

令和元年6月21日現在

機関番号：84402

研究種目：研究活動スタート支援

研究期間：2017～2018

課題番号：17H07420

研究課題名(和文) 沿岸性魚類の遺伝的集団構造を推定する指標としての生息環境の有効性

研究課題名(英文) Availability of habitat characteristics for predicting population structures of coastal fishes

研究代表者

松井 彰子 (Matsui, Shoko)

大阪市立自然史博物館・学芸課・学芸員

研究者番号：00803363

交付決定額(研究期間全体)：(直接経費) 2,100,000円

研究成果の概要(和文)：本研究は、海洋生物の種内集団構造(遺伝的に固有な地域集団の分布や集団間の違い)を効率的に把握する方法の開発を目指し、その基礎的知見の収集のため、沿岸性魚類の遺伝的な集団構造と生息環境との関係を明らかにすることを目的として行った。このため、瀬戸内海周辺海域において、生息環境や分布特性の異なる沿岸性魚類多種間で遺伝的集団構造を比較した。その結果、水深や底質などの生息環境や分布特性は、沿岸性魚類の種内の遺伝的分化程度や遺伝的集団の地理的分布と密接に関わっており、海洋生物の遺伝的集団構造を推測する指標として有効である可能性が示唆された。

研究成果の学術的意義や社会的意義

種内の遺伝的集団構造を明らかにすることは、遺伝的多様性の保全や生物資源の管理に欠かせないが、海洋生物において、遺伝的集団構造に関する知見は乏しく、遺伝的多様性の保全対策も遅れている。本研究により、生息環境や分布特性などの生態的特性から沿岸性魚類の種内集団構造を推測できる可能性が示唆された。今後、遺伝的集団構造が推測できるようになれば、保全上重要な地域や保全対象種を効率的に選び出すことが可能となり、海洋生物の遺伝的多様性の保全に貢献すると期待される。

研究成果の概要(英文)：The purpose of this study is elucidation of relationships between habitat characteristics and the genetic structures of populations of coastal fishes to accumulate fundamental knowledge for development of predicting population structures of marine organisms. Around the Seto Inland Sea, Japan, genetic structures of populations of many coastal fishes were compared among different habitats and distribution characteristics. It revealed that degree and patterns of population genetic subdivision are different among species of different habitat characteristics, such as water depth and substrate types, or distribution characteristics. This result suggests the possibility that these ecological characteristics are available for predicting population structures of marine organisms.

研究分野：生物多様性・魚類生態学・系統地理学

キーワード：地域集団 遺伝的集団構造 生息環境 分布特性 ハゼ科 沿岸性魚類 瀬戸内海

## 様式 C-19、F-19-1、Z-19、CK-19（共通）

### 1. 研究開始当初の背景

海洋生物の分布は一見連続しているようでも、海峡や海流、不適な環境などによって地域間で個体の交流が制限され、種内で遺伝的に固有な地域集団（遺伝的集団）が形成されることがある。遺伝的集団は、遺伝的多様性の維持や種多様性の創出と密接にかかわっており、その存在を明らかにすることは、生物多様性の保全や生物資源の管理に欠かせない。しかし、海洋生物において、遺伝的集団が把握されているのはごく一部の種に限られており、認知されないうちに存続の危機にさらされている可能性がある。海洋生物の遺伝的集団を保全するためには、種内の遺伝的集団構造を調べ、遺伝的集団の存在を把握する必要がある。

しかし、対象海域に生息する多くの生物種の中で、どの種に海域固有の遺伝的集団が存在するのかをしらみつぶしに探すのは現実的ではない。もし、遺伝的集団の存在を推測できるような指標（たとえば生態的特性）があれば、遺伝的集団の保全上重要な地域や保全対象種を選び出すスクリーニングに役立つと考えられる。

遺伝的集団構造の形成には、生活史特性や生息環境などの生態的特性が密接に関係していることが報告されている。たとえば、浮遊幼生期の長さなどの初期生態や生息水深などの生息環境が集団の構造化の程度に影響する例が知られている（e.g. Hickey et al. 2009; Kelly and Palumbi 2010）。しかし、特に生息環境や分布特性が種内集団の構造化の程度や地理的分布に与える影響については情報が不足しており、どのような環境要素が遺伝的集団構造の把握に有効であるのかはよく分かっていない。

