

有明海湾奥部スミノエガキ在来個体群の探索*

島根大学汽水域研究センター 田中智美

1. 背景と目的

スミノエガキ *Crassostrea ariakensis* は、国内では有明海域のみに現存するとされている。しかし、2000年代はじめには佐賀県（佐賀県希少野生生物調査検討会 2003）および熊本県（熊本県希少野生動植物検討委員会 2004）の絶滅危惧種に指定され、2010年以降新たに長崎県（長崎県絶滅のおそれのある野生動植物選定委員会 2011）、福岡県（福岡県希少野生生物保護検討会議 2014）および環境省（環境省 2012）のレッドリストにおいても絶滅危惧種に指定された。いずれのレッドリストにおいても分布域の縮小による個体数の減少が報告されており、その分布実態の把握および保全が急務である。申請者は有明海湾奥部佐賀県沖に現存する本種個体群の遺伝的モニタリングを2006年以降の8ヶ年に亘り継続している。湾奥部個体群は、ハプロタイプ頻度の経年変化および遺伝的多様性の低下が認められる一方、当該個体群以外の個体と推察されるハプロタイプの加入を確認しているが（未発表データ）、その由来は明らかになっていない。これまで本種が天然発生している場所は、主に湾奥部に限られていたが、近年有明海のカキ礁などでも本種が確認されていることから（伊藤・松本 2014）、湾奥部以外でも個体群が存在している可能性は高い。そこで本研究では継続モニタリング地点を中心に佐賀県沿岸における本種の分布実態を解明することを目的とした。

2. 試料と方法

継続モニタリング地点から54個体、佐賀県沿岸4地点から98個体、合計192個体のスミノエガキ様カキ類を採集した（図1）。採集したカキ類は殻長および殻高を計測した後、閉殻筋から常法に従い全DNAを調製し（Aranishi and Okimoto 2004; 2005; Aranishi 2006）、ミトコンドリアDNA（mtDNA）のCOI遺伝子を対象としたマルチプレックスPCR法により種判別した（Wang and Guo 2008）。さらにスミノエガキと判別された個体についてmtDNAのCOI遺伝子領域を用いた集団遺伝構造解析により、地点間の遺伝子流動や生産構造を解析した。

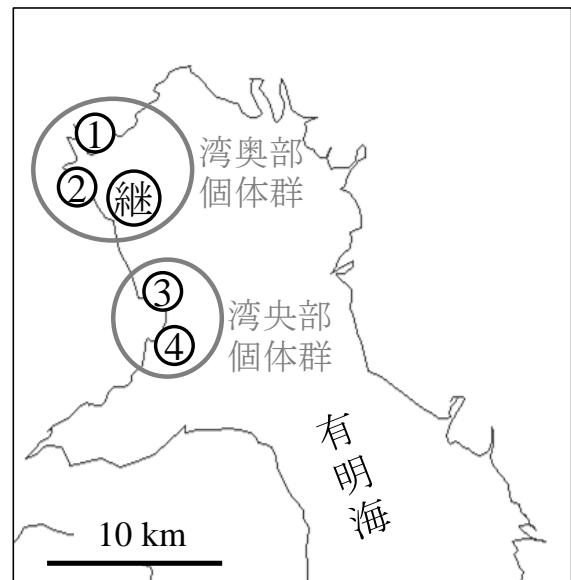


図1. 試料採集地点。継；継続モニタリング地点，①～④；佐賀県沿岸4地点をそれぞれ示す。

*研究成果の一部は The 6th International Oyster Symposium において「Drastic change in population genetic structure of endangered Suminoe oyster *Crassostrea ariakensis* in Ariake Sea, Japan」としてポスター発表した。

3. 結果と考察

本研究では地点①，②および継続モニタリング地点を湾奥部個体群，地点③および④を湾中央部個体群とした（図 1）．各地点から採集した試料を種判別した結果，継続モニタリング地点から採集した 54 個体は全てスミノエガキであることが確認された．また，佐賀県沿岸 4 地点の合計 98 個体からはスミノエガキ 71 個体，マガキ *C. gigas* 23 個体およびシカメガキ *C. sikamea* 4 個体が確認された（表 1）．スミノエガキは全地点で出現したが，湾奥部から離れた地点ほどマガキの出現数が増加しており，湾奥部には継続モニタリング地点を含む河口域に本種が優占するカキ床の存在が示唆された．本種は河川の滲筋で低潮線下に多く生息し，潮間帯に生息するマガキおよびシカメガキと棲み分けしていると考えられているが，本研究の結果，有明海湾奥部個体群は滲筋付近の潮間帯にも高密度で分布していることが推察された．

