

科学研究費助成事業 研究成果報告書

平成 29 年 6 月 23 日現在

機関番号：12605

研究種目：挑戦的萌芽研究

研究期間：2014～2016

課題番号：26660190

研究課題名(和文)国内淡水魚の遺伝子かく乱予測モデルの開発 共存関係に基づくリスク評価

研究課題名(英文)Coexistence-based risk assessment of genetic intrusion of domestic alien fish species

研究代表者

福田 信二(Fukuda, Shinji)

東京農工大学・(連合)農学研究科(研究院)・助教

研究者番号：70437771

交付決定額(研究期間全体)：(直接経費) 2,900,000円

研究成果の概要(和文)：本研究においてモツゴの遺伝子かく乱の現状調査を実施した結果、多摩川水系では大陸型および西日本型の個体の移入が確認され、特に、大陸型の遺伝子を有するモツゴが多かった。荒川では、場所により、大陸型と西日本型の遺伝子を有するモツゴが確認された。利根川水系(手賀沼と印旛沼)では、一部のモツゴで大陸型の遺伝子が確認されたものの、多くは東日本型の遺伝子を有しており、遺伝子かく乱の進行は進んでいない可能性が示唆された。同水域には、多くの国内外来魚が定着していることから、より詳細な調査が必要である。また、モツゴの移入種としての生理生態的特性を、捕食特性実験により評価し、体サイズの影響等を確認した。

研究成果の概要(英文)：This study investigated the current situation of genetic intrusion, focusing on Topmouth gudgeon (*Pseudorasbora parva*). We observed many *P. parva* with genes originated in the continent in Tama river. In Ara river, genes originated in both continent-origin and western Japan were observed. Despite the invasions by domestic alien species, *P. parva* genes were not so intruded by the alien individuals. To reveal invasiveness of *P. parva*, a series of laboratory experiments were conducted to assess a functional response to food resources such as chironomid larvae and daphnia. We observed size-dependent responses in the fish.

研究分野：地域環境工学・計画学

キーワード：遺伝子かく乱 生物多様性 生息環境 数値地図情報 空間分布モデリング 捕食特性

1. 研究開始当初の背景

水田水域は、日本における生物多様性のホットスポットとして広く知られている。一方、外来種は生物多様性を脅かし、生物資源とその利用に悪影響を与えることから、世界的な hot issue として注目されている。さらに、近年では、日本産魚類の国内での移殖・導入による『国内外来魚』問題の深刻化しており、地域固有の進化を遂げてきた生物の遺伝的多様性が急速に失われつつある。しかしながら、水田水域での遺伝子かく乱は全く認識されておらず、現状把握すらなされていない。したがって、水田水域における遺伝的多様性の現状解明と遺伝子かく乱の高精度予測モデルの開発、そして、それに基づく外来種対策や在来種保全手法の確立は喫緊の課題である。

淡水魚の遺伝子かく乱は、アユやコイといった釣りや漁業の対象種を放流する際に混入した様々な魚種が人為的に分布を拡大したことに起因している。したがって、種内の遺伝子かく乱は、他の国内外来種の侵入と同時に進行している可能性が高い。例えば、北部九州では、在来種のモツゴと国内外来種のゲンゴロウブナの生息環境が類似しており、ゲンゴロウブナの出現確率から他地域産モツゴの九州個体群への侵入を予測できる可能性がある。

2. 研究の目的

本研究では、北部九州を中心とする魚類分布データベース（分布地点と環境情報）に基づき、対象種の生息分布と他種との共存関係をモデル化し、その出現確率を説明変数として遺伝子かく乱度を予測する数理モデルを構築する。その際、生息分布モデルと遺伝子かく乱モデルには、先進的な機械学習を駆使し、高精度化する。遺伝子かく乱ポテンシャルは、GIS（地理情報システム）技術を用いて可視化するとともに、生息場適性や変数の重要度等を解析することにより、保全・対策における重要魚種や環境条件を特定する。

3. 研究の方法

本研究では、水田水域に生息する代表魚種であるニッポンバラタナゴとモツゴの2種に注目し、遺伝子かく乱予測モデル構築する。具体的には、④淡水魚類データベースの充実（鬼倉）、⑤在来淡水魚の遺伝子かく乱の評価（向井）、⑥共存関係に基づく遺伝子かく乱予測モデルの構築（福田）の3項目について、効率的かつ確実な研究体制をとった。

