

令和 5 年 6 月 12 日現在

機関番号：14301

研究種目：基盤研究(C)（一般）

研究期間：2019～2022

課題番号：19K06206

研究課題名（和文）海水魚には本当に絶滅危惧種は少ないのか？ 兄弟姉妹推定による絶滅危険度評価法開発

研究課題名（英文）Assessing the risk of extinction in marine fish species through the monitoring of changes in the effective number of breeders

研究代表者

中山 耕至（NAKAYAMA, Kouji）

京都大学・農学研究科・助教

研究者番号：50324661

交付決定額（研究期間全体）：（直接経費） 3,400,000円

研究成果の概要（和文）：海水魚は淡水魚とは異なり開放的な環境に生息していることが多いため、個体数の経年的減少の確認などに基づく絶滅危険度の定量評価が難しく、それが海水魚で絶滅危惧種の指定が進んでいないことの一つの理由と考えられる。本研究では、有明海特産魚の数種を対象とし、複数年級群の稚魚を用いて、マイクロサテライトDNAおよびゲノムワイド塩基多型分析に基づく有効親個体数の推定を行い、その経年的変化から絶滅危険度を評価することが可能かどうか検討した。

研究成果の学術的意義や社会的意義

海水魚では絶滅危険度の評価が難しく、現状では多くの種において検討が不十分と考えられるが、なかには水産重要種でありながら絶滅が懸念されるものも含まれている。万一実際に絶滅してしまった場合には、生物多様性のみならず水産業上の深刻なダメージともなるが、逆にむやみに絶滅危惧指定を行った場合にも水産業に支障が生じる可能性があるため、保全と水産業の両立のためには絶滅危険度の適切な評価が重要となる。本研究では複数年級群の稚魚について有効親個体数の推定を行い、その経年変化を絶滅危険度の評価に利用できる可能性を示した。

研究成果の概要（英文）：In contrast to freshwater fishes, marine fishes commonly inhabit unrestricted habitats, making it difficult to quantitatively evaluate the risk of extinction through the observation of population declines over time. This could explain the limited progress in listing endangered species in marine fishes. In this study, we estimated effective number of breeders for multiple cohorts of several species from Ariake Sea, based on microsatellite DNA and genome-wide single nucleotide polymorphism analysis. Our objective was to ascertain the feasibility of assessing the risk of extinction by monitoring changes in the effective number of breeders.

研究分野：魚類生態学

キーワード：有効親個体数 海水魚 絶滅危惧種

1. 研究開始当初の背景

日本では野生生物の全国レベルにおける絶滅危険度の評価は環境省によって行われており、その結果は環境省レッドリストとしてまとめられ、基本的に5年ごとに見直しが行われている。本研究開始時の最新版であるレッドリスト2018では、淡水魚(汽水魚を含む)では、絶滅危惧種として169種が挙げられていた。約400種を対象として評価を行っているため、絶滅危惧種の率は約42%である。それに対し、海水魚では近年までレッドリストが作成されていなかった。2017年に初めて海水魚レッドリストが作成されたが、そこに掲載された絶滅危惧種数は16種であった。日本に分布する約3900種の海水魚を評価対象としているため、絶滅危惧種の率は約0.4%であり、淡水魚に比べて100分の1以下となっている。

これは、海水魚では絶滅危惧種が実際に少ないというより、海水魚では絶滅危惧種の判定が難しいことを反映している可能性が高い。絶滅危惧種の判定基準には定性的要件と定量的要件(数値基準)が併用されているが、定量的要件としては、例えば最も危険度の高い絶滅危惧 IA 類の場合、「過去10年間もしくは3世代に80%以上の個体数減少があった」、「産卵親魚数が50未満」、「生息地面積が10km²未満」などが挙げられている。淡水魚が閉鎖的な陸水環境に住み、分布域も限定的であるのに対し、海水魚の多くは開放的で広大な環境に住むため、生息個体数、産卵親魚数、生息地の面積・環境のいずれも調べるのが難しく、絶滅危険度の正確な評価につながっていないと考えられる。このことは、「情報不足(絶滅のおそれがあっても、そのように判定するに足る情報が得られなかった)」とされた種が112種あったことから伺える。

このように絶滅危険度の評価が現状では不十分と思われる海水魚であるが、危険度を適切に評価することは、淡水魚以上に重要な場合もある。海水魚は水産重要種の大半を含むが、なかにはかつては多く漁獲されていたのに、乱獲等によって現在では絶滅の可能性が示唆される種がある。近年ではマグロ類の例がよく知られているが、他にもそのような種があることが予想され、万一実際に絶滅してしまった場合は、生物多様性のみならず、水産業上の深刻なダメージとなる。逆に、むやみに絶滅危惧指定を行った場合も、水産業に支障が生じる。海水魚では、保全と水産業の両立のために、絶滅危険度の適切な評価が不可欠である。

2. 研究の目的

本研究では、絶滅危惧種判定基準の定量的要件のなかで、海水魚においても比較的容易に推定できる可能性があるものとして経年的な個体数の減少に着目し、複数の対象種について遺伝学的な分析からそれを示すことができるかどうかを検討した。成魚の実個体数を推定するのは特定の漁業対象種を除き多くの場合困難であるが、同一年級群のサンプルを用いれば有効親個体数(Nb)を分子マーカーから算出することができ、それを成魚個体数の指標として、経年変化を調べることが可能と考えられる。非漁業対象種や希少種では同一年級群のサンプルを多数揃えるのが困難な場合も多いと予想されるが、その場合には稚魚を対象とすることで対応可能な種があると考えられる。

