

琉球大学学術リポジトリ

沖縄県におけるヒョウモンドジョウの遺伝的特性

メタデータ	言語: 出版者: 琉球大学資料館 (風樹館) 公開日: 2021-03-24 キーワード (Ja): キーワード (En): 作成者: 岡, 慎一郎, 笹井, 隆秀, 花原, 望, 宮本, 圭, 小林, 大純, 村田, 尚史, 前田, 健, Oka, Shin-ichiro, Sasai, Takahide, Hanahara, Nozomi, Miyamoto, Kei, Kobayashi, Hirozumi, Murata, Naofumi, Maeda, Ken メールアドレス: 所属:
URL	http://hdl.handle.net/20.500.12000/47966



沖縄県におけるヒョウモンドジョウの遺伝的特性

岡慎一郎^{1*}・笹井隆秀^{1,2}・花原望¹・宮本圭¹・小林大純³・村田尚史⁴・前田健⁵¹ 〒905-0206 沖縄県国頭郡本部町字石川 888 沖縄美ら島財団総合研究センター² 〒905-0206 沖縄県国頭郡本部町字石川 424 沖縄美ら海水族館³ 〒903-0213 沖縄県中頭郡西原町千原 1 琉球大学大学院理工学研究科⁴ 〒905-0021 沖縄県名護市東江 1-8-11 名護博物館⁵ 〒904-0495 沖縄県国頭郡恩納村谷茶 1919-1 沖縄科学技術大学院大学* 通信著者 (e-mail: sh-oka@okichura.jp)

要旨．沖縄島北部、屋我地島および与那国島で採集されたドジョウ属魚類について、ミトコンドリア DNA 調節領域の塩基配列に基づく遺伝的特性を検討した．その結果、沖縄島北部からはヒョウモンドジョウ *Misgurnus* sp. OK と判断される 3 ハプロタイプ、与那国島からはこれとは異なる同種の 1 ハプロタイプが見出された．沖縄島北部西岸の 4 地点は全て同一のハプロタイプに占められ、遺伝的多様性が著しく失われた状態にあった．一方で、名護市の東岸のごく小規模な水路から得られたヒョウモンドジョウからは西岸のハプロタイプを含めた 3 ハプロタイプがほぼ同等の割合で検出され、今回調べた中で遺伝的多様性を有する唯一の個体群であった．沖縄島北部西岸に隣接する屋我地島の個体群は、これらと異なり中国や九州以北に生息するドジョウを起源とする可能性が極めて高く、近隣のヒョウモンドジョウ個体群に対する遺伝的攪乱が懸念される．

はじめに

沖縄島の陸水域は小規模であるがゆえに純淡水魚相が発達しにくく、在来とされる純淡水魚の全ては琉球列島の固有種あるいは遺伝的に固有な個体群と考えられている (立原 2009; Matsumoto et al. 2010; Takada et al. 2010; 今井ら 2017; 中島 2017)．清水ら (2011) は、遺伝的、形態的特徴から沖縄島に生息するドジョウ属魚類が在来の固有個体群であることを示唆し、中島・内山 (2017) はこれを独立した種として新称ヒョウモンドジョウ *Misgurnus* sp. OK を提唱した．ヒョウモンドジョウは沖縄島の他に石垣島や与那国島から得られており、それらのいずれかは人為的な移入による分布と考えられているが、その実態は不明である (中島・内山 2017)．本種の生息状況は、土地開発や河川改修などによる生息環境の消失や悪化の影響により非常に危機的な状況にある (中島・内山 2017; 高田 2018)．このため、沖縄県のレッドリストで絶滅危惧 IA

類 (高田 2018) に指定され、さらに 2020 年 11 月に施行された沖縄県希少野生動植物保護条例では指定希少野生動植物種に選定され、行政としての保全活動が開始されたばかりである．しかし一方で、保全単位を考慮するために重要となる遺伝的特性に関する情報が不足しているだけでなく、国内の他のドジョウ属でも懸念されているような人為的に導入された近縁種や遺伝的に異なる個体群との交雑 (中島・内山 2017) の可能性についても検討されていない．その中で、宮本ら (2017) は沖縄県名護市の県立高校の敷地内で発見されたヒョウモンドジョウ個体群が遺伝多様性を著しく欠いた保全遺伝学上危機的な状況にあることを指摘しており、その他の生息域における状況についても把握する必要がある．そこで本研究では、宮本ら (2017) の結果を地理的に拡張する形で、沖縄県内におけるドジョウ属の生息情報とサンプルを可能な限り収集し、特にヒョウモンドジョウの遺伝的特徴を明らかにするための端緒とすることを目的とした．なお、ヒョウモンドジョウは髭の長さや体側斑紋の強さなどといった形態的特徴で他の国内産ドジョウ属と識別可能とされているもの (清水・高木 2010; 中島・内山 2017)、形態の個体差や未成魚の識別点については現時点では不明瞭であるため、本研究ではヒョウモンドジョウの遺伝的側面のみに着目した．

