

平成 30 年 6 月 23 日現在

機関番号：64303

研究種目：基盤研究(C) (一般)

研究期間：2015～2017

課題番号：15K07538

研究課題名(和文) 危機的状況にあるリュウキュウアユの存続に向けたメタ個体群構造の解明

研究課題名(英文) Elucidation of metapopulation structure of the endangered fish Ryukyu-ayu for planning its conservation

研究代表者

武島 弘彦 (TAKESHIMA, Hirohiko)

総合地球環境学研究所・研究部・外来研究員

研究者番号：50573086

交付決定額(研究期間全体)：(直接経費) 3,800,000円

研究成果の概要(和文)：絶滅危惧魚種「リュウキュウアユ」の保全策提案に不可欠な、メタ個体群構造を解明するために、生態調査と遺伝分析を行った。生息地の奄美大島の各河川について、在・不在、個体数や、河川環境データを解析した。結果から、ソースとシンク河川からなるメタ個体群のうち、流量が小さい小規模河川はシンクとなり、流量が大きくてもソース河川から距離が離れると個体群の維持が難しいことが分かった。1992-2017年の個体について大規模マイクロサテライトDNA分析を行った結果、奄美西部の河川間は遺伝的に均一だった。一方、奄美東部では、住用湾流入河川間は遺伝的に均一であるが、そのやや南方の河川は遺伝的に異なることが分かった。

研究成果の概要(英文)：A good understanding the metapopulation structure of an endangered species can provide essential insight for planning its conservation. The fish Ryukyu-ayu consists of endangered populations on the island of Amami Oshima. To examine the metapopulation structure of this fish, we conducted ecological survey and genetic analysis. Generally, a metapopulation consists of a source population and surrounding sink populations. Our logistic regression analysis clearly showed that the small river with low flow rate is the sink river. It was also indicated that when the relatively large river with high flow rate was distant from the source river, the river was difficult to maintain population size. A total of 1235 individuals were collected from the island in 1992-2017 and genotyped using 38 microsatellite DNA markers. We detected subtle but significant differentiation among populations of the eastern populations on the island, although the western populations were genetically homogeneous.

研究分野：分子生態学

キーワード：生物多様性 絶滅危惧種 リュウキュウアユ DNA分析 マイクロサテライトDNA メタ個体群 河川環境 保全

1. 研究開始当初の背景

人類活動の影響による水圏の環境破壊に起因し、絶滅の危機に瀕した水圏生物が加速度的に増加するなか、生命科学研究の果たすべき役割は大きい。生物種の絶滅を回避するには、基礎的な生態的知見が必須であるが、それに加えて遺伝情報を利用できれば、より有効な絶滅回避の提案が期待できるはずである。しかしながら、生態学と分子遺伝学の包括的研究の結果に基づいて、具体的な種の保全策・存続手法を提案できた事例は、まだまだ多くない。

本研究では、喪失と変質が深刻化している淡水生態系において、キー・ストーン種と位置づけられる魚類、アユ (*Plecoglossus altivelis altivelis*) の絶滅危惧亜種リュウキュウアユ (*Plecoglossus altivelis ryukyuensis*, Nishida 1988) について、その具体的な保全策・存続手法の提案に向け、生態調査と遺伝分析によるメタ個体群構造の解析を行う。

(1) 危機的状況にある魚種リュウキュウアユとその現状

リュウキュウアユは、沖縄島及び奄美大島(奄美)に生息していたが、沖縄島の個体群は、環境破壊などにより 1970 年代後半に絶滅した。現在、奄美だけに残るリュウキュウアユの自然個体群もまた、河川改修、環境改変、ならびに乱獲などによって個体数が激減しており、絶滅の危機に瀕している(環境省: 絶滅危惧 1A 類 CR)。生息個体数が最も多いとみられる奄美東部の役勝川では、過去に 1 万 5 千個体が確認されていたものの、ここ数年間では数千個体しか確認されていない(四宮 2012)。この危機的状況を受け、近年、研究代表者を含むグループや地元民が協力し、禁漁期間・河川工事禁止期間の設定や産卵場造成等、様々な保護対策を講じてきた。さらに、ここ数年の間に、リュウキュウアユの摂餌生態や産卵生態、ならびに生息河川の物理環境調査などの生態研究を行い、リュウキュウアユ保全に向けた研究成果を上げてきた(鶴田ほか 2009, Awata et al. 2012)。

(2) なぜリュウキュウアユ住用湾個体群のメタ個体群構造解析を行うのか?

