

科学研究費助成事業 研究成果報告書

平成 26 年 6 月 13 日現在

機関番号：14301

研究種目：基盤研究(C)

研究期間：2011～2013

課題番号：23580253

研究課題名(和文) 養殖用として移入された外来海産魚による日本在来魚への遺伝的攪乱の解明

研究課題名(英文) Assessment of genetic disturbance via hybridization in marine fishes by artificially introduced exotic populations

研究代表者

中山 耕至 (NAKAYAMA, KOUJI)

京都大学・(連合)農学研究科(研究院)・助教

研究者番号：50324661

交付決定額(研究期間全体)：(直接経費) 3,600,000円、(間接経費) 1,080,000円

研究成果の概要(和文)： 国外から養殖などのために移入される魚類種苗は日本在来魚に遺伝的攪乱などの悪影響を引き起こす可能性があるが、淡水魚と異なり海産魚ではその危険性や現状についてほとんど調査がなされていない。本研究では、これまでに移入された海産魚のうち、自然海域への散逸量の多いタイリクスズキについて、在来のスズキへの遺伝的影響が生じているかどうか調べた。その結果、高知県では移入タイリクスズキと在来スズキの間の交雑に由来すると推定される個体が確認され、海産魚においても外来魚の導入に際しては在来魚との遺伝的差異や交雑可能性などについて十分な検討が必要なが示された。

研究成果の概要(英文)： Genetic disturbance via hybridization in Japanese temperate bass *Lateolabrax japonicus* around Japanese coastal waters was assessed using mitochondrial DNA and microsatellite DNA markers. Several specimens collected in Kochi Prefecture were inferred as hybrid between native Japanese temperate bass and artificially introduced Chinese temperate bass, indicating the risk of non-native seed in marine aquaculture. The assessment of genetic heterogeneity between native and non-native populations and the evaluation of the possibility of hybridization prior to introducing non-native seed are desirable.

研究分野：農学

科研費の分科・細目：水産学・水産学一般

キーワード：外来種 遺伝的攪乱 スズキ

## 1. 研究開始当初の背景

海外から人為的に持ち込まれる生物は、国内に定着して在来生態系に大きな影響を与えることがあり、侵略的外来種として注目され、「特定外来生物による生態系等に係る被害の防止に関する法律」によりさまざまな規制が行われるなど、注意が払われている。魚類ではブラックバスやブルーギルをはじめ、多くの種が規制対象とされているが、ほぼ全て淡水魚である。海産魚でも多くの種が海外から国内に持ち込まれており、スズキ科のタイリクスズキのように日本沿岸で多数の個体が確認されるようになったものもあるが、これまでのところ、ブラックバス等のように外来種が国内で定着に至った例は知られていない。しかし、国内に在来の同種ないし近縁種が分布している魚種が移入される例が多いため、交雑による在来種への悪影響、すなわち遺伝的攪乱の問題が懸念されている。

日本沿岸では海面養殖および栽培漁業が盛んに行われており、多くの種苗が必要とされている。養殖用または放流用の種苗は国内で生産されるほか、コストの安さなどの理由で海外から日本産と同種または近縁種の卵や稚魚が輸入されることも多い。海産魚類は、同一種内でも各海域で遺伝的に独立した地域個体群に分化している場合が多く、それぞれの分布海域の環境に適応した特性を発達させていると考えられる。このため、移入種苗が散逸し在来の個体群と交雑した場合、遺伝的攪乱によって在来個体群の資源に悪影響を与える危険性がある。それにもかかわらず、移入に際して海外産と日本産との間で遺伝的形質の差異について事前調査が行われることは無く、また、国内で移入魚と在来魚の間で交雑が生じているかどうか調査がなされることもほとんど無いのが現状である。

