

# 日本近海におけるホシササノハベラの遺伝的分化の解析 —日本沿岸域の環境保全のために—

14118629 川瀬 渡

## 1. はじめに

近年の急激な科学技術の発達は、地球の環境破壊を引き起こし、多くの生物種の生存を脅かし、それらを絶滅へと追いやってきた。現在、地球の生物多様性の低下は、長い地球上の生命の歴史の中でかつてないほど短期間に、しかも急速に起こっている。

生物多様性が人間活動による影響を顕著に受ける海域は沿岸域である。沿岸域における人間活動では、海洋汚染、護岸・港湾開発、過剰な漁獲などがあげられる。これらの活動は、海洋生物の生活環境を悪化させ、生物多様性の低下を起こしている。

ベラ科魚類は一夫多妻的社会を形成し、性転換を行う。一夫多妻型の繁殖システムは近縁な個体どうしが交配しやすく遺伝的多様性が低下しやすいと考えられる。また、性転換を行うことは有効集団サイズに影響を与える。一般的に集団内で近縁な個体による交配が多い種は、集団間分化が起こりやすい。しかし実際のところ、魚類などの海域における集団間でどの程度の分化があり、遺伝子流動がどの程度起こっているのかまったくわかっていない。特に沿岸域は、海洋汚染、護岸・港湾開発が著しく、生息域が減少している。

よって本研究では、ベラ科魚類の一種、ホシササノハベラを用いてアイソザイムによる集団遺伝的解析を行い、集団間分化・遺伝子流動を明らかにし、沿岸域開発を行う上での環境保全的指標を見出すことを目的とした。

## 2. 材料および方法

ホシササノハベラ (*Pseudolabrus sieboldi*) (図-1) は日本近海に固有なベラ科の普通種で、南日本沿岸の岩礁に多く生息しており、繁殖期は英虞湾と前島半島(三重)では10~12月とされている。産卵は沿岸で行なわれ、孵化した稚魚は成長につれて離岸し、その後沿岸域を含めた広範囲に分散し、繁殖期に沿岸に戻る。

本研究で使用したホシササノハベラは図-2に示した6地点で採集した。

採取した各個体から、筋肉および肝臓組織を取り出してすりつぶし、遠心分離することにより上澄み液を得た。上澄み液を濾紙に吸収させ、デンブングルに添加し、電気泳動を行った。染色を行った酵素は、筋肉組織では13種、肝臓組織では4種である。染色し適当な時間をおいた後、ゲルの観察を行い、各個体の保持している遺伝子を確認した。



図-1 ホシササノハベラの雌

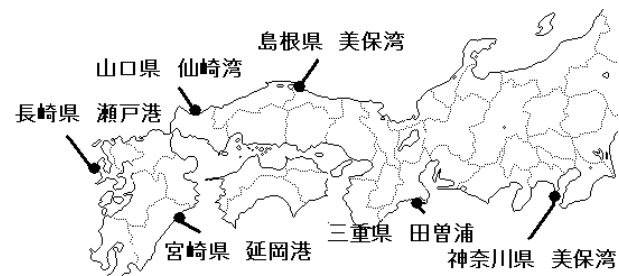


図-2. ホシササノハベラの採集場所

## 3. 結果と考察

ホシササノハベラ各個体群の近交係数  $F$  は、0.070~0.790 の値を得た(表-1)。  $F$  値が各個体群の平均値を大きく上回った三重・神奈川の2集団は有効集団サイズが小さいと考えられる。これは集団が小さく、近親交配が行われていることを示している。

個体の遺伝子多様度を表す  $H$  は 0.019~0.217 となり、三重・神奈川の2個体群で  $H$  が平均(0.109)を大きく下回った(表-1)。これより、この2個体群は本来もっているはずの多様度の約4分の1から6分の1程度しかもっていないことになり、  $H$  からこの2個体群では近親交配が頻繁に行われていることが示された。

集団の遺伝的分化の程度を比較するのに遺伝

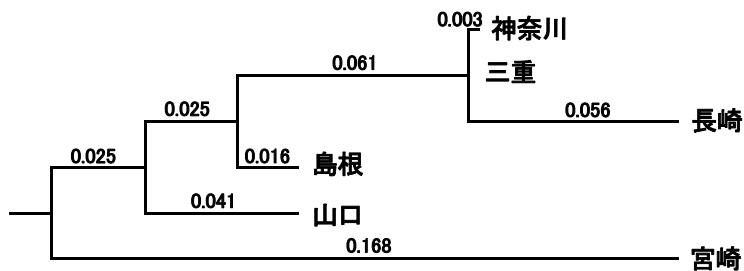


図-3 ホシササノハベラ 6 集団の系統樹

表-1 各個体群における  $F_i$ ,  $H_i$

個体群	$F_i$	$H_i$
宮崎	0.423	0.206
山口	0.070	0.217
島根	0.414	0.092
長崎	0.174	0.091
三重	0.790	0.028
神奈川	0.690	0.019
平均	0.435	0.109

