

令和元年6月25日現在

機関番号：14301

研究種目：基盤研究(C) (一般)

研究期間：2015～2018

課題番号：15K07550

研究課題名(和文) 魚類の個体群構造を簡易的に推定する手法の開発

研究課題名(英文) Development of a method to estimate the level of population differentiation of fishes from life history characteristics

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) 3,700,000円

研究成果の概要(和文)：水産対象種において、種内での地域個体群への分化の有無を明らかにすることは、資源管理の上で不可欠である。しかし、数多い水産対象種の全てについて個体群構造を解明することは難しいため、各魚種の生活史特性から間接的に地域個体群への分化レベルを推定することが可能かどうかを調べた。3科12種の沿岸性魚類について検討したところ、各種における沿岸や内湾への依存度の強さに関わる生活史特性、特に成魚の生息水深と産卵場の地理的な開放性が、地域間での個体群分化の強さと関わっていることが示唆された。

研究成果の学術的意義や社会的意義

水産対象種において種内での地域個体群への分化の有無を明らかにすることは資源管理や栽培漁業の推進の上で不可欠であるが、数多い水産対象種の全てについて個体群構造を研究することは難しく、実際には十分な情報無しに資源管理単位の設定や放流事業が行われる例も見られる。本研究では少数の生活史特性情報によって、詳細な個体群構造を優先的に調べるべき種を選び出せる可能性を示すことができたため、今後の水産資源管理に資するものと思われる。

研究成果の概要(英文)： The information on intraspecific population structure is essential for the stock management of fishery species. However, a thorough assessment of population structure for all species is almost impossible, because there are too many target fishes. In this study, we examined whether it is possible to estimate the level of population differentiation using some ecological traits. As a result, it was suggested that life history characteristics related to the level of dependence to inner bay, especially the depth of adult habitat and openness of spawning ground, affects the level of population differentiation.

研究分野：水産生物学

キーワード：個体群構造 海産魚 資源管理

様式 C - 19、F - 19 - 1、Z - 19、CK - 19 (共通)

1. 研究開始当初の背景

海産魚は一見連続的に分布しているように見えても、岬や海流などなんらかの障壁による分断があり、遺伝的交流が制限された複数の地域個体群に分かれていることがしばしばある。相互に遺伝的交流の少ない地域個体群はそれぞれ独立的に再生産しているため、資源評価や資源管理、増殖対策は各個体群ごとに別個に行わないと無意味である。また、地域個体群は生理・生態的にも分化していることがあるため、個体群をまたいだ移植放流は効果が低いばかりでなく、本来の遺伝的特性を乱して天然群に悪影響を及ぼす危険すら考えられる。したがって、水産対象種においては、個体群の分化の深さ(分化レベル)および地理的分布パターン、すなわち種内個体群構造を調べるのが不可欠であり、古くからさまざまな手法により推定されてきた。近年では個体群構造の検出感度に優れているミトコンドリア DNA 分析やマイクロサテライト DNA 分析などの遺伝的手法を用いるのが主流となっている。

しかし、個体群構造の研究には、分布域を網羅した多数の試料魚の収集、DNA 塩基配列やマイクロサテライト遺伝子型の決定などに多くの時間、労力と費用がかかるため、ごく一部の、水産的に特に重要な魚種でしか十分な研究がなされていないのが現状である。他の多くの種では個体群構造に関する知見がほとんど無いままに資源管理や種苗放流が実施される場合があり、深刻な問題となっている。数多い水産対象種の全てについて詳細な遺伝学的分析を行うことは今後も困難と思われるため、個体群構造が強く、優先的に調査を行うべき種を何らかの方法でスクリーニングすることが必要と考えられる。

2. 研究の目的

ごく近縁な種間や、個体群の分化を引き起こす直接のきっかけとなる生息域分断などの地史的イベントを共有している種間でも個体群構造の強さが大きく異なっている場合があるが、これは、各魚種の生活史特性に違いがあるためと考えられる。このため、各魚種の生活史特性のいずれかが個体群構造の強さと関連していることを明らかにできれば、その情報によって個体群構造を詳細に調べるべき種を選び出すことができるはずである。実際に、スジハゼ類の3姉妹種では種間で個体群構造の強さが顕著に異なっているが、それは成魚の内湾奥部への依存度と、成魚の分布と関連した仔魚の分散範囲によって強く規定されていることが示された(Matsui et al. 2013)。このため、本研究では、様々な生活史特性のなかから特に沿岸や内湾への依存度に関わるものを中心として選び、それらと各魚種の個体群構造の強さが関連するかどうか調べることを目的とした。

