

西太平洋域で発見されたタカサゴとニセタカサゴの雑種

賀数 大吾¹・佐久本 孟寿¹・立原 一憲²・今井 秀行^{2*}

¹ 〒903-0213 沖縄県西原町千原1 琉球大学大学院理工学研究科海洋自然科学専攻

² 〒903-0213 沖縄県西原町千原1 琉球大学理学部海洋自然科学科生物系

Natural hybridization between *Pterocaesio digramma* and *P. marri* collected from Western Pacific

Daigo Kakazu¹, Takehisa Sakumoto¹, Katsunori Tachihara² and Hideyuki Imai^{2*}

¹ Department of Marine Science, Graduate School of University of the Ryukyus, Nishihara, Okinawa 903-0213, Japan

² Department of Biology and Marine Science, Faculty of Science, University of the Ryukyus, Nishihara, Okinawa 903-0213, Japan

Abstract. In May 2015, a presumed hybrid fusilier fish of the genus *Pterocaesio* was collected from Ie-jima Island, Ryukyu Archipelago, Japan. It was morphologically similar to both *Pterocaesio digramma* and *P. marri*, but the species could not be clearly identified. To determine if it was a hybrid, we developed a PCR-RFLP marker that could distinguish these two species. After amplifying ITS-1 region with PCR, the PCR product was digested by restriction enzyme *Taq* I. The result showed that the specific bands to each species resulting in heterozygosity, which suggested this individual was a hybrid. This is the first detailed record of natural hybridization among Caesionidae species in Ryukyu Archipelago.

Furthermore, we investigated 626 specimens, including adults and juveniles of these two species using the genetic marker we developed in this study. Eighteen hybrid individuals were detected in several localities (Amami-oshima Island, Ie-jima Island, Yaeyama Islands (Ishigaki-jima Island and Iriomote-jima Island), Philippines and Indonesia). Combining nuclear DNA and mtDNA data, two individuals derived from backcross were also detected.

Key words: Natural hybrid, *Pterocaesio digramma*, *Pterocaesio marri*, PCR-RFLP, ITS-1

(要約)

2015年5月、沖縄県伊江島沖にてタカサゴ *Pterocaesio digramma* とニセタカサゴ *P. marri* の形質を併せ持つ個体が採集された。著者らはこの個体がタカサゴとニセタカサゴの雑種であると考え、両種を判別可能なPCR-RFLPマーカーを開発した。ITS-1領域をPCR増幅後、制限酵素 *Taq* I で消化した結果、タカサゴとニセタカサゴの種特異的切断パターンをヘテロで合わせ持つことから2種間の交雑個体であることを判断した。琉球列島におけるタカサゴ科魚類の種間交雑は本研究が初の詳細な報告である。また、本研究により開発した分子マーカーを利用して、これまでに採集された2種の成魚と稚魚を含む計

*連絡先 (Corresponding author): imai@sci.u-ryukyu.ac.jp

626 個体を調査したところ、奄美大島、伊江島、八重山諸島（石垣島および西表島）、フィリピン、インドネシアにおいて計 18 個体の交雑個体が確認された。ミトコンドリア DNA と合わせて考察した結果、戻し交配の可能性のある個体も 2 個体確認された。

はじめに

タカサゴ科 Caesionidae 魚類に属するタカサゴ *Pterocaesio digramma* (Bleeker, 1864) (Fig. 1.a) とニセタカサゴ *Pterocaesio marri* Schult, 1953 (Fig. 1.b) は、前者がニューカレドニアから西オーストラリア、インドネシアそして南日本にかけての西太平洋域、後者が東アフリカおよび西太平洋域からマルケサス諸島にかけて広く分布する (Carpenter, 1988)。日本には琉球列島の周辺海域を中心にこれら 2 種を含めた 10 種類のタカサゴ科魚類が分布しているとされる (島

田, 2013)。

タカサゴ科魚類は沖縄方言ではグルクンという名で親しまれ、琉球列島では重要水産種として利用されており、沖縄県内の遊漁で最も多く漁獲されている (環境省自然環境局・亜熱帯総合研究所, 2007)。なかでもタカサゴは、沖縄県の県魚にも指定され、広く認知されている。しかし近年、タカサゴ科魚類の漁獲量は、減少傾向にある (環境省自然環境局・亜熱帯総合研究所, 2007)。同時に、タカサゴ科魚類の単位努力量当たりの漁獲量 (CPUE) も減少傾向にあることから (太田ら, 2007)、本科の魚類資源が減