遺伝分析に基づくこれまでの研究から、奄美のリュウキュウアユは、島東部と西部の河川間で大きな遺伝的分化を示し、各個体群は遺伝的に独立していることが判明している(Sawashi and Nishida 1994, Ikeda et al. 2003, Takeshima et al. 2005)。なかでも、奄美東部の住用湾流入河川では多くの個体が観察されるので(四宮 2012)、奄美アユの存続の鍵を握るのは、東部の住用湾個体群と考えられる。

我々の予備的な生態調査から、住用湾に流入する複数の河川のなかでも、毎年、多くの

産卵が確認できるのは役勝川であることがわかりつつあり、役勝川における繁殖成功が個体群の絶滅を左右する可能性が高まった(安房田ほか 未発表)。一方で遺伝分析からは、住用湾流入河川間の、遺伝的多様度の大小関係が示され、主要産卵河川(ソース)と小河川(シンク)からなる、メタ個体群を形成している可能性が示唆された(井口ほか 未発表)。しかしながら、これまでの研究では、住用湾のソース河川と思われる役勝川の調査に重点が置かれてきており、ソースとシンク関係にあるとみられる複数河川をターゲットにした研究はなく、生態調査と遺伝分析を合わせたシステムティックなメタ個体群構造解析は全く行われていなかった。

2. 研究の目的

そこで本研究では、絶滅の危機に瀕したリュウキュウアユ住用湾個体群の具体的な保全策・存続手法の提案に向けて、複数河川をターゲットにした生態調査と遺伝分析を行い、メタ個体群構造の実態を解明する。

生態調査では、現地調査のデータに基づいて、河川毎のアユの在・不在や、個体数の年変動に影響する要因を解析した。生息条件として、川の規模(流量や河川長)や、主要産卵河川からの距離に注目した。遺伝分析では、1992-2017 年の間に採集された標本について、大規模マイクロサテライト DNA 分析を行った。特に、2016 年と 2017 年に新規に採集された標本には、これまで分析されたことのない小河川からの個体が含まれる。これらの分析結果に基づいて、奄美大島のリュウキュウアユについて、ソースとシンク河川からなるメタ個体群構造を明らかにし、最終的には、その具体的な保全策について検討する。

3. 研究の方法

(1) 研究体制と全体の流れ

本研究は、総合地球環境学研究所、大阪市立大学、長崎大学に所属するメンバーにより、強い協力体制のもとで実施された。

総合地球環境学研究所は「研究の総括と遺伝分析」を、大阪市立大学は「生態調査と遺伝分析」を、長崎大学は「生態調査」を、各々重点的に担当した。研究の実施に際しては、申請時の計画を尊重しながら、サンプリングや、河川環境調査の状況に応じて、計画の改良を適宜行った。

(2) 生態調査

2015-2017 年にかけて、奄美大島を流れる 24 河川を対象に(次頁, 図 1)、リュウキュウアユの生息状況を調べ、河川の物理環境を測定した。

【生息状況調査】各河川について、アユの在・不在ならびに個体数の調査を行った。1992 年以降の個体数データは、鹿児島大学の

調査データを引用した(久米ほか 未発表)。
【河川物理環境測定】アユの在・不在や個体数を左右する河川的环境要因として、河川流量、河川長、ダムより下流の河川長のデータを測定した。各河川間の連結性も、アユの生息に関連するとみられるため、河口間の距離を測定した。以上の測定データに基づいて、アユの生息に関係している環境要因を明らかにするために、一般化線形モデルによる解析などを行った。