本研究では、沿岸性魚類多種の遺伝的集団構造と生息環境との関係を調べるためのモデルとして、瀬戸内海のハゼ科魚類に着目した。瀬戸内海には、複雑な地形と海流によって生み出された多様な環境が形成されており、異なる環境に生息する種間で遺伝的集団構造を比較するのに適している。また、瀬戸内海は、他海域（日本海・太平洋）との接続が狭い水道に限られており、海域内は多数の小島によって緩やかに区切られているため、瀬戸内海を研究対象とすることで、種内の分集団化を段階的に評価できるという利点がある。また、ハゼ科魚類は、沿岸域の多様な環境に適応して爆発的な種分化を遂げた分類群であり、各種が特異的な環境に生息する一方で、科内では他の生態的特性（初期生態や寿命など）が似通っていることが多い。したがって、ハゼ科魚類を対象とすることで、生息環境と遺伝的集団構造との関係をクリアに示すことができる。

### 2. 研究の目的

本研究では、海洋生物の遺伝的集団構造を効率的に把握する方法の開発を目指し、その基礎情報の収集のため、沿岸性魚類の遺伝的集団構造と生態的特性との関係の解明を進めている。その足掛かりとして、本課題では、生態的特性のうち生息環境および分布特性に着目し、これらの生態的特性が沿岸性魚類の遺伝的集団構造の指標になりうるか検証することを目的とする。

この目的達成のため、瀬戸内海をモデル海域、ハゼ科魚類を主とした沿岸性魚類多種をモデル生物として、生息環境・分布特性の異なる多種の遺伝的集団構造を調べ、生息環境・分布特性と種内の遺伝的分化程度および遺伝的集団の地理的分布との関係を分析した。

### 3. 研究の方法

#### (1) 対象とした生息環境・分布特性と魚種

生息環境（水深・底質）および分布特性（種の分布緯度）について、対照的な要素を組み合わせた5つの区分、(I)浅場・砂泥底・低緯度寄り、(II)浅場・砂泥底・高緯度寄り、(III)浅場・岩礁・低緯度寄り、(IV)浅場・岩礁・高緯度寄り、(V)内湾の深場を対象とし、各区分につき2~5種の計16魚類を対象とした(表1)。当初はハゼ科のみを対象にしていたが、一部の種の標本収集が予定通りに進まなかったため、ヘビギンポ（ヘビギンポ科）およびアナハゼ（カジカ科）も対象に含めた。各種について、西日本周辺の海域（日本海・太平洋・瀬戸内海・東シナ海）で各1地点以上、計10地点程度を目指して収集し、一部の種（ヘビギンポ・アカハゼ・アカウオ）をのぞき、全海域から標本を得た。

#### (2) 遺伝的集団構造の分析

魚の組織からDNAを抽出し、ミトコンドリアDNAの*cytb*領域または調節領域の部分領域の配列を決定し、遺伝的集団構造の解析に供した。

ハプロタイプに基づく地理的な集団構造を調べるため、BAPS (Bayesian analysis of population structure) および SAMOVA (Spatial analysis of molecular variance) を行い、地点のグルーピングを行った。また、ハプロタイプのグルーブ構造とその地理的分布を調べるため、BAPSによって各個体のハプロタイプをグルーピングした。地点グルーブ間や地点間の遺伝的分化の程度を調べるため、BAPSで検出されたグルーブ構造に基づいて、AMOVA (Analysis of molecular variance) を行った。

遺伝的集団構造と生態的特性（生息環境・分布）との関係を調べるため、地理的なグルーブ構造と地点間の遺伝的差異に基づき、DCA (Detrended correspondence analysis) によって種の序列化を行い、遺伝的集団構造の種間の類似性の解釈を試みた。