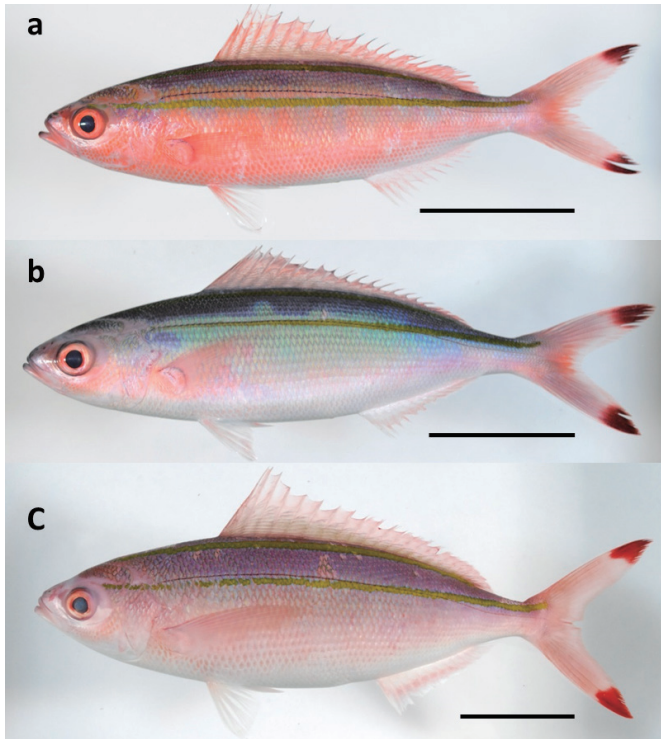


Fig. 1. Lateral view of (a)*Pterocaesio digramma* (SL=156mm,OCF-P02909), (b)*P. marri* (SL=177mm,OCF-P02915) and (c) a hybrid fusilier fish (SL=215mm,OCF-P02637). Scales indicate 50mm.

少傾向であると考えられている。従って、タカサゴ科魚類の持続的利用のためには資源管理が必要不可欠であるが、生活史や保全に関する研究は未だ十分に進んでいない。

2015年5月、沖縄県伊江島沖において形態学的にタカサゴともニセタカサゴとも識別できないタカサゴ科魚類成魚1個体が採集された (Fig. 1.c)。琉球列島に生息するタカサゴ科魚類のうちタカサゴとニセタカサゴの形態は非常に類似している。これまでの形態学的な2種の判別方法は、側線に対する体側上半部の第二番目の黄色縦帯の走る位置 (島田, 2013) によってのみ行われてきた。しかし、今回採集された個体は、これら2種に非常に酷似するも、第二番目の黄色縦帯の走る位置が2種の中間に位置し、両種間の交雑個体である可能性が推察された。この黄色縦帯の走る位置によるタカサゴとニセタカサゴの種判別の方法は、成魚に対してのみ有効であり、稚魚等の未成熟個体を区別することは困難である。しかし、効果的な資源管理を行うにはそれぞれの種を明確に区別した生活史の解明が必須であり (Imai *et al.*, 2009)、遺伝学的な稚魚の種判別は有効な手段である。

そこで本研究では、遺伝学的に両種およびその交雑個体を判別可能とする分子マーカーを開発することで、今回採集された個体が交雑個体であるか否かを検討し、さらに著者らがこれまでに採集してきた2種の成魚と石垣島で採集された稚魚の交雑個体の割合を調査したので報告する。

材料と方法

標本

本研究で用いた成魚標本は、形態によりタカサゴとニセタカサゴに同定した。2015年5月に伊江島にて採集されたタカサゴとニセタカサゴのどちらにも同定不可能な1個体、タカサゴ成魚が奄美大島 (n=51)、沖縄島 (n=48)、八重山諸島の石垣島 (n=48)、台湾、屏東 (n=50)、フィリピン、パラワン島 (n=39)、インドネシア、スラウェシ島 (n=43)、ベトナム、ダナン (n=47) において漁獲された計326個体、ニセタカサゴ成魚が奄美大島 (n=60)、沖縄島 (n=47)、八重山諸島の西表島 (n=23) およびベトナム、ダナン (n=25) において漁獲された計155個体を用いた (Table. 1)。また、稚魚については、石垣島において採集された稚魚計144個体を用いた。これら標本は主に追い込み漁と遊漁による釣りによって漁獲された (海外標本の採集方法は不明)。粗全DNAの抽出は、TNES-8M urea 緩衝液 (Ashida *et al.*, 1996) 500 μ l の入った1.5ml チューブに保存し、プロテナーゼ K-SDS/フェノール/クロロフォルム法 (Imai *et al.*, 2004) を用いた。本研究において雑種に判定された標本 (OCF-P02637, P02638 ~ P02647) の形態形質は、標準体長、背鰭棘数、背鰭軟条数、臀鰭棘数、臀鰭軟条数、腹鰭棘数、腹鰭軟条数、背鰭基底長、臀鰭基底長、頭長、眼後長、眼径、吻長、上顎長、側線有孔鱗数の15形質を記録した。また、雑種個体の標本は沖縄美ら島財団総合研究センターに収蔵した。さらに、遺伝学的

Table1. Sampling sizes for genetic analysis.