3. 研究の方法

沿岸への依存度以外の生活史特性をできるだけ均一にするため、同一の科のなかで、沿岸への依存度に違いのある複数の種を比較することを目指して対象種を選定した。また、それを複数の科において行った。試料入手の容易さや塩基配列決定のための予備実験が済んでいるかどうかも考慮し、タイ科、ニシン科、カワハギ科、ニベ科、アイナメ科、コチ科、カレイ科、ハゼ科の8科から約30種を選定した。試料収集地は若狭湾周辺、大阪湾周辺、玄界灘周辺、韓国南部周辺の4海域とし、できるだけどの種も同じ地点となるように、釣り、手網、市場購入などによって試料を収集した。各試料魚から筋肉を切り出してDNAを抽出し、ミトコンドリアDNA前半部をPCR増幅して塩基配列を決定した。得られた塩基配列から、各種について系統樹の作成、ハプロタイプネットワークの作成、ペアワイズFstおよびオーバーオールFstの算出、AMOVA分析などを行った。

沿岸への依存度に関わる生活史特性としては、成魚の生息水深、産卵場の水深、産卵場の開放性、卵の性状を用い、それぞれの状態を2-5のカテゴリーに分け、各種で得点を付した。各得点の合計をその種の「沿岸性指数」とし、この指数が高いほど沿岸への依存度が高くなるようにした。各特性間での配点の重み付けによる影響を確認するため、沿岸性指数の算出はa、bの2通りを行い、bでは各特性間の最大得点が等しくなるようにした(表1)。

表1 沿岸性指数の算出に用いた各生活史特性への配点

(a)							
生息水域	得点	産卵水域	得点	産卵域の開放性	得点	卵の性状	得点
20m以浅	5	20m以浅	5	河口域	3	沈性卵	1
50m以浅	4	50m以浅	4	内湾、沿岸	2	浮性卵	0
100m以浅	3	100m以浅	3	外洋	1		
150m以浅	2	150m以浅	2				
200m以浅	1	200m以浅	1				

(b)							
生息水域	得点	産卵水域	得点	産卵域の開放性	得点	卵の性状	得点
20m以浅	3	20m以浅	3	河口域	3	沈性卵	3
50m以浅	2	50m以浅	2	内湾、沿岸	2	浮性卵	0
100m未満	1	100m未満	1	外洋	1		
100m以深	0	100m以深	0				

(b)では各要因の最大得点を3とした。

各種の沿岸性指数とオーバーオールFstとの相関をスピアマンの順位相関係数によって調べ、沿岸への依存度の強さと地域間の遺伝的個体群分化の強さとの関連を表した。また、用いた4つの生活史特性のうち、特にどの特性が個体群分化に強く影響しているのかを調べるため、オーバーオールFstを目的変数、各生活史特性を説明変数とした数量化I類分析を行った(表2)。

表2 数量化I類分析に用いた各生活史特性への配点

生息水域	得点	産卵水域	得点	産卵域の開放性	得点	卵の性状	得点
20m以浅	5	20m以浅	5	河口域	1	沈性卵	1
50m以浅	4	50m以浅	4	内湾、沿岸	0	浮性卵	0
100m以浅	3	100m以浅	3	外洋	0		
150m以浅	2	150m以浅	2				
200m以浅	1	200m以浅	1				

産卵域の開放性と卵の性状についてはダミー変数を用いた。

4. 研究成果

対象として選定した科・種のうち、試料が収集できた種数が少なかった科や、収集できた定点数や個体数が十分でなかった種を外し、最終的にタイ科(クロダイ・ヘダイ・キチヌ・マダイ・キダイ)、カワハギ科(カワハギ・ウマヅラハギ・アミメハギ)、ニシン科(キビナゴ・ウルメイワシ・サッパ・コノシロ)の3科12種について分析を行った。分析個体数は、クロダイ243個体、ヘダイ82個体、キチヌ53個体、マダイ137個体、キダイ48個体、カワハギ114個体、ウマヅラハギ120個体、アミメハギ144個体、キビナゴ78個体、ウルメイワシ108個体、サッパ108個体、コノシロ138個体となった。各種の生活史特性を表3に示す。沿岸性指数は、表1aの配点ではクロダイ10、ヘダイ9、キチヌ10、マダイ5、キダイ3、カワハギ12、ウマヅラハギ10、アミメハギ13、キビナゴ11、ウルメイワシ6、サッパ12、コノシロ12となった。