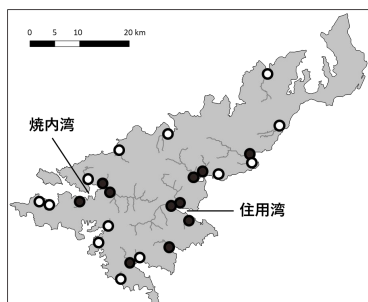


図1. 奄美大島において生態調査を行った24河川の地理的位置。このうち黒丸は遺伝分析個体を採集できた11河川。

(3) 遺伝分析

1992-2017年の間に、11河川から採集された1235個体をサンプルとした(図1)。

【サンプル】2016年に新規に採集されたサンプルは、成魚の脂鱗など組織の一部から得ることで、非侵襲的サンプリングに努めた。2017年の採集では、流化仔魚をサンプルとした。これら以外のサンプルは、これまでの調査で採集されたものを用いた。

【大規模マイクロサテライトDNA分析】各サンプルからDNAを抽出し、38マーカーによる大規模マイクロサテライトDNA分析を行った(Takagi et al. 1999, Iwata et al. 2006, Takeshima et al. 2017)。得られた遺伝子型データに基づいて、各河川間の遺伝的差異などについての解析を行った。

4. 研究成果

(1) リュウキュウアユの在/不在及び個体数

調査した24河川のうち、毎年個体が確認できたのは14河川、時折観察できたのは2河川、一度も観察できなかったのは7河川だった。東部住用湾内の河川は個体数が多く(平均2,000~16,000個体)、毎年産卵があるのに対し、住用湾周辺の小河川では個体数が少なく(平均160~350個体)、年によっては20個体程度だった。西部の焼内湾内では、1河川で個体数が最も多く(平均5,000個体)、毎年の産卵が確認できたが、周辺の小河川では、個体数はかなり少なかった(平均30~100個体)。

(2) 生息に関わる環境要因

リュウキュウアユの生息に関係する環境

要因を解明するために、一般化線形モデルによる解析を行った。各河川の調査回数に対する在の割合と、河川流量、河川長、ダムより下流の河川長の間には、いずれも統計的に有意な正の相関関係がみられたが、最も説明力の高い説明変数は流量であった(図2)。流量が多いほど、アユの在の割合は高くなり、流量が約0.035 m³/sを下回ると、ほとんど生息できないことが分かった(図2)。在の割合が1より小さい河川は、シンク河川であると考えられた。また、東部・西部のいずれにおいても、ソース河川と考えられる主要産卵河川からの河口間距離が遠くなるほど、河川の規模は小さく、在の割合は減少した。

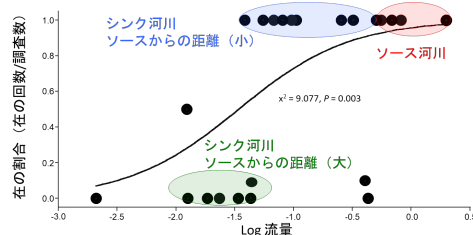


図2. リュウキュウアユの生息と河川流量の関係性。

(3) 河川間の遺伝的差異

遺伝分析を行った全個体の遺伝子型データに基づく主座標分析の結果、各個体のプロットは東部と西部で全く重複しなかった(図3)。この結果から、リュウキュウアユ奄美個体群は、東部と西部の河川間では遺伝子流動がないことが再確認された。

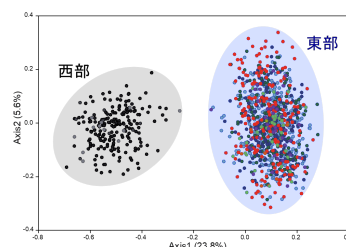


図3. 分析した全個体の遺伝子型データに基づく主座標分析の結果。

各河川の対立遺伝子頻度に基づく主成分分析の結果から、西部の河川間は遺伝的に均一だった。一方東部では、住用湾に流入する各河川は遺伝的に均一であるが、そのやや南方の河川は遺伝的に異なり、年度によっても異なることが分かった(図4)。この河川で