## 2. 研究の目的

本研究では、移入された外来海産魚が日本在来魚に遺伝的攪乱を引き起こす可能性について検討するため、以下の2点について調査を行った。

(1)国内での遺伝的攪乱の有無の調査： これまでに移入された外来海産魚のうち、自然海域での確認例が最も多いタイリクスズキについて、在来の近縁種であるスズキとの間で交雑が生じているかどうかを調べる。朝鮮半島から中国沿岸に分布するタイリクスズキは、体側に黒点が散在するなどの点で日本沿岸のスズキと識別されるが、成長が速いという利点のために1990年代から台湾や中国より卵や稚魚が輸入され、西日本を中心に盛んに養殖が行われた。それが自然海域に多く逃げ出し、漁業者や遊漁者により多数が漁獲され、新たな釣り対象種として雑誌等で認知されるほどになった。タイリクスズキは散逸個体数が極めて多いだけでなく、在来のスズキと少なくとも人工的には交配可能であり、また、九州有明海には歴史的な時間スケールで

生じた両種の交雑個体群が知られていることから、遺伝的攪乱が生じている可能性は高いと考えられた。

(2)国内個体群と国外個体群の遺伝的差異の検討： 海産魚では国外からの種苗輸入に関して制限が無く、今後も様々な魚種で導入が試みられる可能性があるが、個別魚種について国内個体群と遺伝的に異質でないか事前に調査されることはほぼ無いため、代表的な種について遺伝的分析を行い、国外個体群導入の妥当性について概観する必要がある。種苗の原産地は東アジアが主流のため、底魚と浮魚のいくつかの魚種について、韓国・中国産と日本産との間で遺伝的形質の比較を行う。

## 3. 研究の方法

(1)タイリクスズキによるスズキへの遺伝的攪乱の調査

自然分布域でのタイリクスズキとスズキの遺伝的差異および自然交雑の有無の確認

タイリクスズキおよびスズキがそれぞれ単独で分布する中国広東省および宮城県サンプルを用いて、両種間の遺伝的差異を確認した。手法としては、ミトコンドリアDNA調節領域342bpの塩基配列分析と、マイクロサテライトDNA9座位の分析を用いた。次に、両種の分布境界に近い韓国南岸から中国北部沿岸にかけての5地点で採集された計143個体の遺伝分析を行い、両種が自然分布下で交雑しているかどうかを調べた。

国内における移入タイリクスズキから在来スズキへの遺伝的攪乱の調査

移入されたタイリクスズキが多く確認されている瀬戸内海および高知県を中心として、15地点から計544個体のサンプルについて遺伝分析を行い、タイリクスズキの遺伝的要素を持つスズキの有無を調べた。手法はと同様にミトコンドリアDNA調節領域とマイクロサテライトDNA9座位を用いた。移入第一世代を除くために、サンプルは稚魚および小型個体を中心とした。

(2)国内個体群と国外個体群の遺伝的差異の検討

アカシタビラメ-デンベエシタビラメ種群

ウシノシタ科のアカシタビラメは日本から韓国・中国沿岸に、デンベエシタビラメは有明海と韓国・中国沿岸に分布するとされているが、形態的に識別困難であるため両者を同種する場合もあり、日本産と韓国・中国産の違いについてはよくわかっていない。日本から韓国にかけての7地点から計272個体について遺伝分析を行い、差異の有無を調べた。手法にはミトコンドリアDNAシトクロームb遺伝子領域1199bpの塩基配列分析と、核DNAのAFLP分析(6プライマーセット)を用いた。さらに11形質を用いた形態的分析も行った。

コノシロ

ニシン科のコノシロは日本から韓国・中国

沿岸に分布するが、内湾性が強く分散力が小さいとされているため、地域間の遺伝的分化が強く生じている可能性が考えられる。西日本および韓国の 12 地点から計 356 個体についてミトコンドリア DNA 調節領域 405bp の塩基配列分析を行い、地点間の遺伝的差異を調べた。