まず、淡水魚類データベースの分布情報および環境情報から複数種の共存関係に関する生息分布モデルを構築し、その解析結果（出現確率）と対象魚の遺伝子かく乱状況に基づいて、遺伝子かく乱予測モデルを構築する。その際、先進的な機械学習（例えば、ランダムフォレスト）を援用し、高精度な予測モデルを構築する。最終的には、遺伝子かく

乱ポテンシャルをGIS技術により可視化するとともに、生息場適性や変数の重要度について解析し、重要魚種および環境条件を特定する。

4. 研究成果

関東の主要河川のうち、多摩川（9地点）、荒川（3地点）、利根川（8地点）の各水系における計20地点において、モツゴの遺伝子かく乱の現状調査を実施した。各地点10個体の遺伝子分析の結果、多摩川水系では大陸型および西日本型の個体の移入が確認され、特に、大陸型の遺伝子を有するモツゴが多かった。荒川では、場所により、大陸型と西日本型の遺伝子を有するモツゴが確認された。利根川水系では、手賀沼および印旛沼において調査したが、結果として、一部のモツゴで大陸型の遺伝子が確認されたものの、多くは東日本型の遺伝子を有しており、遺伝子かく乱の進行は進んでいないことが示唆された。以上の分析結果を総魚種数や移入種数と比較したところ、明瞭な関係性はみられず、水域ごとに特徴づけられる結果となった。これは、外来遺伝子の移入が、他魚種（例えば、商業価値の高いアユ等）の放流に付随して発生したことを示唆している。すなわち、商業価値の高い魚種の放流履歴（時期と放流量）によって各調査地点における遺伝子かく乱度を特徴づけられる可能性がある。しかしながら、捕食-被食等の種間関係も考慮する必要があり、遺伝子かく乱のメカニズムの解明には更なる研究が必要である。

その他、モツゴが海外においては侵略的外来種として認識されていることから、モツゴが有する移入種としての特性を評価するために、functional responseの一つとして捕食特性を実験的に評価した。結果として、餌生物や地域ごとに捕食特性が異なることが明らかになり、体サイズによって捕食量が異なることが確認できた。個体数の影響は限定的であった。

最後に、遺伝子かく乱予測モデルについては、モツゴとゲンゴロウブナの共存モデルの出力値を遺伝子かく乱予測モデルの入力値として用いることにより、遺伝子かく乱度の推定が可能であることが示唆された。今後は、国内外来魚の侵入状況に基づく遺伝子かく乱リスク評価の検証が必要である。

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 9 件)

1. Okawa T, Kurita Y, Kanno K, Onikura N, Molecular analysis of the distributions of the invasive Asian clam, *Corbicula fluminea* (Mueller), and threatened native clam, *C. leana* (Prime), on Kyushu Island, Japan. *BioInvasions Records*, 5, 25-29, 2016. 査読

- 有 DOI: 10.3391/bir.2016.5.1.05
2. Koyama A, Inui R, Iyooka H, Akamatsu Y, Onikura N, Habitat suitability of eight threatened gobies inhabiting tidal flats in temperate estuaries: model development in the estuary of the Kuma River in Kyushu Island, Japan. *Ichthyological Research*, 63, 307-314, 2016. 査読有
DOI: 10.1007/s10228-015-0490-7
 3. Kitanishi, S., Hayakawa, A., Takamura, K., Nakajima, J., Kawaguchi, Y., Onikura, N., Mukai, T., Phylogeography of *Opsariichthys platypus* in Japan based on mitochondrial DNA sequences. *Ichthyological Research*, 63: 506, 2016. 査読有 DOI: 10.1007/s10228-016-0522-y
 4. Ishizaki, D., Mukai, T., Kikko, T., Yodo, T., Contrasting life history patterns of the goby *Rhinogobius similis* in central Japan indicated by otolith Sr: Ca ratios. *Ichthyological Research*, 63, 288, 2016. 査読有 DOI: 10.1007/s10228-015-0499-y
 5. Muñoz-Mas, R., Fukuda, S., Vezza, P., Martínez-Capel, F., Comparing four methods for decision-tree induction: a case study on the invasive Iberian gudgeon (*Gobio lozanoi*; Doadrio & Madeira, 2004). *Ecological Informatics*, 34, 22–34, 2016. 査読有
 6. Fukuda, S., De Baets, B., Data prevalence matters when assessing species' responses using data-driven species distribution models. *Ecological Informatics*, 32, 69-78, 2016. 査読有
 7. 福田信二, エコインフォマティクスデータ駆動型モデルの生態学への応用 - システム/制御/情報, 59(10), 363-368, 2015. 査読無
 8. Onikura, N., Site selection for habitat conservation/restoration of threatened freshwater fishes in artificial channels of northern Kyushu Island, Japan. *Ichthyological Research*, 62, 197-206, 2015. 査読有
DOI: 10.1007/s10228-014-0427-6
 9. Fukuda, S., Effects of data prevalence on species distribution modelling using a genetic Takagi-Sugeno fuzzy system. *Proceedings of the SSCI 2013 GEFS*, 2013. 査読有