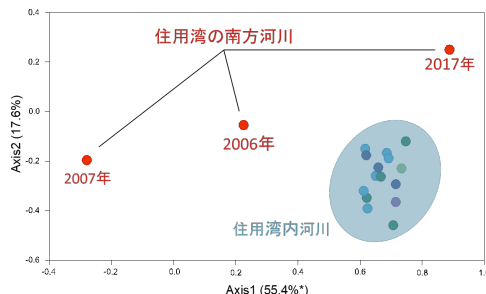


図4. 東部各河川の対立遺伝子頻度に基づく主座標分析の結果。

は、ここ数十年の間に少なくとも一度はアユが全く見られなかった年があることから、住用湾内河川からの移入個体により回復したことが唆される。

(4) リュウキュウアユのメタ個体群構造

継続的な生態調査と経時的標本の遺伝分析の融合研究によって、絶滅危惧魚種リュウキュウアユのメタ個体群構造を初めて解明できた(図5)。流量が小さい小規模河川はシンクとなり、ある程度の流量があっても、主要産卵河川であるソースからの距離が離れたシンク河川は、個体群の維持が難しいことが分かった。奄美西部の焼内湾内では、河川間に遺伝的差異はみられず、閉鎖的湾内における唯一の主要産卵河川と、個体数が少ない周辺の小河川からなるメタ個体群を形成しているとみられる。一方東部では、住用湾内河川とその南方河川との間に遺伝的差異があり、各々ソースとシンクであると考えられた。遺伝的に均一な住用湾内もまた、河川規模や生息個体数の違いから、ソースとなる主要産卵河川と、シンクとしての周辺の小河川から形成されるとみられる。

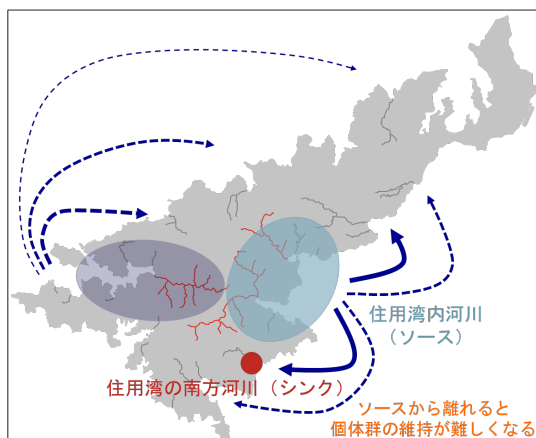


図5. 奄美リュウキュウアユのメタ個体群構造モデル。

(5) 保全策の提言

本研究の成果から、リュウキュウアユを効果的に保全するには、主要産卵河川の保全に加えて、メタ個体群全体について保全策を講じる必要があると言える。特に流量の大きなシンク河川では、現在は産卵がなくても、一度産卵に成功すれば、ソース河川の役割を担うことが可能かもしれない。そのため、このような河川では、毎年産卵を行えるように産卵場造成が効果的である。リュウキュウアユ仔稚魚の移動分散を考慮すると、稚魚の遡上期である晩冬～初春にかけて、河口閉塞対策など河川遡上経路の確保もまた重要である。

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7件)