Locality	Adult		Juvenile (<i>P. digramma</i> or <i>P. marri</i>)	Sampling year
	<i>P. digramma</i>	<i>P. marri</i>		
Amami-oshima Is, Japan	51	60	-	2012~2014
Okinawa-jima Is, Japan	48	47	-	2012~2013
Yaeyama Islands, Japan (Ishigaki-jima Is & Iriomote-jima Is)	48	23	144	2012~2014
Pingtung, Taiwan	50	-	-	2013
Palawan Is, Philippines	39	-	-	2012
Sulawesi Is, Indonesia	43	-	-	2012~2013
Da Nang, Vietnam	47	25	-	2014

に純粹と考えられるタカサゴ5個体(標本番号 OCF-P02904-P02908)とニセタカサゴ5個体(標本番号 OCF-P02910-P02914)に関しても同様に上記の15形質を記録した。

分子マーカーの開発と遺伝学的解析

形態学的に同定したタカサゴとニセタカサゴの成魚標本と雑種と考えられる標本から抽出した粗全DNAをもとに、遺伝学的に両種の判別および雑種判定に有効な手法を検討した。両種の核DNAのrRNA遺伝子のthe first internal transcribed spacer領域(以後ITS-1領域)をBoon et al. (1999)によるプライマー1262C(5'-GTGGTGCATGGCCGTTCTTA-3')とITS-2(5'-GCTGCGTTCTTCATCGACGC-3')を用いてPCR法により増幅した。PCRはEmerald Amp® PCR Master Mix (Takara Bio) 12.5μl, 25pmol/μlの各プライマー0.25μl, 1μlの鋳型DNA, 11μlのD₂Oを含む全量25μlで行った。反応条件は94℃3分間の変性の後、98℃15秒間の変性、58℃45秒間のアニーリング、72℃60秒間の伸長反応を30サイクル行い、最後に72℃7分間の伸長反応で増幅した。塩基配列分析はマクロジェン・ジャパンに外注した。得られたタカサゴ(DDBJ登録番号LC088031)とニセタカサゴ(DDBJ登録番号LC088030)の塩基配列から、GENETYX-MAC Ver.8(ソフトウェア開発)を用いて種特異的な切断片が得られる制限酵素を探索し、*Bam* II, *Cfr*13 I, *Taq* I (Takara Bio)を候補として制限酵素切断片長多型分析(RFLP)を行った。切断片の検出は1.5%アガロースXP(Wako)で電気泳動後、臭化エチジウムで染色し、トランスイルミネータ(ADVANCE)上で行った。得られた切断片にもとづき種判別および雑種判定を行った。切断片の塩基対数はKiloACE 2.0 (<http://www0.nih.go.jp/~jun/cgi-bin/kiloace.pl>)によって推定した。

PCR-RFLPマーカーで明らかとなった交雑個体、タカサゴ(DDBJ登録番号LC088027)およびニセタカサゴ(LC088028)のミトコン

ドリアDループ領域をプライマーPro-goby(5'-CCACCBCTRRCTCCCAAAGC-3')(富田ほか、未発表)と12SAR-H(5'-ATAGTGGGGTATCTAATCCCAGTT-3')(Palumbi et al., 1991)を用いてPCR増幅した。PCRはEmerald Amp® PCR Master Mix 12.5μl, 25pmol/μlの各プライマーを0.25μl, 1μlの鋳型DNA, 11μlのD₂Oを含む全量25μlで行った。反応条件は94℃3分間の変性の後、98℃15秒間の変性、47℃45秒間のアニーリング、72℃60秒間の伸長反応を30サイクル行い、最後に72℃7分間の伸長反応で増幅した。塩基配列分析はマクロジェン・ジャパンに外注した。交雑個体の雌親を推定するため、得られた塩基配列のアラインメントおよび近隣結合法による系統樹推定にClustalX2.0(Larkin et al., 2007)を用いた。また、外群には同様の方法で塩基配列を決定したクマササハナムロ*P. tile*(DDBJ登録番号LC088029)を用いた。