表1 対象とした環境・分布の区分と魚種、解析に供した地点数、個体数、および AMOVA の結果。

生態的特性(環境・分布)				魚種	採集地点数	個体数	AMOVAの結果	
区分	水深	底質	分布				$F_{ST}$	$F_{CT}$
I	浅	砂泥	低緯度寄り	スジハゼ <i>Acetrogobius virgatus</i>	22	146	0.220**	0.145**
				ツマグロスジハゼ <i>Acetrogobius</i> sp.	24	180	0.387**	0.208**
				タビラクチ <i>Apocryptodon punctatus</i>	14	195	0.624**	0.546*
				マサゴハゼ <i>Pseudogobius masago</i>	15	147	0.561*	0.486
				アベハゼ <i>Mugilogobius abei</i>	19	169	0.823**	0.815*
II	浅	砂泥	高緯度寄り	ピリンゴ <i>Gymnogobius breunigii</i>	11	74	0.749**	0.579**
				エドハゼ <i>Gymnogobius macrognathos</i>	8	50	0.716**	0.614*
				アシシロハゼ <i>Acanthogobius lactipes</i>	12	76	0.675**	0.616**
III	浅	岩礁	低緯度寄り	イソミズハゼ <i>Luciogobius martellii</i>	27	81	0.094	-
				ヘビギンボ <i>Emeapterygius etheostomus</i>	8	73	0.304**	0.266*
IV	浅	岩礁	高緯度寄り	ドロメ <i>Chaenogobius gulosus</i>	13	61	0.664**	0.585**
				アナハゼ <i>Pseudobleminius percoides</i>	8	63	0.724**	0.609*
V	深	砂泥	低緯度寄り	モヨウハゼ <i>Acetrogobius pflaumii</i>	21	143	0.012	-
				アカハゼ <i>Amblychaeturichthys hexanema</i>	5	51	-0.017	-
				イトヒキハゼ <i>Cryptocentrus filifer</i>	9	51	-0.019	-
				アカウオ <i>Ctenotrypauchen microcephalus</i>	5	26	0.015	-

\* $P < 0.05$ , \*\* $P < 0.001$

#### 4. 研究成果

各種のハプロタイプに基づく地理的なグループ構造を図1に示した。BAPSを用いたグルーピングの結果(赤線で表現)、「(V)内湾の深場」に生息する全種(図1m-p)と「(III)浅場・岩礁・低緯度寄り」に生息する1種(イソミズハゼ、図1i)では、グループ構造が検出されなかった。残りの11種ではグループ構造が検出され、特に、「(II)浅場・砂泥底・高緯度寄り」の全種、「(III)浅場・岩礁・低緯度寄り」の残りの1種、「(IV)浅場・岩礁・高緯度寄り」の全種、ではグループ構造が顕著で、比較的小さな地理的スケール範囲で複数のグループが形成された。小さな地理的スケールで顕著なグループ構造が認められたこれらの種の地点グループ構造は、環境区分ごとに似た傾向を示した。(II)の種では、瀬戸内海の地点が太平洋沿岸南部(四国~九州)および有明海(または八代海)と同じグループに含まれる一方で、日本海および太平洋沿岸中部以北(紀伊半島以北)の地点は異なるグループに属する傾向があった(図1f-h)。一方、(III)(IV)の岩礁に生息する種では、瀬戸内海の地点が太平洋の南部~中部と同じグループに含まれ、有明海や八代海と同じグループに含まれる種は認められなかった(図1j-l)。「(I)浅場・砂泥底・低緯度寄り」の種では、グループ構造が認められたものの、(II-IV)の種で認められた構造よりも大きな地理的スケールでのグループ構造、または特殊な1地点のみが別グループに属する構造のいずれかであった(図1a-e)。

SAMOVAによる地点グルーピングの結果(図1, 地点プロットの色で表現)は、おおよそBAPSの結果と一致したが、「(I)浅場・砂泥底・低緯度寄り」の2種、スジハゼおよびツマグロスジハゼでは、地点グループの境界がBAPSの結果と異なる傾向が得られた(図1a,b)。これら2種について、BAPSで検出されたグループ構造より小さな地理的スケールでのグループ構造が検出され、スジハゼでは瀬戸内海の地点は日本海および東シナ海と、ツマグロスジハゼでは東シナ海と同じグループに含まれた。