#### マコガレイ

カレイ科のマコガレイは日本から韓国、中国北部に分布するが、沈性卵を産むため、地域間の遺伝的分化が大きい可能性が考えられる。韓国南岸を中心とした 5 地点からの計 265 個体についてミトコンドリア DNA 調節領域 379bp の塩基配列分析を行い、日本産のデータと比較した。

### 4. 研究成果

#### (1) タイリクスズキによるスズキへの遺伝的攪乱の調査

自然分布域でのタイリクスズキとスズキの遺伝的差異および自然交雑の有無の確認

タイリクスズキとスズキがそれぞれ単独分布している中国広東省および宮城県サンプルを分析した結果、ミトコンドリア DNA 調節領域の塩基配列分析においてもマイクロサテライト DNA の STRUCTURE 分析においても両種は明瞭に異なるクラスターを形成したため、両種間での交雑個体を検出することは可能と考えられた。韓国南岸から中国北部の 5 地点についての分析では、143 個体中 12 個体がマイクロサテライト DNA 分析において両種の間接的な状態を示し、種間の自然交雑個体と推定された。タイリクスズキとスズキの自然状態での交雑が確認されたのは初めてであり、日本沿岸においても移入されたタイリクスズキとスズキの間で交雑が生じる可能性が強く示唆された。

国内における移入タイリクスズキから在来スズキへの遺伝的攪乱の調査

瀬戸内海および高知県を中心とした 15 地点から計 544 個体のサンプルを分析した結果、山口県瀬戸内海側、兵庫県瀬戸内海側、佐賀県玄界灘側、高知県において、ミトコンドリア DNA 分析およびマイクロサテライト DNA 分析により両種の交雑に由来すると推定されるものが計 9 個体見出された。そのうち、山口県、兵庫県、佐賀県のものはマイクロサテライト DNA 分析でスズキの遺伝的要素が優勢であり、ミトコンドリア DNA もスズキ型のハプロタイプであったことから、人為移入タイリクスズキによる遺伝的攪乱によるものか、過去の歴史的な自然交雑の痕跡であるのか判断ができなかった。それに対し、高知県では、マイクロサテライト DNA 分析で両種の F1 であると推定される個体や、マイクロサテライト DNA 分析ではスズキと判断されるにもかかわらずミトコンドリア DNA はタイリクスズキ型を示す個体が確認されており、近年の人為移入タイリクスズキによる遺伝的攪乱が生じている可能性が高いと考えられた。海産

魚においても移入外来種による遺伝的攪乱が生じていることが示されたため、今後新規魚種を養殖用または放流用種苗として移入する際には、事前に在来種との遺伝的差異や交雑可能性について慎重に検討することが必要と考えられる。

#### (2) 国内個体群と国外個体群の遺伝的差異の検討

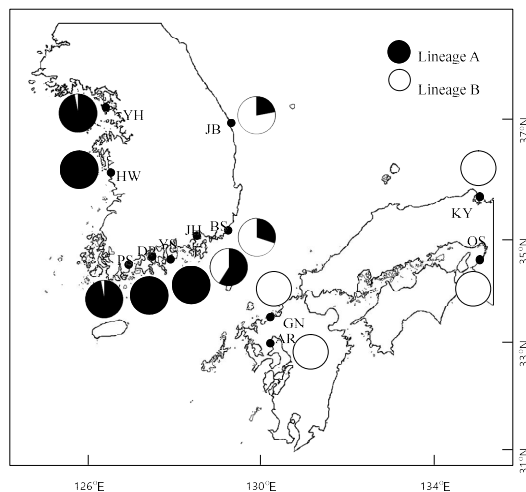
本研究で調査を行った 3 種のいずれにおいても日本産と韓国・中国産個体群の間では大きな遺伝的分化が確認された。また予備的分析を行ったマダラおよびコモンカスベでも同様の差異が確認されているため、日本沿岸と近隣諸国沿岸との間の分化は様々な魚種において従来考えられていたよりも大きい可能性があると思われた。