〔学会発表〕(計 11 件)

1. 松澤優樹・青木興成・相原星哉・福田信二 「矢川における希少魚種および水生植物の流程分布と生態水理研究」, 淡水魚保全シンポジウム (2017年1月19日, いすみ市, 大原文化センター)
2. 相原星哉・福田信二 「矢川と府中用水における水生植物および魚類相の定期モニタリング」, 関東淡水魚研究会 (2016年12月3日, 横浜市, 上郷森の家)
3. 松澤優樹・福田信二, 「矢川の魚類相とホトケドジョウの種間関係に関する基礎調

- 査」, 平成 28 年度農業農村工学会大会講演会 (2016年8月31日, 仙台市, ハーネル仙台)
4. Muñoz-Mas, R., Fukuda, S., Vezza, P., Martínez-Capel, F., 「Comparing four methods for decision-tree induction: a case study on the invasive Iberian gudgeon (*Gobio lozanoi*; Doadrio & Madeira, 2004)」第 6 回魚類学に関するイベリア地区会議 (SIBIC2016) (2016年6月23日, スペイン国ムルシア, Auditorio y Centro de Congresos Víctor Villegas)
 5. 大平充・福田信二, 「季節的な流況の変化に対する魚類群集の応答に関する基礎調査」, 平成 27 年度農業農村工学会大会講演会 (2015年9月2日, 岡山市, 岡山大学)
 6. 甲斐桑梓・栗田喜久・川本朋慶・菅野一輝・皆川朋子・鬼倉徳雄, 「菊池川水系におけるニッポンバラタナゴの遺伝的多様性」第 62 回日本生態学会大会 (2015年3月19日, 鹿児島市, 鹿児島大学)
 7. 向井豊彦, 「岐阜市における淡水魚の分布の現状とレッドリスト作成」第 62 回日本生態学会大会 (2015年3月19日, 鹿児島市, 鹿児島大学)
 8. 伊藤玄・向井豊彦・古屋康則, 「伊勢湾周辺域におけるホトケドジョウの遺伝的集団構造」第 62 回日本生態学会大会 (2015年3月19日, 鹿児島市, 鹿児島大学)
 9. Fukuda, S., 「Data-driven modelling for agricultural sciences」第 1 回アジア中山間地に関する国際会議 (AsiaHiLand2015) (2015年1月7日, タイ国チェンマイ, The Empress Hotel)
 10. 向井豊彦, 「国内外来種問題」2014 年度日本魚類学会年会シンポジウム「日本の外来魚問題の現状を考える: 外来生物法制定から 10 年で何が変わったのか?」(2014年11月17日, 小田原市, 生命の星・地球博物館)
 11. Fukuda, S., 「Does data prevalence matter when modelling habitat suitability using data-driven species distribution models?」第 8 回生態モデリングに関する欧州会議 (ECEM2014) (2014年10月30日, モロッコ国マラケシュ, Université Cadi Ayyad)

〔その他〕

ホームページ等
研究者ホームページ
<http://shinjifukuda-medaka.com/>

6. 研究組織

(1) 研究代表者

福田信二 (FUKUDA, Shinji)

東京農工大学・大学院農学研究院・助教
研究者番号: 70437771

(2) 研究分担者

鬼倉徳雄 (ONIKURA, Norio)

九州大学・大学院農学研究院・准教授

研究者番号：50403936

向井貴彦 (MUKAI, Takahiko)

岐阜大学・地域科学部・准教授

研究者番号：80377697