また、形態形質を記録したタカサゴ5個体とニセタカサゴ5個体に関して、Palumbi et al. (1991)のプライマー16sar-L(5'-CGCC-TGTTTATCAAAAACAT-3')と16sbr-H(5'-CCGGTCTGAACTCAGATCACGT-3')を用いて16S rRNA領域をPCR増幅した。PCRはEmerald Amp® PCR Master Mix 12.5μl, 25pmol/μlの各プライマーを0.25μl, 1μlの鋳型DNA, 11μlのD₂Oを含む全量25μlで行った。反応条件は94℃3分間の変性の後、98℃10秒間の変性、45℃30秒間のアニーリング、72℃60秒間の伸長反応を35サイクル行い、最後に72℃7分間の伸長反応で増幅した。塩基配列分析はマクロジェン・ジャパンに外注した。得られた塩基配列はClustalX2.0(Larkin et al., 2007)によりアラインメントを行い530bpの部分配列を決定した。決定した部分配列をタカサゴ(DDBJ登録番号LC099459~LC099463)とニセタカサゴ(LC099454~LC099458)で種間比較した。

結果と考察

ITS-1 領域の PCR-RFLP 実験の結果, 制限酵素 *Taq* I で消化することにより, タカサゴとニセタカサゴそれぞれの種特異的切断片を確認することができた (Fig. 2). この ITS - 1 領域について, 未消化の PCR 産物および切断片の塩基対数を推定した結果, 両種ともに 1,322bp が得られ, RFLP によってタカサゴでは 3 本の切断片 (567bp, 368bp, 325bp) を持ち (Fig. 2.b'), ニセタカサゴでは 1 ヶ所で切断された 729bp を 2 本 (Fig. 2.c') 持っていた. つまり, タカサゴとニセタカサゴは, それぞれ b' と c' の切断片をホモで持っていた. さらに, 今回採集された雑種と思われる個体について PCR-RFLP を行ったところ, タカサゴとニセタカサゴ両種の種特異的切断片を合わせ持つことが明らかとなった (Fig. 2.a'). つまり, 両種の切断片をヘテロに持つ交雑 F1 個体であると考えられた. 日本産の海産魚類においてこれまでにサケ科 (沼知ほか, 1979; 市村ほか, 2011), ベラ科 (馬淵ほか, 1999), カワハギ科 (山

本, 2008), フグ科 (Masuda *et al.*, 1991) など様々な分類群での種間交雑が報告されている. 琉球列島の魚類における種間交雑の報告は, ニシン科 (Imai *et al.*, 2009; Uehara *et al.*, 2011; 上原ほか, 2015) の詳細な報告があるだけである. Zhang and Hanner (2011) はタカサゴとニセタカサゴの CO I 塩基配列の遺伝距離が 0 であり中間的形態を持つ個体が見つかったことから交雑について報告したが, 交雑個体に関する形態学的情報や標本登録についての記述が無い. 本研究においても, 核 ITS マーカーによって非交雑が確認済みのタカサゴ 5 個体, ニセタカサゴ 5 個体の 16S rDNA 配列を比較した結果, タカサゴ 5 個体 (LC099459 ~ LC099463) とニセタカサゴ 3 個体 (LC099455 ~ LC099457) が同じ塩基配列を共有する結果となった. この結果は, ミトコンドリア DNA の進化速度の遅い CO I や 16S rRNA 領域だけでこれら 2 種を判別することができないことを示している. 本研究で開発した核 ITS マーカーとミトコンドリア D ループ領域系統解析 (Fig. 3) によってこれら 2 種間における交雑個体の初の詳細な報告となった.

また, 今回開発した分子マーカーを用いて各産地の形態学的に同定したタカサゴ成魚, ニセタカサゴ成魚および石垣島産稚魚について雑種判定を行った結果を Fig. 4 に示した. なお, 石垣島と西表島はまとめて八重山諸島として示した. タカサゴ成魚では奄美大島 51 個体中 4 個体 (7.8%), 沖縄島 48 個体中 0 個体 (0%), 八重山諸島の石垣島 48 個体中 0 個体 (0%), 台湾 50 個体中 0 個体 (0%), フィリピン 39 個体中 1 個体 (2.6%), インドネシア 43 個体中 1 個体 (2.3%), ベトナム 47 個体中 0 個体 (0%) の割合で雑種が確認された. ニセタカサゴ成魚では奄美大島 60 個体中 0 個体 (0%), 沖縄島 47 個体中 0 個体 (0%), 八重山諸島の西表島 23 個体中 1 個体 (4.3%), ベトナム 25 個体中 0 個体 (0%) の割合で雑種が確認された. さらに, 形態では同定の困難な石垣島産稚魚では 144 個体中 10 個体 (6.9%) が交雑個体であり, 残りの 134 個