3. 研究の方法

九州西部の有明海において、海水魚および通し回遊魚の数種を対象とし、複数の年級群について遺伝学的手法によって有効親個体数を算出し、その経年的変化を調べた。当初計画では研究期間中の各年に標本採集を行ってサンプルとする予定だったが、感染症拡大のために十分な採集を実施することができず、過去に採集された保管標本の利用を試みた。また、単一年級群のサンプルの分析から、過去100世代程度遡った有効個体数の変動推定が可能かどうかについても検討した。

4. 研究成果

ハゼクチおよびヤマノカミについては、主に過去の保管標本を利用してマイクロサテライトDNA分析を行った。ハゼクチでは、2005年-2019年の期間の7年級群(2005年、2006年、2015年-2019年)の稚魚について、新規開発のマイクロサテライトDNA 10座位を用いて sibship assignment 法によって有効親個体数を推定したところ、その範囲は39-52であり、期間内に減少傾向は認められなかった。ヤマノカミでは、2007-2018年の期間の6年級群(2007年、2009年、2015-2018年)の稚魚について、同様に新規開発したマイクロサテライトDNA 10座位によって有効親個体数を推定したところ、その範囲は58-180であり、期間内で一貫した減少や増加の傾向は認められなかった。

より正確な有効親個体数推定と、過去に遡った有効個体数変動の推定のため、エツ、アリアケヒメシラウオ、ヤマノカミの3種については、RAD-seq および GRAS-Di によるゲノムワイドな塩基多型(SNP)分析を行った。その結果、ヤマノカミの1997年級群-2015年級群の間およびエツ

の 2008 年級群-2019 年級群の間では linkage disequilibrium 法によって求められた有効親個体数の減少は認められなかった。それに対し、アリアケヒメシラウオの 2012 年級群では 1997 年級群と比べて有効親個体数が著しく減少していた(表 1)。アリアケヒメシラウオは 2020 年には国内希少野生動物種に指定されるなど、この 3 種のなかでも特に絶滅が懸念される状態であるが、有効親個体数の推移からもそれが裏付けられたと言える。ヤマノカミについては、過去 100 世代程度の有効個体数の変動を GONE ソフトウェアによって推定したところ、近年における減少傾向は確認されなかった(図 1)。エツおよびアリアケヒメシラウオでは取得した SNP の座位数が十分ではなく、過去に遡った推定では信頼性の高い結果が得られなかった。

	ヤマノカミ (2015)	ヤマノカミ (1997)	エツ (2019)	エツ (2008)
有効親個体数	1965	562	2760	2541
95%信頼区間	1945-1985	558-565	2671-2854	2451-2637
アリアケヒメシラウオ (2012)		アリアケヒメシラウオ (1997)		
有効親個体数	2173	4660		
95%信頼区間	1884-2566	4286-5106		

表 1 ヤマノカミ, エツ, アリアケヒメシラウオの各 2 年級群における有効親個体数

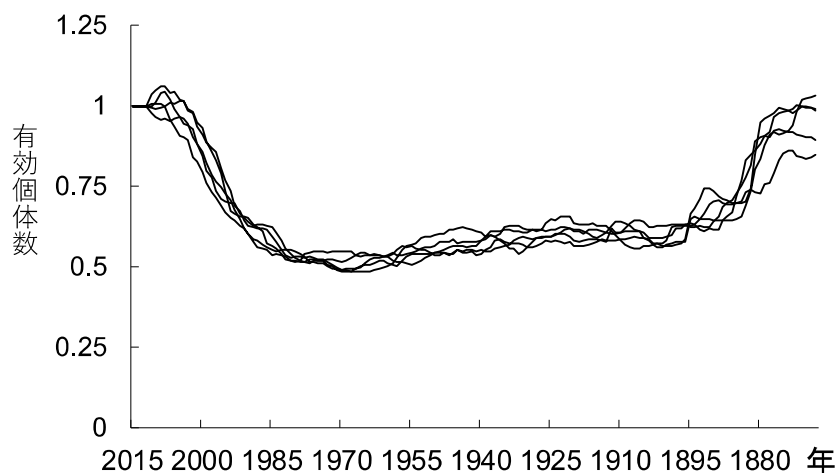


図 1 ヤマノカミの 2015 年級群データに基づく GONE ソフトウェアによる有効個体数推移。2015 年時点を 1 とした相対表示。

5. 主な発表論文等

〔雑誌論文〕 計0件

〔学会発表〕 計1件（うち招待講演 0件 / うち国際学会 0件）

1. 発表者名 横井泰周・中山耕至
2. 発表標題 ヤマノカミの仔稚魚採集数経年変化と遺伝的分析に基づく集団サイズ変動推定の試み
3. 学会等名 2021年度日本魚類学会年会
4. 発表年 2021年

〔図書〕 計0件

〔産業財産権〕

〔その他〕

-

6. 研究組織

氏名 (ローマ字氏名) (研究者番号)	所属研究機関・部局・職 (機関番号)	備考
---------------------------	-----------------------	----

7. 科研費を使用して開催した国際研究集会

〔国際研究集会〕 計0件

8. 本研究に関連して実施した国際共同研究の実施状況

共同研究相手国	相手方研究機関
---------	---------