1. Kakioka, R., Muto, N., Takehima, H. et al. (2018) Cryptic genetic divergence in *Scolopsis taenioptera* (Perciformes: Nemipteridae) in the western Pacific Ocean. *Ichthyological Research* 65: 92-100【査読有】
DOI: 10.1007/s10228-017-0596-1
2. Takehima, H., Muto, N., Sakai, Y., Ishiguro, N., Iguchi, K., Ishikawa, S., Nishida, M. (2017) Rapid and effective isolation of candidate sequences for development of microsatellite markers in 30 fish species by using kit-based target capture and multiplexed parallel sequencing. *Conservation Genetics Resources* 9 (3), 479-490【査読有】
DOI: 10.1007/s12686-017-0699-z
3. Muto, N., Alama, UB., Hata, H., Guzman, AMT., Cruz, R., Gaje, A., Traifalgar, RFM., Kakioka, R., Takehima, H. et al. (2016) Genetic and morphological differences among the three species of the genus *Rastrelliger* (Perciformes: Scombridae). *Ichthyological research* 63: 275-287【査読有】
DOI: 10.1007/s10228-015-0498-z
4. Hirase, S., Takehima, H., Nishida, M., Iwasaki, W. (2016) Parallel mitogenome sequencing alleviates random rooting effect in phylogeography. *Genome biology and evolution* 8: 1267-1278【査読有】
DOI: 10.1093/gbe/evw063
5. Takehima, H., Iguchi, K., Hashiguchi, Y., Nishida, M. (2016) Using dense locality sampling resolves the subtle genetic population structure of the dispersive fish species *Plecoglossus altivelis*. *Molecular ecology* 25: 3048-3064【査読有】
DOI: 10.1111/mec.13650

(学会発表)(計54件)

1. 武島弘彦・安房田智司. (2018) 企画集会「島嶼の希少魚リュウキュウアユの保全を考える：生態学、遺伝学、社会学の包括的視点から」第65回日本生態学会大会、札幌コンベンションセンター(札幌)。
2. 安房田智司. (2018) 奄美大島の河川環境とリュウキュウアユの生息地・産卵場所選択。企画集会「島嶼の希少魚リュウキュウアユの保全を考える：生態学、遺伝学、社会学の包括的視点から」第65回

日本生態学会大会，札幌コンベンションセンター（札幌）。

3. 井口恵一郎・村瀬偉紀. (2018) 個体群を隔てる初期分散と成長パターン. 企画集会「島嶼の希少魚リュウキュウアユの保全を考える：生態学，遺伝学，社会学の包括的視点から」第 65 回日本生態学会大会，札幌コンベンションセンター（札幌）。
4. 小黒環・安房田智司・武島弘彦. (2018) 生態調査と大規模 DNA 分析から明らかとなったリュウキュウアユのメタ個体群構造. 企画集会「島嶼の希少魚リュウキュウアユの保全を考える：生態学，遺伝学，社会学の包括的視点から」第 65 回日本生態学会大会，札幌コンベンションセンター（札幌）。
5. 小黒環・安房田智司・米沢俊彦・井口恵一郎・西田睦・武島弘彦. (2016) 大規模マイクロサテライト DNA 分析によって明らかとなったリュウキュウアユの遺伝的集団構造. 2016 年度日本魚類学会，岐阜大学（岐阜県岐阜市）。

〔図書〕(計 2 件)

1. 矢田崇・安房田智司・井口恵一郎. (2016) アユの両側回遊「ホルモンから見た生命現象と進化シリーズ 第 VI 巻 回遊・渡り - 巡 -」，安東宏徳・浦野明央 共編，第 4 章」裳華房。
2. 井口恵一郎. (2016) 生物の多様性「水産海洋ハンドブック(第 3 版)」，竹内俊郎・中田英昭・和田時夫・上田宏・有元貴文・渡部終五・中前明・橋本牧 編，第 2 章「水産生物」生物研究社。

〔産業財産権〕

出願状況(計 0 件)

取得状況(計 0 件)

〔その他〕

ホームページ等：
なし

6. 研究組織

(1) 研究代表者

武島 弘彦 (TAKESHIMA, Hirohiko)
総合地球環境学研究所・研究部・外来研究員
研究者番号：5 0 5 7 3 0 8 6

(2) 研究分担者

安房田 智司 (AWATA, Satoshi)

大阪市立大学・大学院理学研究科・准教授
研究者番号：6 0 5 6 9 0 0 2

井口 恵一郎 (IGUCHI, Keiichiro)
長崎大学・水産・環境科学総合研究科・教授
研究者番号：6 0 5 6 9 0 0 2