材料と方法

本研究で分子解析に供したドジョウ属魚類の採集場所および個体数は、名護西 14 個体、名護東 29 個体、屋我地島 10 個体、大宜味 17 個体、本部 9 個体、与那国島 3 個体である．これらのうち、名護西、大宜味、本部は沖縄島北部の西海岸、名護東は東海岸に位置し、屋我地島は沖縄島北部西海岸に隣接する．各採集場所の詳細については保全上の観点から伏せるが、著者らの聞き取りにより少なくとも沖縄島におけるドジョウ属の生息場所は概ね網羅したと考えている．また、

これらはそれぞれが独立した水域であり、増水時においても地点間で連続することはない。なお、石垣島にも10年以上前にヒョウモンドジョウと思われる魚類の採集例があるとされているが(中島・内山 2017), 本研究では確認されなかった。採集は2019年8月-2020年10月に行い、合計82個体のドジョウ属魚類を得た。このうち60個体については生体のまま尾鰭先端を切除しそれを無水エタノールに保存した。また、液浸標本とした計22個体については、体側の筋肉片あるいは右胸鰭先端を無水エタノールにて保存した。なお、尾鰭先端を切除した個体については、2週間程度の飼養で切除面の回復と正常の遊泳行動を認めた後、それぞれの採集地点に放流もしくは一般財団法人沖縄美ら島財団の飼育施設に収容した。

分子解析はミトコンドリアDNA調節領域の約600bpを対象とし、分析および解析方法は宮本ら(2017)に準拠した。ただし、塩基配列

のアライメントおよび系統樹作成はMEGAX(Kumar et al. 2018)を用いた。系統解析には本研究で得られた82個体分の塩基配列に加え、宮本ら(2017)が名護市内の沖縄県立北部農林高校内の13個体を分析して得たヒョウモンドジョウの1ハプロタイプ(Dz-HN1)、さらに同研究での解析に使用された日本各地および中国から得られたドジョウ属の既存塩基配列(計80ハプロタイプ, Morishima et al. 2008; 鹿野ら 2012)を使用した。今回得られた新たなハプロタイプの塩基配列はDNAデータバンク(DDBJ/EMBL/GenBank)に登録した(accession number: LC594068-594072)。

本研究におけるドジョウ属魚類の和名と学名は中島・内山(2017)に準拠し、各種資料(清水ら 2011; 宮本ら 2017; 高田 2018)で沖縄在来系統のドジョウ *Misgurnus anguillicaudatus* とされたものはヒョウモンドジョウ *Misgurnus* sp. OK に置き換えた。