次に、各種の地点間および地点グループ間の遺伝的分化程度の指標(固定指数 $F_{ST}$ ,  $F_{CT}$ )を表1に示す。「(V)内湾の深場」に生息する4種では、 $F_{ST}$ 値が極端に小さく(-0.019-0.015)、地点間の有意な遺伝的分化は認められなかった。一方、その他の環境区分(I-IV)に生息するほとんどの種(イソミズハゼを除く)では、比較的大きな $F_{ST}$ 値をとり(0.220-0.823)、地点間で有意な遺伝的分化が認められた。また、 $F_{CT}$ 値を算出した11種(すなわちBAPSで地点のグループ構造が認められた種)では、0.145-0.815の $F_{CT}$ 値をとり、ほとんどの種においてグループ間の有意な遺伝的分化が示された(ただしマサゴハゼでは $P=0.074$ )。

各種の地点グループ構造と地点間の遺伝的分化程度 $F_{ST}$ に基づいたDCAの結果を図2に示した。環境区分の同じ種は、序列化平面上で概ね近い位置にプロットされた。ただし、「(I)浅場・砂泥底・低緯度寄り」の種は、「(a)スジハゼ」「(b)ツマグロスジハゼ」「(c)タビラクチ」「(d)マサゴハゼ」「(e)アベハゼ」の間の距離が比較的大きかった。また、(III)(IV)の種は、イソミズハゼがその他3種から離れた位置にプロットされており、分布特性によるまとまりは見られなかった。

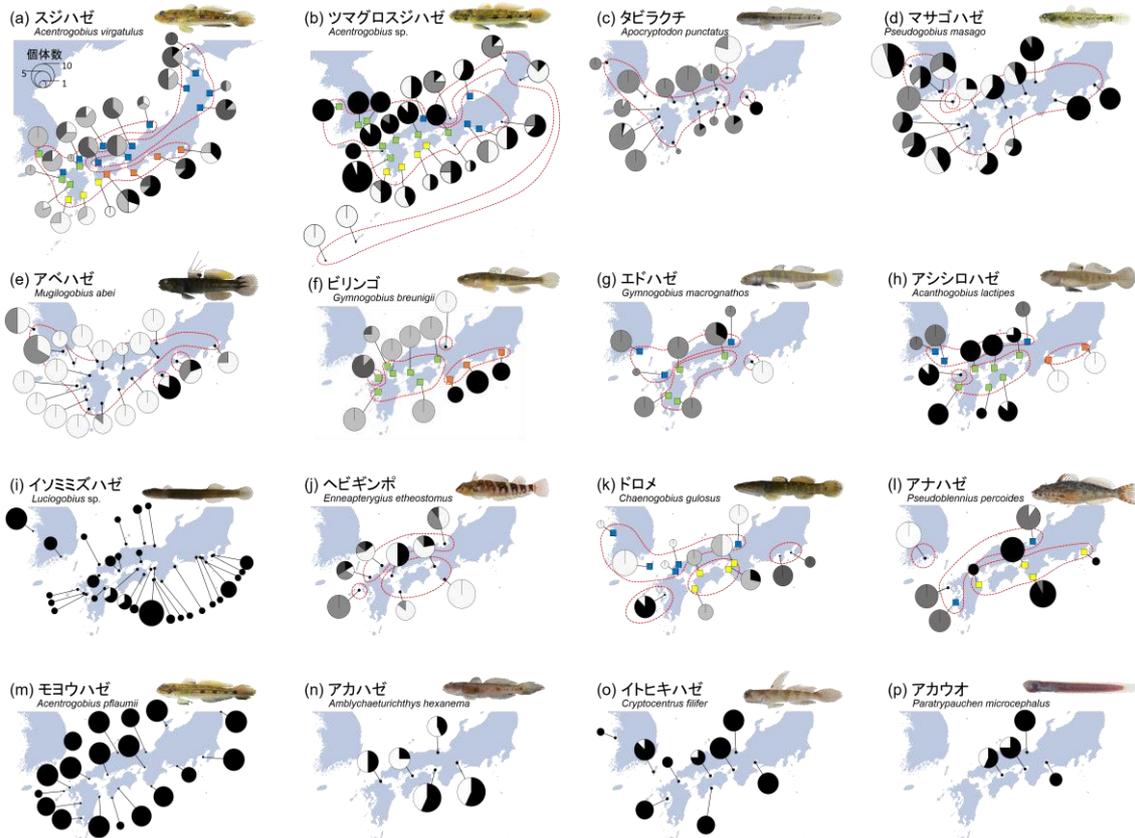


図1 ハプロタイプに基づく地点のグループ分けの結果。赤線はBAPSによるグループ分けの結果を、地点の色はSAMOVAによるグループ分けの結果を示す。円グラフの色は、BAPSにもとづくハプロタイプグループを示しており、円の大きさは個体数に対応している。