#### アカシタビラメ-デンベエシタビラメ種群

日本から韓国にかけての 7 地点から計 272 個体について遺伝分析を行った結果、ミトコンドリア DNA 分析においても AFLP マーカーの STRUCTURE 分析においても明瞭に異なる 2 つのクラスターが見出された。一方は韓国沿岸に、他方は福島県等の日本沿岸に分布し、形態的分析においても差異が見られたことから、両者は別種であり、それぞれデンベエシタビラメとアカシタビラメに相当すると考えられた。韓国ではデンベエシタビラメのみが出現し、アカシタビラメは確認されなかった。有明海および西日本の数地点では両種の遺伝的要素を併せ持つ個体が認められ、過去の二次的接触による種間自然交雑に由来するものと推定された。

#### コノシロ

西日本および韓国の 12 地点から計 356 個体についてミトコンドリア DNA 調節領域の分析を行った結果、明瞭に分離される 2 つのクラスターが見出された。一方は韓国沿岸のみに分布しており、他方は日本沿岸および韓国南岸-東岸に分布していた。このことから、コノシロの日本産個体群と韓国産個体群との間には遺伝的交流がなく、大きく分化していると考えられた。



マコガレイ

韓国南岸を中心とした5地点から計265個体についてミトコンドリアDNA調節領域の分析を行った結果、韓国内では明瞭な分化は認められなかったが、既報の日本産個体群との間ではハプロタイプが共有されないことが確認された。このことから、マコガレイの日本産個体群と韓国産個体群は遺伝的に分化していると考えられた。

5. 主な発表論文等  
(研究代表者、研究分担者及び連携研究者には下線)

[雑誌論文](計 2件)

1. Gwak WS, Nakayama K. 2011. Genetic variation and population structure of the Pacific cod *Gadus macrocephalus* in Korean waters revealed by mtDNA and msDNA markers. Fisheries Science, 77: 945-952. Doi 10.1007/s12562-011-0403-2 査読あり
2. Lee SJ, Lee SG, Gwak WS. 2012. Population genetic structure and genetic variability of the marbled sole *Pleuronectes yokohamae* on the coast of Gyeongsangnam-do, Korea. Animal Cells and Systems, 16: 498-505. Doi 10.1080/19768354.2012.702683 査読あり

[学会発表](計 4件)

1. 山田 諒・中山耕至・Gwak WS. 中国および韓国におけるスズキ-タイリクスズキ間の自然交雑の確認。日本魚類学会, 2013年10月4日~6日, 宮崎観光ホテル(宮崎県宮崎市)
2. Gwak WS・Han DH・中山耕至。ミトコンドリアDNA分析からみた韓国および日本沿岸におけるコノシロの遺伝的集団構造。日本魚類学会, 2013年10月4日~6日, 宮崎観光ホテル(宮崎県宮崎市)
3. Gwak WS, Han DH, Nakayama K. Population structure and sequence divergence in the mitochondrial DNA control region of gizzard shad *Konosirus punctatus* in Korea and Japan. 9<sup>th</sup> Indo-Pacific fish conference, 2013年6月24日~28日, 沖縄コンベンションセンター(沖縄県宜野湾市)
4. 田路拓人・中山耕至。アカシタビラメとデンベエシタビラメの遺伝的比較。日本魚類学会, 2012年9月21日~24日, 水産大学校(山口県下関市)

[図書](計 0件)

[産業財産権]

出願状況(計 0件)

名称:  
発明者:

権利者:  
種類:  
番号:  
出願年月日:  
国内外の別:

取得状況(計 0件)

名称:  
発明者:  
権利者:  
種類:  
番号:  
取得年月日:  
国内外の別:

[その他]  
ホームページ等

6. 研究組織

(1)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

(2)研究分担者

( )

研究者番号:

(3)連携研究者

( )

研究者番号:

(4)研究協力者

Gwak Woo-Seok  
韓国慶尚大学