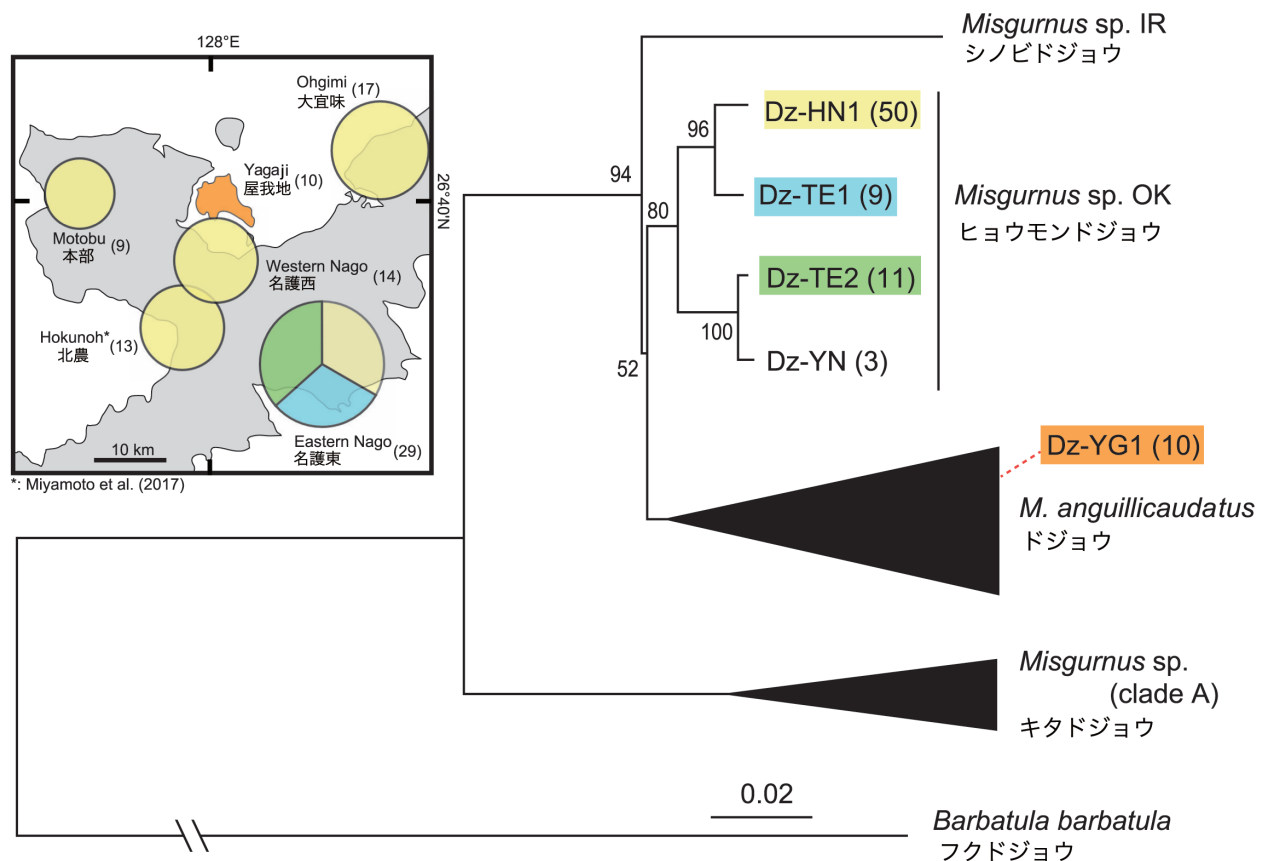


図1 近隣結合法により得たドジョウ属魚類のミトコンドリアDNA調節領域のハプロタイプ系統樹および沖縄島北部でのハプロタイプの構成比。スケールバーは Tamura-Nei モデルによる遺伝的距離、分岐点の値は1000回繰り返しによるブートストラップ値を示す。カッコ内の数字は分析個体数を示す。

Fig. 1 Neighbor-joining tree of mtDNA control region haplotypes of genus *Misgurnus* and the haplotype composition in each site of northern Okinawa Island. Scale bars equal 0.02 Tamura- Nei distance. Numbers at branches indicate bootstrap probabilities for 1,000 bootstrap replications. Numbers in the parentheses show number of individuals analyzed.

結果と考察

沖縄島および隣接する屋我地島からは、宮本ら (2017) で見出されたハプロタイプ Dz-HN1 に加え、Dz-TE1, Dz-TE2, Dz-YG1 の計 4 ハプロタイプが得られた。また与那国島の 3 個体からは沖縄島とは異なる 1 ハプロタイプ (Dz-YN) のみが見出された。それぞれのハプロタイプの系統関係をみると (図 1), Dz-YG1 以外は既知のドジョウ *M. anguillicaudatus*, キタドジョウ *Misgurnus* sp. (clade A), 西表島産のシノビドジョウ *Misgurnus* sp. IR とは独立したクレードを形成した。今回新たに得られた Dz-TE1, Dz-TE2, Dz-YN は、宮本ら (2017) によってヒョウモンドジョウとされた Dz-HN1 と同一クレードにあることから、これらはヒョウモンドジョウと判断された。さらにこれらの位置関係はミトコンドリア DNA シトクロム b 領域に基づく日本産ドジョウ類の分子系統樹 (中島・内山 2017) および本研究と同領域で比較した宮本ら (2017) の系統樹とほぼ一致した。