表 1 地点の緯度経度および種判別結果

地点（緯度経度）	<i>C. ariakensis</i>	<i>C. gigas</i>	<i>C. sikamea</i>	合計	
① (33°06'50N/130°08'06E)	23			23	湾奥
② (33°06'11N/130°07'21E)	24			24	↑
継続モニタリング (33°05'35N/130°09'26E)	54			54	
③ (32°58'30N/130°13'29E)	15	3	4	22	↓
④ (32°57'26N/130°13'34E)	9	20		29	
合計	125	23	4	152	

スミノエガキと確認された 125 個体をハプロタイプ解析した結果，合計 23 種類のハプロタイプを得た（表 2）．この 23 種類のハプロタイプの内，本研究で新たに 14 種類のハプロタイプ（ハプロタイプ HT27, HT29-HT41）が出現した．地点③からは継続モニタリングにおいて 2009 年以降出現しなかったハプロタイプ HT01 が出現した一方，各地点からは 2009 年以降出現割合が増加しているハプロタイプ HT16, HT19, HT20 および HT21 が出現したことから（表 2），継続モニタリング地点への新規ハプロタイプの加入は，湾奥部および湾中央部個体群が由来であると推察された．

表 2 スミノエガキ 125 個体から得られたハプロタイプ

地点	HT 01	HT 02	HT 03	HT 04	HT 08	HT 16	HT 19	HT 20	HT 21	HT 27	HT 29	HT 30	HT 31	HT 32	HT 33	HT 34	HT 35	HT 36	HT 37	HT 38	HT 39	HT 40	HT 41	合計	
①			12		1	4		2		1	1	1	1											23	
②			16	1		4								2	1									24	
継続モニタリング		16	29	1			3	1													1	1	1	1	54
③		2		7		4									1	1								15	
④				5		1												1	1					9	
合計		2	16	69	2	1	13	3	2	1	1	1	1	1	2	1	1	1	1	1	1	1	1	1	152

各地点における遺伝的多様性は 0.5399 ± 0.1089 （地点②）～ 0.7333 ± 0.0894 （地点③）であり，比較的高い遺伝的多様性を示した．これは地点間に共通して出現するハプロタイプの割合が小さく，かつ新規のハプロタイプが多かったこと

に起因していた。継続モニタリング地点と 4 地点間の遺伝的分化係数を算出した結果、継続モニタリング地点と地点②間を除くすべての地点で遺伝子流動が認められた (表 3)。さらに、各地点におけるミスマッチ分布図を比較すると、地点①、地点③、地点④および継続モニタリング地点はほぼ単峰型の安定維持型の生産構造を示したが、地点②は L 字型を示し、近年の一斉放散が示唆された (図 2)。

表 3 地点間の遺伝的分化係数 F_{ST} 値

地点	①	②	③	④
②	-0.00372			
③	-0.01694	0.01658		
④	-0.05200	-0.02335	-0.02376	
継続モニタリング	0.07093	**0.08366	0.09706	0.04418