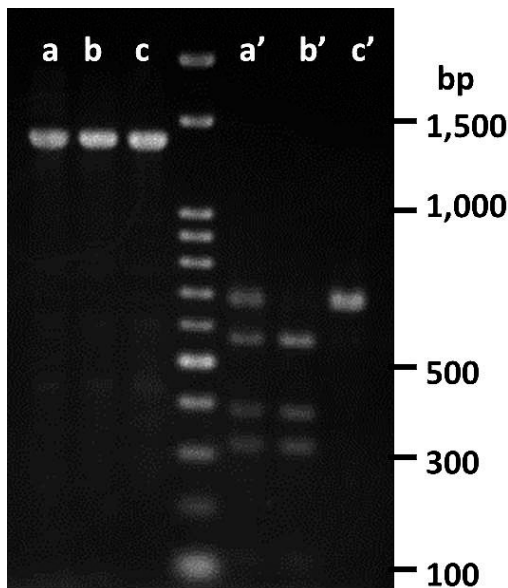


Fig. 2. ITS-1 PCR products (a - c) and RFLP (a' - c') digestion with *Taq* I from the hybrid (a and a'), *P. digramma* (b and b'), *P. marri* (c and c').

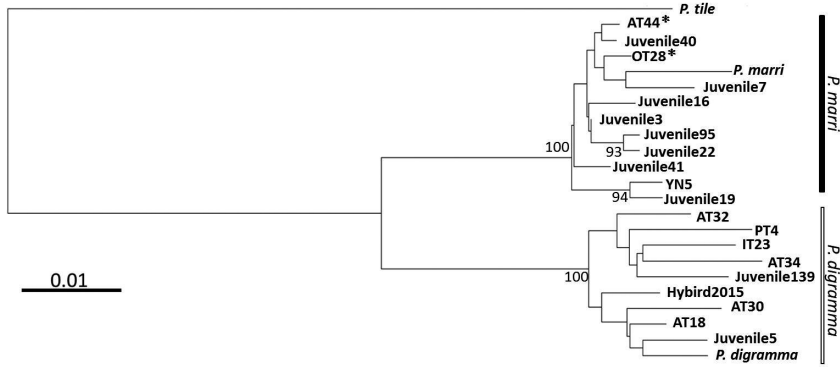


Fig. 3. Neighbor joining haplotype tree based on sequences of mtDNA D-loop region of the hybrid and *backcross individuals. Bootstrapping was run with 1,000 replicates and values over 90% are shown. Voucher IDs and Accession numbers are referred in Table. 2.

Table 2. Informations for hybrid and backcross individuals.

Sample ID	Localities	mtDNA	nDNA	Voucher ID	Accession No.
Hybrid2015	Ie-jima Is	<i>P. digramma</i>	Hybrid	OCF-P02637	LC088007
Juvenile3	Ishigaki-jima Is	<i>P. marri</i>	Hybrid	OCF-P02638	LC088008
Juvenile5	Ishigaki-jima Is	<i>P. digramma</i>	Hybrid	OCF-P02639	LC088009
Juvenile7	Ishigaki-jima Is	<i>P. marri</i>	Hybrid	OCF-P02640	LC088010
Juvenile16	Ishigaki-jima Is	<i>P. marri</i>	Hybrid	OCF-P02641	LC088011
Juvenile19	Ishigaki-jima Is	<i>P. marri</i>	Hybrid	OCF-P02642	LC088012
Juvenile22	Ishigaki-jima Is	<i>P. marri</i>	Hybrid	OCF-P02643	LC088013
Juvenile40	Ishigaki-jima Is	<i>P. marri</i>	Hybrid	OCF-P02644	LC088014
Juvenile41	Ishigaki-jima Is	<i>P. marri</i>	Hybrid	OCF-P02645	LC088015
Juvenile95	Ishigaki-jima Is	<i>P. marri</i>	Hybrid	OCF-P02646	LC088016
Juvenile139	Ishigaki-jima Is	<i>P. digramma</i>	Hybrid	OCF-P02647	LC088017
AT18	Amami-oshima Is	<i>P. digramma</i>	Hybrid	-	LC088018
AT30	Amami-oshima Is	<i>P. digramma</i>	Hybrid	-	LC088019
AT32	Amami-oshima Is	<i>P. digramma</i>	Hybrid	-	LC088020
AT34	Amami-oshima Is	<i>P. digramma</i>	Hybrid	-	LC088021
PT4	Palawan Is	<i>P. digramma</i>	Hybrid	-	LC088022
IT23	Sulawesi Is	<i>P. digramma</i>	Hybrid	-	LC088023
YN5	Iriomote-jima Is	<i>P. marri</i>	Hybrid	-	LC088024
*OT28	Okinawa-jima Is	<i>P. marri</i>	<i>P. digramma</i>	-	LC088025
*AT44	Amami-oshima Is	<i>P. marri</i>	<i>P. digramma</i>	-	LC088026