的距離  $D$  が用いられる。今回調査したホシササノハベラ 6 個体群では、 $D$  の値は 0.000~0.301 と集団によって差が見られた。各個体群と他の個体群間の遺伝的距離を比較すると、宮崎と他の個体群間の  $D$  値は 0.223~0.301 と大きな値を示した。一方、三重と他の個体群間の  $D$  値は宮崎を除くと 0.000~0.081 であり、神奈川と他の個体群間の  $D$  値は宮崎を除くと 0.000~0.090 であった。一般的に近親交配をしているような集団では、分化が起こりやすい。三重・神奈川の各個体群は  $F$  値において近親交配を頻繁に行っている可能性が指摘されたが、遺伝的分化は起こっていないと示された。三重・神奈川間の  $D$  値が 0 になったことから、この 2 つの集団は大きな 1 つの集団であると考えられる。また、得られた  $D$  をもとに近隣結合法によって系統樹を構築した (図-3)。

今回調査した 6 つのホシササノハベラの個体群を、本州太平洋群 (三重, 神奈川), 日本海群 (島根, 山口, 長崎), 瀬戸内海群 (宮崎) の 3 群に分類し、 $G_{ST}$  を算出した。 $G_{ST}$  は集団分化に起因する遺伝的多様性の割合を示し、本州太平洋群で 0.030, 日本海群で 0.310, 瀬戸内海群で 0.024 という値を得た。日本海群では、 $G_{ST}$  値が他の 2 群では 0.1 未満であるのに対してきわめて大きな値を示したため、日本海群では集団分化が進んでいることにより、遺伝的多様性が高くなっていることがわかった。

これは、日本海側のホシササノハベラは孵化した稚魚が一度離岸して繁殖期にまた沿岸に戻ってくる際に、多くの個体がもとの場所に戻っている (各集団間の移動が少ない) ため遺伝的な固定が起こり遺伝的分化が進んでいるものと考えられる。一方、瀬戸内海や太平洋側のホシササノハベラは、繁殖期に沿岸に戻る際、生まれた場所に戻らない (各集団間で移動が頻繁に行われている) 個体が多いため集団間で遺伝子流動が起きているとも考えられる。

上記の理由として、日本海側と太平洋側における海水温分布の違いをあげることが出来る。日本海側は北上するにつれて海水温は低くなるような分布を示すが、太平洋側の海水温分布は、ホシササノハベラの生息域北限といわれている房総半島までは黒潮の蛇行の影響を受けるため、必ずしも北上するにつれて一様に低くなるわけではない。また、黒潮の蛇行の影響で毎年海水温の分布は変わる。温帯域のベラであるホシササノハベラは、繁殖に伴い沖合いから沿岸といった鉛直的な移動だけでなく、太平洋側では水温の変化により水平にも移動していることが考えられる。

#### 4. 沿岸域開発における課題

ホシササノハベラを含め一夫多妻型の繁殖システムをもつベラ科魚類では、多くの集団で近親交配が頻繁に行われていると考えられる。そのため、生息地の分断化や環境の変化などにより集団間の遺伝子交流が減少すると、種の遺伝子多様性に大きな影響を与えるものと考えられる。また、日本海群のように集団間分化が認められる集団があり、そのような集団が小さくなったり減んだりすることは、種の遺伝的多様性を低めることになる。一方、太平洋側の集団では、いくつかの集団がなくなったとしてもそれが種の遺伝的多様性に与える影響は日本海側の集団に比べると小さい。しかし、近親交配が多く行われており、近交弱勢の影響による環境適応能力の低下や、遺伝的多様性を保つ上での有効集団サイズが小さくなっている可能性がある。

人間活動によって環境が損傷を受けると、多くの種の個体群は小さくなり、その結果絶滅する種も出てくる。そのため、沿岸域の開発を行う際には細心の注意が必要である。個体数が十分でない地域や特殊な遺伝子多様性を保持している地域における沿岸域開発は避けるべきである。

指導教官 増田 理子 助教授