屋我地島の 10 個体は全て Dz-YG1 であり、ヒョウモンドジョウとは異なる九州以北や中国産のドジョウのクレードに含まれていた。つまり、屋我地島の個体群は九州以北もしくは中国から移入されたドジョウを起源とするのが妥当である。本研究ではヒョウモンドジョウとの交雑の可能性については明らかにできなかったが、今回ドジョウ属が得られた地域はいずれもかつて稲作が盛んであった地域であり (名護市史編纂委員会 1981), 農耕資材等の移動にともなう両種の移動で交雑が発生している可能性は否定できない。今後、ヒョウモンドジョウの保全方針を決定する上で、交雑等のより詳細な遺伝的性状を検出できる核 DNA による検討が求められる。

沖縄島北部でのヒョウモンドジョウ 3 ハプロタイプの構成比をみると (図 1), 沖縄島の西海岸 4 箇所 (北部農林高校, 本部, 名護西, 大宜味) は全て同一のハプロタイプ (Dz-HN1) に占められた。その一方、名護東の個体群からは Dz-HN1 に加え、独自の 2 ハプロタイプ (Dz-TE1, Dz-TE2) がほぼ同等の割合で検出された。つまり、沖縄島北部西海岸の個体群は、同一ハプロタイプのみで占められる遺伝的多様性を著しく欠いた状態にある。一方で複数ハプロタイプを有する名護東の個体群は、最も高い遺伝的多様性を有しており、その保全価値は現状では最も高いと評価される。

名護東個体群の生息域は農地の湧水地に接続した素掘りの水路であり、その範囲はわずか 100 m 程度と狭い (図 2)。このような水路は



図 2 名護東地区のヒョウモンドジョウ生息地。

Fig. 2. Habitat of *Misgurnus* sp. OK in eastern part of Nago.

圃場整備上の観点から改修の対象とされやすく、今後人為的な生息環境の改変が発生する可能性がある。それだけでなく、この場所では他の生息地では確認されなかったカワスズメ *Oreochromis mossambicus* が確認されている。カワスズメのヒョウモンドジョウの生存に対する影響については不明であるものの、外来生物法の要注外来生物および世界の侵略的外来種ワースト 100 に挙げられている状況を勘案すると楽観視はできない。一般的に制御困難とされる外来種の影響の可能性を鑑みると、生息域外保全も視野に入れた保全策が望まれる。さらに沖縄島での本種の保全に関しては、屋我地島における移入ドジョウの取り扱いについても十分に配慮すべきであり、少なくとも交雑の現状把握を踏まえた包括的な視点が必要であろう。

沖縄島、石垣島、与那国島で確認されているヒョウモンドジョウは、生息域の地理的な隔たりから、少なくともいずれかの個体群は人為的な移入であると考えられている (中島・内山 2017)。また、本種と同様の形態的特徴を持つドジョウ属が台湾でも確認されていることから (中島・内山 2017), 本種の自然分布の詳細は不明である。ヒョウモンドジョウ保全の重要性を客観的に評価するためには、本種と同定される個体群を海外も含めて包括的にとらえ、さらに個体群間やドジョウなど近縁種との交雑も考慮したより詳細な遺伝的アプローチが重要となる。

謝辞

名護市在住の座間味真氏、金崎正治氏、宜野湾市在住の内田晃士氏、琉球大学理学部海洋自然科学科の立原一憲教授、沖縄美ら島財団の高ゆ

う子氏にはドジョウ属の生息情報の提供およびサンプリングにご協力を賜った。ここに深謝する。ドジョウ属の生息情報の一部は、沖縄県が実施した希少野生生物保護推進事業委託業務に従事した株式会社沖縄環境保全研究所の西垣孝治氏と永澤拓也氏からの情報提供を受けた。また、本研究には沖縄美ら海水族館の調査研究事業として水族館事業の収益の一部が充てられ、さらに JSPS 科研費 (JP18K14484) の助成を受けたものである。