*Backcross individuals

体は全てタカサゴであると判定された。また、奄美大島のタカサゴ 51 個体中 1 個体 (2.0%) と沖縄島のタカサゴ 48 個体中 1 個体 (2.1%) は戻し交配の可能性 (タカサゴタイプの核 DNA をホモで持ち、ニセタカサゴタイプのミトコンドリア DNA を持つ) が考えられた。本研究で雑種と判定された稚魚 10 個体 (OCF-P02638 ~ P02647) と 2015 年 5 月採集の成魚 (OCF-P02637) およびタカサゴ 5 個体とニセタカサゴ 5 個体は、

標本登録を行い、沖縄美ら島財団総合研究センターに収蔵した (Table. 2, Table. 3)。標本登録を行った雑種個体およびタカサゴとニセタカサゴの 15 形質の計数・計測結果は Table. 3 に示した。今回の計数形質の結果では、タカサゴ、ニセタカサゴそして交雑個体の計数形質は重複しており中間的な計数形質は無かった。本研究では琉球列島の奄美大島、伊江島、石垣島および西表島においてタカサゴとニセタカサゴの交雑

Table 3. Counts and measurements of hybrid individuals, *P. digramma* and *P. marri*. Means in parentheses.

Morphological characters	Hybrid2015	Juvenile	<i>P. digramma</i>	<i>P. marri</i>
	OCF-P	OCF-P	OCF-P	OCF-P
Number of individuals	1	10	5	5
Standard length(mm)	215	60.91-77.43(70.93)	169.10-200.06(182.66)	185.97-205.15(192.95)
Counts				
Dorsal fin rays	X, 15	X, 14-15	X, 15	X, 15
Anal fin rays	III, 12	III, 12-13	III, 12	III, 12
Pelvic fin rays	I, 5	I, 5	I, 5	I, 5
Pored lateral line scales	75	73-76	68-75	71-74
Measurements				
length of dorsal fin base	113.01	29.58-39.24(35.96)	87.90-102.2(93.34)	95.13-107.05(99.67)
length of anal fin base	46.68	12.26-17.03(14.42)	35.59-40.44(37.98)	38.63-42.99(40.51)
Head length	60.83	19.06-23.47(21.86)	46.10-51.74(48.79)	51.17-56.45(53.12)
Postorbital length	29.87	8.26-10.87(9.82)	22.40-24.99(23.77)	23.89-27.17(25.82)
Orbital diameter	15.81	6.20-7.63(6.93)	12.74-15.44(14.01)	14.95-15.87(15.35)
Snout length	13.13	4.34-5.66(5.02)	9.80-11.54(10.65)	11.06-12.00(11.30)
Upper jaw length	19.98	6.14-8.17(7.40)	14.39-16.95(15.76)	16.49-18.08(17.03)

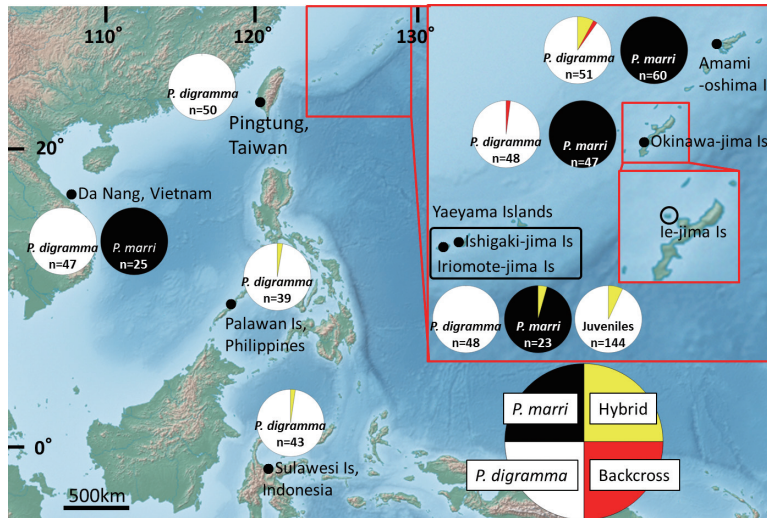


Fig. 4. Location of sampling sites representing the results of genetically identified *P. marri* (black), *P. digramma* (white), hybrid (yellow) and backcross (red).