表3 対象魚種の生活史特性

分類	魚種	卵の性状	生息水域	産卵水域
タイ科	マダイ	浮性卵	沿岸～沖合の岩礁・砂礫底(30～200m)(吉野, 2018)	丘陵地、比較的变化に富んだ地形(25～100m)(落合・田中, 1998)
	キダイ	浮性卵	大陸棚上(200m)(落合・田中, 1998; 米田・依田, 2006)	大陸棚上(200m)(落合・田中, 1998; 米田・依田, 2006)
	ヘダイ	浮性卵	内湾から沖合の岩礁域(60m以浅)(Sommer et al., 1996)	約30m以浅(Hesp et al., 2004)
	クロダイ	浮性卵	河口、沿岸域(50m以浅)(落合・田中, 1998)	岩礁、沿岸の浅瀬(10～30m)(草加ほか, 2013)
	キチヌ	浮性卵	河口、内湾、沿岸域(50m以浅)(落合・田中, 1998)	10～30m
カワハギ科	ウマヅラハギ	沈性卵	砂泥底や岩礁域(200m以浅)(鐘, 2001)	沿岸のガラモ場(10m以浅)(池原, 1976)
	カワハギ	沈性卵	岩礁や砂底(100m以浅)(鐘, 2001)	沿岸の砂底(10m以浅)(川瀬, 2014)
	アミメハギ	沈性卵	内湾のアマモ場、岩礁の淺場(20m以浅)(鐘, 2001)	沿岸の淺場(10m以浅)
ニシン科	ウルメイワシ	浮性卵	沿岸域(130m以浅)(安達, 1996)	沿岸域と沖合域の間の高塩分の狭いエリア(100m)(河野・園森, 2018)
	キビナゴ	沈性卵	外洋に面した沿岸域(100m以浅)(瀬戸山, 2000)	内湾、入江、島の沿岸(10～20m)(白藤・武田, 2001)
	サッパ	浮性卵	内湾、河口(50m以浅)(落合・田中, 1998)	河口付近、岸近くの浅海域(10m以浅)(落合・田中, 1998)
	コノシロ	浮性卵	内湾、河口(50m以浅)	内湾の浅瀬や河口域(10m層)(山本, 2006)

各種のオーバーオールFstは、クロダイ0.028、ヘダイ0.006、キチヌ0.029、マダイ-0.002、キダイ-0.013、カワハギ0.012、ウマヅラハギ-0.009、アミメハギ0.040、キビナゴ-0.020、ウルメイワシ-0.014、サッパ0.053、コノシロ0.096であった。3つの科のいずれにおいても、沿岸性指数が高いほどオーバーオールFstが高く、地域間の遺伝的個体群分化が強いことが示唆された(図1a-c)。3科12種をまとめた場合は沿岸性指数とオーバーオールFstとの間に有意な正の相関が認められた(スピアマン順位相関係数)。すなわち、沿岸性が強いほど、個体群分化が強くなる傾向があることが確かめられた(図2a,b)。この関係は、表1のa、bのいずれの沿岸性指数算出方法においても共通していた。

