

耳石の同位体分析および遺伝子解析を応用したサツキマス個体群のレジリエンス推定

富山大学 太田民久

自然界には、生物の繁殖や成長が、ある生息地や生活史タイプでうまくいかない年に、別の生息地や生活史タイプの個体が補償することで、生息地全体の個体数が、安定的に維持されるというレジリエンス機能が備わっています。しかし、サツキマスのような野生生物を対象に、これらを定量的に評価することは非常に難しいです。しかし、最新の遺伝子解析を用いると、生物の遺伝子グループごとの個体数を推定することができます。さらに、魚の耳石ストロンチウム同位体比を分析することで、それぞれの個体がどこで生息し、どのように移動してきたかを高精度に推定することが可能となっています。我々のグループは、これら2つの手法を組み合わせることで、生息地や生活史の多様性が維持され、レジリエンス機能が高い河川ネットワーク構造を可視化することを目指しております。

