技術研究所・主任研究員	
	氏名	(漢字)		
		(カタカナ)		
		(英文)		
	所属機関・職名			
	氏名	(漢字)		
		(カタカナ)		
		(英文)		
	所属機関・職名			
	氏名	(漢字)		
		(カタカナ)		
		(英文)		
	所属機関・職名			
氏名	(漢字)			
	(カタカナ)			
	(英文)			
所属機関・職名				
氏名	(漢字)			
	(カタカナ)			
	(英文)			
所属機関・職名				