これらの結果から、沿岸性魚類における種内の地点間の遺伝的分化程度には生息水深が密接に関わっており、内湾の深場に生息するハゼ科魚類では地点間で遺伝的に分化しにくいのに対し、浅所に生息する種では底質や分布特性に関わらず、地点間で遺伝的に分化しやすいことが示唆された。本研究で扱った16種は、いずれも浮遊仔魚期をもち、この期間に海流などによって受動的に分散するが、稚魚期以降に大きな地理的スケールでの移動は行わないため、地点間の遺伝的分化には浮遊仔魚期の分散が重要であると考えられる。本研究において、浅場の種では、浮遊仔魚の分散が小さく、地点間の遺伝子流動が制限される一方で、深場の種では、浮遊仔魚期の分散が大きく、地点間の遺伝子流動があまり制限されないために顕著な遺伝的分化が見られた可能性が考えられる。

また、底質の違いは、各種内の遺伝的集団の地理的分布と関係していることが示唆された。瀬戸内海に着目すると、たとえば、浅場の砂泥底に生息する種 (I, II の環境区分の種) では1種 (スジハゼ) をのぞき九州東シナ海沿岸 (有明海や八代海を含む) が瀬戸内海と同じグループに含まれるのに対し、岩礁に生息する種 (III, IV の環境区分の種) では1種 (イソミズハゼ) を除き、九州東シナ海沿岸は瀬戸内海と同じグループには含まれなかった。最終氷期の最寒冷期に、瀬戸内海や有明海や八代海などの東シナ海沿岸域は陸域となり、大陸沿岸に大きな浅海域が形成されていたと考えられているが、その時代、大陸沿岸の浅海域が砂泥底に生息する種のレフュージアとなり、最終氷期以降にそのレフュージアから瀬戸内海へと分布を拡大させたと推測される。一方、岩礁に生息する種では、最終氷期に東シナ海ではなく太平洋沿岸に好適な環境が存在し、最終氷期以降に太平洋沿岸から瀬戸内海へと分布を拡大したと考えられる。

浅場の砂泥底に生息する種の中でも、スジハゼは他の7種と遺伝的集団の地理的分

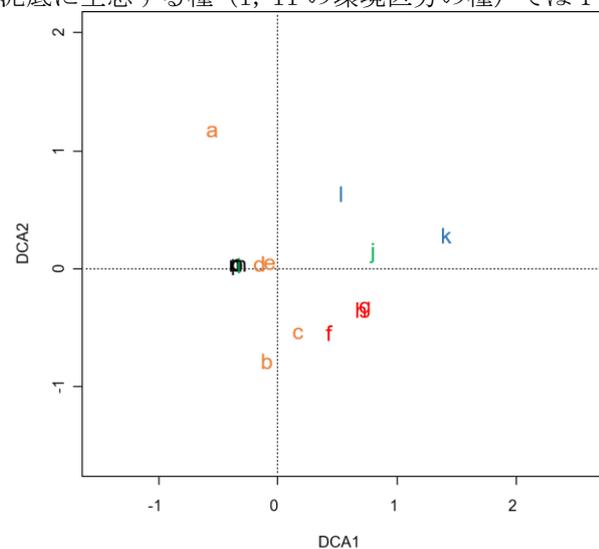


図2 遺伝的集団構造に基づく種の序列化 (DCA) の結果。アルファベット a-p は図1 と対応。アルファベットの色は、環境区分 (I-V) に対応。

布の傾向が異なっていた。他の7種が、河口域を中心とした砂泥干潟に生息（生活史の一部で利用）しているのに対し、スジハゼは内湾域のガラモ場やアマモ場などの砂泥底でよく見られるため、何らかの環境要素がスジハゼと他の7種の遺伝的集団構造の違いに影響した可能性がある。