引用文献

- 今井秀行・米沢俊彦・立原一憲, 2017. ミナミメダカ琉球型個体群における他個体群の放流による遺伝的攪乱の初事例. 日本生物地理学会会報, 71: 121–129.
- 遠藤 (高田) 未来美, 2018. ドジョウ. 沖縄県文化環境部自然保護課 (編), 改訂・沖縄県の絶滅のおそれのある野生生物 (レッドデータおきなわ) 第3版動物編. Pp. 234–235, 沖縄県文化環境部自然保護課, 沖縄.
- 鹿野雄一・中島淳・水谷宏・仲里裕子・仲里長浩・揖善継・黄亮亮・西田伸・橋口康之, 2012. 西表島におけるドジョウの危機的生息状況と遺伝的特異性. 魚類学雑誌, 59: 37–43.
- 環境省, 2020. 環境省レッドリスト 2020. <http://www.env.go.jp/press/107905.html>
- Kumar, S., G. Stecher, M. Li, C. Knyaz & K. Tamura, 2018. MEGA X: Molecular Evolutionary Genetics Analysis across computing platforms. *Molecular Biology and Evolution*, 35: 1547–1549.
- Matsumoto, S. T. Kon, M. Yamaguchi, H. Takeshima, Y. Yamazaki, T. Mukai, K. Kuriwa, M. Kohda & M. Nishida, 2010. Cryptic diversification of the swamp eel *Monopterus albus* in East and Southeast Asia, with special reference to the Ryukyuan populations. *Ichthyological Research*, 57: 71–77.
- Morishima, K., Y. Nakamura-Shiokawa, E. Bando, Y. J. Li, A. Boroń, M. M. R. Khan & K. Arai, 2008. Cryptic clonal lineages and genetic diversity in the loach *Misgurnus anguillicaudatus* (Teleostei: Cobitidae) inferred from nuclear and mitochondrial DNA analyses. *Genetica*, 132(2): 159–171.
- 宮本圭・岡慎一郎・與那嶺創・東江涼夏・玄番雛・花原望, 2017. 沖縄県名護市におけるドジョウとタウナギの高密度生息地とその遺伝的特性. *Fauna Ryukyana*, 34: 15–20.
- 名護市史編纂委員会, 1981. 名護市史 資料編 1

- 近代歴史統計資料集. 名護市役所, 沖縄.
- 中島淳・内山りゅう, 2017. 日本のドジョウ. 山と溪谷社, 東京.
- 清水孝昭・高木基裕, 2010. ミトコンドリア DNA による愛媛県を中心としたトドジョウの遺伝的集団構造と攪乱. *魚類学雑誌*, 57: 13–26.
- 立原一憲, 2009. 琉球列島の中卵型ヨシノボリ属 2種: 島嶼の河川で進化してきたヨシノボリ類の保全と将来. *魚類学雑誌*, 56: 70–74.
- Takada, M., K. Tachihara, T. Kon, G. Yamamoto, K. Iguchi, M. Miya & M. Nishida, 2010. Biogeography and evolution of the *Carassius auratus*-complex in East Asia. *BMC Evolutionary Biology*, 10: article 7.

Genetic traits of the weatherfish *Misgurnus* sp. OK on the Okinawa Islands, southern Japan

Shin-ichiro Oka¹, Takahide Sasai^{1,2}, Nozomi Hanahara¹, Kei Miyamoto¹, Hirozumi Kobayashi³, Naofumi Murata⁴ & Ken Maeda⁵

¹Okinawa Churashima Research Center, 888 Ishikawa, Motobu, Okinawa 905-0206, Japan

²Okinawa Churaumi Aquarium, 424 Ishikawa, Motobu, Okinawa 905-0206, Japan

³Graduate School of Engineering and Science, University of the Ryukyus, 1 Senbaru, Nishihara, Okinawa 903-0213, Japan

⁴Nago Museum, 1-8-11 Agarie, Nago, Okinawa 905-0021, Japan

⁵Okinawa Institute of Science and Technology, 1919-1 Tancha, Onna, Okinawa 904-0495, Japan

*Corresponding author (e-mail: sh-oka@okichura.jp)

Abstract. Specimens of weatherfish (genus *Misgurnus*) were collected from Okinawa, Yagaji and Yonaguni islands, Japan, to investigate their genetic variations based on mitochondrial DNA sequences (control region). Three and one haplotypes of *Misgurnus* sp. OK were identified from Okinawa Island and Yonaguni Island, respectively. All four sites on the west coast of Okinawa Island were dominated by a single haplotype, indicating a significant loss of genetic diversity among them. The highest genetic diversity was observed in a very small creek in eastern Nago, Okinawa Island, where three haplotypes co-occurred in nearly equal proportions. The population on Yagaji Island is likely to be introduced from *M. anguillicaudatus* in China

or temperate Japan area. Genetic disturbances caused by this introduced population to the Okinawan native population are of concern.

投稿日 : 2020 年 11 月 29 日

受理日 : 2021 年 3 月 2 日

発行日 : 2021 年 3 月 11 日