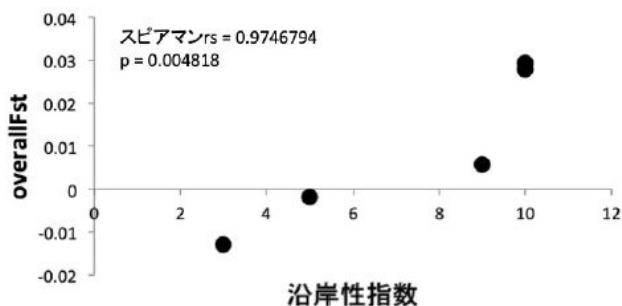


図1a タイ科5種における沿岸性指数とオーバーオールFst

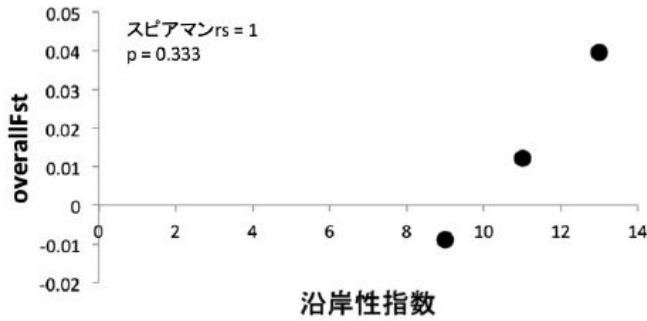


図 1b カワハギ科 3 種における沿岸性指数とオーバーオール Fst

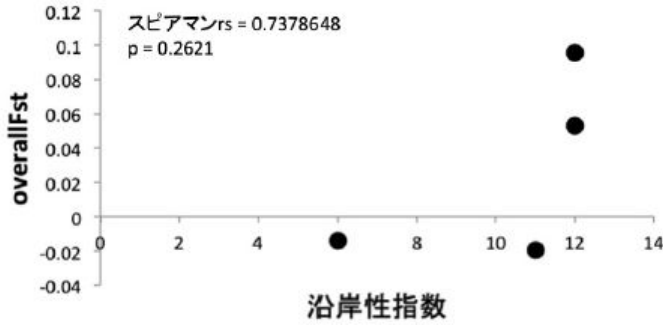


図 1c ニシン科 4 種における沿岸性指数とオーバーオール Fst

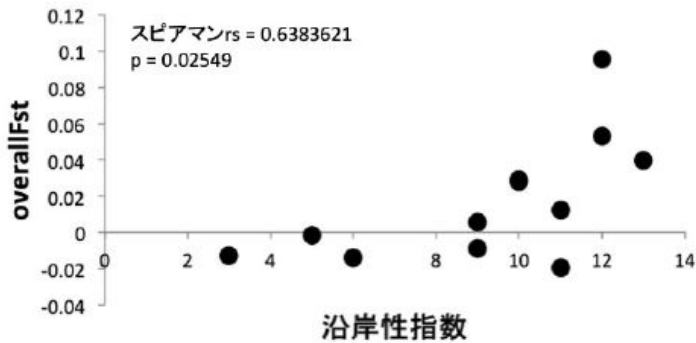


図 2a 3 科 12 種における各種の沿岸性指数とオーバーオール Fst (表 1a の配点による)

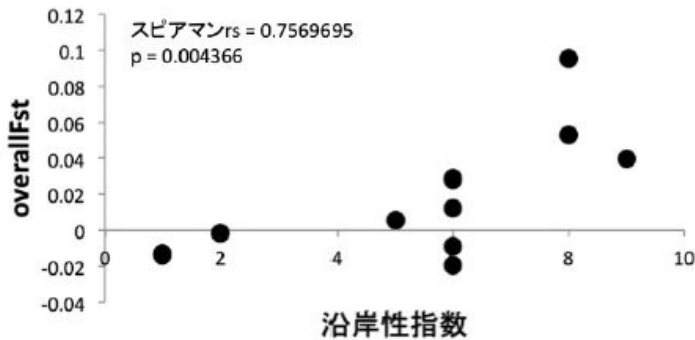


図 2b 3 科 12 種における各種の沿岸性指数とオーバーオール Fst (表 1b の配点による)

成魚の生息水深,産卵場の水深,産卵場の開放性,卵の性状の4つの生活史特性を説明変数,オーバーオール Fst を目的変数として数量化 I 類分析を行い,AIC によるモデル選択を行ったところ,成魚の生息水深と産卵場の開放性による回帰式が得られ,どちらの計数も有意であった.このことから,各生活史特性のなかでも,特に成魚の生息水深と産卵場の開放性が個体群分化の強さに影響していることが推定された.

これらの結果から,今後,海産魚の生活史特性,特に生息水深と産卵場の地理的な開放性を手がかりとして,地域間の個体群分化のレベルが高く,優先して個体群構造の研究を進めるべき種を選び出せる可能性が示された.ただし,本研究で扱ったのは西日本から朝鮮半島に分布する温帯性沿岸海産魚であり,その他の地域に適用可能かどうか,また,産卵生態や成魚の移動力が大きく異なる種などにも適用可能かどうかなどは,さらに検討の必要があると考えられる.

5 . 主な発表論文等

〔雑誌論文〕(計 1 件)

W-S Gwak, Y-D Lee, K Nakayama. 2015. Population structure and sequence divergence in the mitochondrial DNA control region of gizzard shad *Konosirus punctatus* in Korea and Japan. Ichthyological Research, 62: 379-385.

〔学会発表〕(計 7 件)

辻村裕紀・中山耕至・松井彰子・Woo-Seok Gwak・武島弘彦・中坊徹次．有明海におけるハゼクチ マハゼの種間交雑．日本魚類学会 2018 年度年会．

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．日本魚類学会 2018 年度年会．

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．

Woo-Seok Gwak, Jong-Yul Park, Kouji Nakayama. Genetic Differentiation and Population Structure of Gizzard shad *Konosirus punctatus* in Korea and Japan. Australian Society for Fish Biology Conference 2018.

佐々木祝嗣・中山耕至・武島弘彦・Charles P. H. Simanjuntak・木下 泉・田中 克．有明海におけるエツの遺伝的多様度とその経年的変化．2017 年日本魚類学会年会．

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．日本魚類学会 2017 年度年会．

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．2017 年度日本生態学会大会．

〔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：
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：
国内外の別：

〔その他〕

ホームページ等
なし

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：松井 彰子
ローマ字氏名：Matsui Shoko
所属研究機関名：大阪市立自然史博物館
部局名：動物研究室
職名：学芸員
研究者番号(8桁): 00803363

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。