個体が確認されたが、タカサゴ科魚類の交雑が生じる現象を理解するためには両種の産卵期や正確な産卵場所など詳細な産卵生態の解明が望まれる。

ミトコンドリアDループ領域の系統解析によって全ての交雑個体の雌親を推定した結果をTable. 2とFig. 3に示した。タカサゴタイプのミトコンドリアDNAを持つF1交雑個体は、成魚では奄美大島で4個体(AT32, 34, 30, 18)、伊江

島で1個体(Hybrid2015)、フィリピンで1個体(PT4)、インドネシアで1個体(IT23)であった。また、ニセタカサゴタイプのミトコンドリアDNAを持つF1交雑個体は、西表島の1個体(YN5)のみであった。石垣島の稚魚の雑種10個体では、タカサゴタイプ2個体(Juvenile139, 5)に対しニセタカサゴタイプ8個体(Juvenile40, 7, 16, 3, 95, 22, 41, 19)であり、八重山諸島は他の地域に比べ雌親にニセタカサゴを持つ個体に大

大きく偏っており、奄美大島で検出された交雑個体についても雌親にタカサゴを持つ個体が4個体のみと偏りが見られた。このことは奄美大島におけるサンプリングでは漁獲されるタカサゴの割合がニセタカサゴに比べ少なく、とりわけ八重山諸島におけるニセタカサゴ成魚のサンプリングが他の地域に比べ明らかにタカサゴよりもニセタカサゴの割合が少なく困難であったこと(立原 私信)を反映しているのかもしれない。つまり八重山諸島では個体数の少ないニセタカサゴの雌に対し、個体数の多いタカサゴの雄が繁殖行動を行った(奄美大島では逆)ことが一つの可能性として考えられた。雑種形成促進の一つの要因としてはそれぞれの親種の密度の不均衡性や低密度(Yaakub *et al.*, 2006)が挙げられ、Hobbs *et al.* (2009)においても交雑の確認された11例中9つの例で片方もしくは両方の親種が稀な種であったことなどからも、奄美大島と八重山諸島における今回のタカサゴとニセタカサゴの密度の違いが雑種形成促進の一つの環境要因であることが考えられる。今回使用した標本は琉球列島産に関しては主に追い込み漁や遊漁による釣りによって漁獲されたものであるが、これら2種は混獲されたり、同じ深度で釣れることが知られていることから生息環境は重複していることが伺える。また、Yokoyama *et al.* (1994)の室内実験においてタカサゴは群れの中の雌雄がペアを作り放卵放精を行いそれに続きスニーカー数匹が放精する様子が観察されている。加えて、同じタカサゴ科に属するササムロ *Caesio caerulea* も群れの中の雌雄ペアとスニーカーによる放卵放精が観察されていることから(Yokoyama *et al.*, 1995)、これらに近縁なニセタカサゴも同じような繁殖行動を示し、さらにタカサゴと同じ群れを作り行動していることが推察される。本研究において琉球列島で確認された交雑個体は、タカサゴとニセタカサゴ2種間の交雑個体であった。しかし、タカサゴ科魚類には *P. tessellata* や *P. chrysozona* など日本に分布せず東南アジアに分布する近縁種も存

在し、今回確認された2種間の組み合わせ以外の種間交雑も起こっている可能性が考えられることから、さらなる研究の進展が望まれる。

謝 辞

本研究を進めるにあたり標本収集に協力いただいた、沖縄県水産海洋技術センター職員の皆様、国立海洋生物博物館(台湾)・張至維博士、琉球大洋株式会社取締役・花城清定氏、石垣島のはるみ鮮魚店、また本稿の英文要旨をご校閲頂いた Juan Jose Diaz-Sacco 博士に心より感謝する。また、本稿に有益なご指摘を頂いた査読者に謹んで御礼申し上げる。なお、本研究の一部は沖縄県の沖縄沿岸域の総合利活用推進事業に関する委託研究「水産重要魚類の生活史と遺伝的集団構造の解明」および琉球大学理学部の「国際サンゴ礁研究教育ハブ形成プロジェクト」による研究助成を受けた。

引用文献

- Asahida, T., Kobayashi, K., Saitoh, K. & Nakayama, I., 1996. Tissue preservation and total DNA extraction from fish stored at ambient temperature using buffers containing high concentration of urea. *Fish. Sci.*, **62**: 727-730.
- Booton, G. C., Kaufman, L., Chandler, M., Oguto-Ohwayo, R., Duan, W. & Ferst, P. A., 1999. Evolution of the ribosomal RNA internal transcribed spacer one (ITS-1) in cichlid fishes of the Lake Victoria region. *Mol. Phylogenet. Evol.*, **11**: 273-282.
- Carpenter, K. E., 1988. FAO species catalogue, Volume 8, An annotated and illustrated catalogue of Caesionidae species known to date. FAO *Fish. Synop.*, Rome.
- Hobbs, J. P. A., Frisch, A. J., Allen, G. R., & Van Herwerden, L. 2009. Marine hybrid hotspot at Indo-Pacific biogeographic border. *Biol. Lett.*, **5**: 258-261.
- 市村政樹・柳本卓・小林敬典・正岡哲治・帰山