** $p < 0.01$

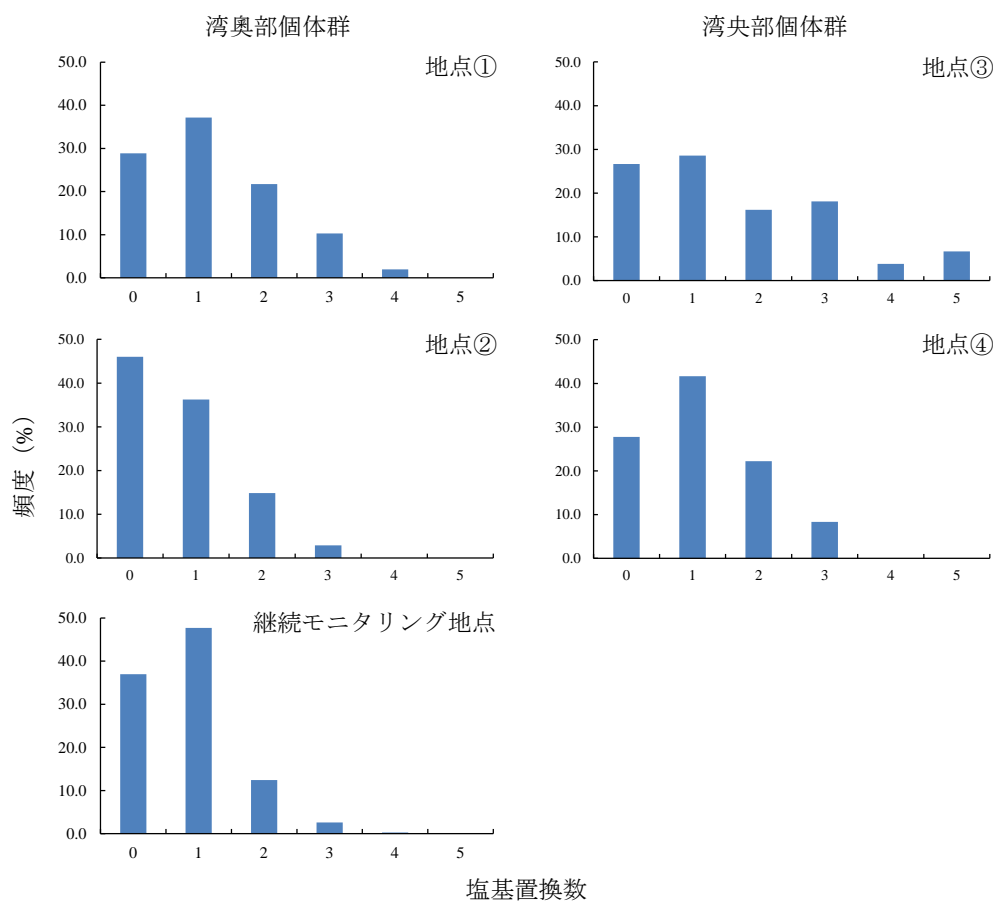


図 2. 各地点におけるミスマッチ分布図.

本研究の結果、佐賀県沿岸には湾中央部にも本種個体群が存在し、湾奥部個体群間の遺伝子流動が認められたことから佐賀県沿岸の本種個体群は 1 つの繁殖集団であることが明らかとなった。継続モニタリングでは 2009 年以降に遺伝的多様性が急激に縮小し、2014 年までその状況が継続していたが（未発表データ）、本研究では新規のハプロタイプが多く出現し、継続モニタリング地点を含むすべての地点で比較的高い遺伝的多様性を示した。地点②は継続モニタリング地点と遺伝的分化係数に有意差が認められたが（表 3）、遺伝的多様性の高さ（0.5399 ± 0.1089）や一斉放散型のミスマッチ分布図から、近年分散した新規の個体群である可能性が高い。本種は近年、有明海周辺の地域水産資源として注目されており、垂下養殖試験や採苗試験が実施されている（伊藤・松本 2013；株式会社海男 梅津氏 私信）。本種資源を持続的に利用するために、今後は生産活動が本種の生産構造に与える影響を遺伝的にモニタリングする必要がある。

4. 謝辞

本研究を進めるにあたり、試料採集および情報提供にご協力頂いた佐賀県有明海漁業協同組合鹿島支所 峰松滝継氏および株式会社海男 梅津聡氏に心より感謝する。本研究の一部は島根大学戦略的機能強化推進経費「砂泥域二枚貝資源培養プロジェクト」により補助を受けた。

5. 参考文献

- Aranishi F. (2006) A novel mitochondrial intergenic spacer reflecting population structure of Pacific oyster. *Journal of Applied Genetics*, 47: 119–123.
- Aranishi F. and Okimoto T. (2004) Genetic relationship between cultured populations of Pacific oyster revealed by RAPD analysis. *Journal of Applied Genetics*, 45: 435–443.
- Aranishi F. and Okimoto T. (2005) Sequence polymorphism in a novel noncoding region of Pacific oyster mitochondrial DNA. *Journal of Applied Genetics*, 46: 201–206.
- 福岡県希少野生生物保護検討会議（2014）福岡県の希少野生生物—福岡県レッドデータブック 2014—。
- 伊藤輝昭, 松本昌大 (2013) 有明海における有用カキ 3 種の分布と採苗に関する研究. 福岡県水産技術センター研究報告, 23: 47-51.
- 環境省（2012）環境省第 4 次レッドリスト（貝類）。
- 熊本県希少野生動植物検討委員会（2004）熊本県の保護上重要な野生生物リスト—レッドデータリストくまもと 2004—。
- 長崎県絶滅のおそれのある野生動植物選定委員会（2011）改訂版長崎県レッドリスト。
- 佐賀県希少野生生物調査検討会（2003）佐賀県の絶滅のおそれのある野生動植物—レッドデータブックさが—。
- Wang H. and Guo X. (2008a) Identification of *Crassostrea ariakensis* and related oysters by Multiplex species-specific PCR. *Journal of Shellfish Research*, 27: 481–487.