浅場の砂泥底に生息する種では、分布特性（大きな個体群が低緯度寄りに分布するか高緯度寄りに分布するか）が、遺伝的集団の分布に影響している可能性が示唆された。低緯度寄りの種では、地点間の遺伝的分化は顕著であるものの、地点グループは小さな地理的スケールで形成されず不明瞭である傾向があった。一方、高緯度寄りの種では、小さな地理的スケールで明瞭なグループ構造が形成された。種の分布特性とグループ構造の明瞭さとの因果関係は分からない。分布特性以外の環境要素との関係も視野に入れて、今後、より詳細に調べる必要がある。

本研究により、沿岸性魚類の生息環境・分布特性が、種内の遺伝的分化程度および遺伝的集団の地理的分布と密接に関わっており、遺伝的集団構造を推測するのに有効である可能性が示唆された。今後、核DNA情報も含め、より多くの生息環境特性や生活史特性の視点から生態的特性と遺伝的集団構造との関係を検証していくことにより、遺伝的集団の効率的な把握に役立ち、海洋生物の遺伝的多様性の保全に貢献すると期待される。

#### (引用文献)

- ①Hickey AJR, Lavery SD, Hannan DA, Baker CS, Clements KD, New Zealand triplefin fishes (family Tripterygiidae): contrasting population structure and mtDNA diversity within a marine species flock. *Mol Ecol*, Vol.18, 2009, 680-696
- ②Kelly RP, Palumbi SR, Genetic structure among 50 species of the northeastern Pacific rocky intertidal community. *PLoS ONE*, Vol.5, No.1, 2010, e8594

#### 5. 主な発表論文等

[雑誌論文] (計1件)

- ①松井彰子、魚類の地域集団とその変遷を探る！、*Nature Study*、査読なし、Vol.63、No.12、2018、2-4.

[学会発表] (計6件)

- ①松井彰子・乾 隆帝・Gang-min Lee・Yong-deuk Lee・Woo-Seok Gwak・中山 耕至、日本周辺海域におけるハゼ科魚類多種の比較系統地理、日本生態学会第66回全国大会、2019
- ②松井彰子(2019.1.20) 沿岸生物の地域集団とその形成史～ハゼ類の生態的多様性をヒントに～、大阪湾海岸生物研究会・大阪市立自然史博物館共催公開シンポジウム「はぜ！ハゼ！鯨！～ハゼの多様性と生態の魅力に迫る～」、2018
- ③松井彰子・乾 隆帝・Gang-min Lee・Yong-deuk Lee・Woo-Seok Gwak・中山 耕至、日本周辺海域におけるハゼ科を中心とした沿岸性魚類の系統地理、2018年度日本魚類学会年会
- ④松井彰子・乾 隆帝・中山耕至、海洋生物の系統地理：ハゼ科魚類の遺伝的集団構造とその生息環境による違い、2018年日本プランクトン学会・日本ベントス学会合同大会、自由集会「ハゼだってベントス！～地を這う魚の魅力～」、2018
- ⑤松井彰子・乾 隆帝・Jong-Yul Park・Woo-Seok Gwak・中山耕至、瀬戸内海周辺海域における沿岸性魚類の系統地理：生息環境に注目した分布変遷の種間比較、日本生態学会第65回全国大会、2018
- ⑥松井彰子・乾 隆帝・中山耕至、瀬戸内海周辺海域における沿岸性魚類の系統地理とその生息環境による違い、2017年度日本魚類学会年会、2017

#### 6. 研究組織

(1) 研究分担者

なし

(2) 研究協力者

研究協力者氏名：乾 隆帝

ローマ字氏名：(INUI, ryutei)

研究協力者氏名：中山 耕至

ローマ字氏名：(NAKAYAMA, kouji)

研究協力者氏名：郭 又哲

ローマ字氏名：(GWAK, woo-seok)

※科研費による研究は、研究者の自覚と責任において実施するものです。そのため、研究の実施や研究成果の公表等については、国の要請等に基づくものではなく、その研究成果に関する見解や責任は、研究者個人に帰属されます。