- 雅秀, 2011. 北海道東部根室海峡周辺で採集された「サケマス」のDNA分析による交雑判別. 日本水産学会誌, **77**: 834-844.
- Imai, H., Cheng, J. H., Hamasaki, K. & Numachi, K. 2004. Identification of four mud crab species (genus *Scylla*) using ITS-1 and 16S rDNA markers. *Aquat. Living Resour.*, **17**: 31-34.
- Imai, H., Kashiwagi, F., Cheng, J. H., Chen, T. I., Tachihara, K. & Yoshino, T., 2009. Genetic and morphological evidence of hybridization between *Nematalosa japonica* and *N. come* (Clupeiformes: Clupeidae) off Okinawa Island, Ryukyu Archipelago, Japan. *Fish. Sci.*, **75**: 343-350.
- 環境省自然環境局・(財) 亜熱帯総合研究所, 2007, 平成18年度持続可能な漁業・観光利用調査, 財団法人亜熱帯総合研究所, 沖縄.
- Larkin, M. A., Blackshields, G., Brown, N. P., Chenna, R., McGettigan, P. A., McWilliam, H., Valentin, F., Wallace, I. M., Wilm, A., Lopez, R., Thompson, J. D., Gibson, T. J. & Higgins, D. G., 2007. Clustal W and Clustal X version 2.0. *Bioinformatics*, **23**: 2947-2948.
- 馬淵浩司・松本一範・中坊徹次, 1999. 愛媛県宇和海より採集されたササノハバラ属種間雑種. 魚類学雑誌, **46**: 115-119.
- Masuda, Y., Shinohara, N., Takahashi, Y., Tabeta, O. & Matsuura, K., 1991. Occurrence of natural hybrid between Pufferfishes, *Takifugu xanthopterus* and *T. vermicularis*, in Ariake Bay, Kyushu, Japan. *Nippon Suisan Gakkaishi*, **57**: 1247-1255.
- 沼知健一・長洞幸夫・岩田宗彦, 1979. 北大西洋に分布する通称「シロマス」について. 東京大学海洋研究所大槌臨海研究センター報告, **5**: 87-102.
- 太田 格・工藤利洋・海老沢明彦, 2007. 八重山海域の沿岸性魚類資源の現状. 平成17年度沖縄県水産海洋研究センター事業報告書, 沖縄. 168p
- Palumbi, S. M., Martin, A., Romano, S., MacMillan, W. O., Stice, L. & Grabowski, G., 1991. The Simple Fool's Guide to PCR, Version 2.0. Department of Zoology and Kewalo Marine Laboratory, University of Hawaii, Honolulu.
- 島田和彦, 2013. 「タカサゴ科」, 中坊徹次 (編), 日本産魚類検索 全種の同定 第三版. 東海大学出版会, 931-933. 神奈川.
- Uehara, M., Kashiwagi, F., Imai, H. & Tachihara, K., 2011. Biological traits of naturally induced hybrid individuals of two gizzard shads, *Nematalosa come* and *N. japonica*, in coastal waters around Okinawa Island, Ryukyu Archipelago, southwestern Japan. *Ichthyol. Res.*, **58**: 344-349.
- 上原匡人・今井秀行・岩本健輔・太田格・海老沢明彦・吉野哲夫・立原一憲, 2015. ドロクイ属2種の分布および生息環境: 近年の沿岸域の改変と交雑個体の出現の関係. 魚類学雑誌, **62**: 13-28.
- Yaakub, S. M., Bellwood, D. R., van Herwerden, L., & Walsh, F. M., 2006. Hybridization in coral reef fishes: introgression and bi-directional gene exchange in *Thalassoma* (family Labridae). *Mol. Phylogenet. Evol.*, **40**: 84-100.
- 山本圭介, 2008. 東シナ海より採集されたカワハギ科ウマヅラハギ属の交雑個体. 魚類学雑誌, **55**: 17-26.
- Yokoyama, K., Kamei, Y., Toda, M., Hirano, K. & Iwatsuki, Y. 1994. Reproductive Behavior, Eggs and Larvae of a Caesionine Fish, *Pterocaesio digramma*, Observed in an Aquarium. *Jpn. J. Ichthyol.*, **41**: 261-274.
- Yokoyama, K., Kamei, Y., Toda, M., Hirano, K. & Iwatsuki, Y. 1995. Reproductive behavior, eggs and larvae of a Caesionine fish, *Caesio caerulaurea*, observed in an aquarium. *Jpn. J. Ichthyol.*, **42**: 157-164.
- Zhang, J. B., & Hanner, R. 2011. DNA barcoding is a useful tool for the identification of marine fishes from Japan. *Biochem. Syst. Ecol.*, **39**: 31-42.

(2015年9月30日 受領, 2015年11月19日 受理)