

要約

ガンギエイ目魚類の集団構造に関する研究

三澤 遼

1. 緒言

ガンギエイ目魚類は底生性の軟骨魚類で、広く食用として利用されている。軟骨魚類は少産・長寿の *K*-戦略型的生活史戦略をもつため、乱獲や混獲に対して脆弱であり、いくつかの種においては絶滅の危機に瀕している。そのため、本目を含む軟骨魚類の保全については世界的な議論が続いている。適切な資源管理・保全方策を行うためには対象種の集団構造や遺伝的多様性の把握が重要である。本目魚類は付着性で大型の卵殻に包まれた胚を海底に産み付けること、胎仔は卵殻内で十分に成長して自由生活ができる姿で孵化するため生活史初期に浮遊期がないこと、底生生活に適応しており普段は活発に遊泳しないことからその分散能力は低く、分布域内で何らかの集団構造を有する可能性が高い。しかし、本目魚類の集団構造や遺伝的多様性についての知見は乏しい。本研究では西部北太平洋に出現し、それぞれ生息環境や成熟サイズが異なる3種のガンギエイ目魚類（コモンカスベ、メガネカスベ、ドブカスベ）を対象に、主要な分布域を網羅して、ミトコンドリア DNA を対象とした遺伝的分析と、外部形態の計測形質、項部や尾部の肥大棘数、成熟サイズ、色彩の比較を含む形態解析から、その集団構造、遺伝的多様性や集団動態を推定した。これらの結果とこれまでの先行研究の知見を併せて、本目魚類の集団構造形成に関わる要因を考察するとともに、本目魚類の資源管理・保全方策への応用について検討することを目的とした。

2. 浅海・温帯性小型種コモンカスベの集団構造

ガンギエイ科のコモンカスベ *Okamejei kenojei* は北海道以南から台湾までの温帯域を中心に各地の浅海に分布し、全長 50 cm 程度の小型種である。本種は東北太平洋岸に出現するクロカスベ *Raja fusca* と、クロカスベの分布域以外に出現するコモンカスベの2種に分類されていたこともあり、地理的集団の存在が示唆されている

(Ishiyama, 1958 ; Ishiyama, 1967 ; Ishihara, 1987)。ミトコンドリア DNA の調節領域 597 bp を対象とした 194 個体の遺伝的分析の結果、本種には東シナ海、黄海、日本海南部、日本海北部、九州東岸、大阪湾、東北太平洋岸の7地域集団が認められ、各海域での狭い空間スケールでの集団構造が確認された。確認された全 14 種類のハプロタイプのうち 10 種類は単一の海域からのみから確認され、これらの海域固有なハプロタイプは 51 % と高い頻度で確認された。遺伝的分化を示す Φ_{ST} 値も 0.097–0.972 と高い値を示し、明確に分化した集団であることが認められた。さらに、地域集団の地理的階層性を明らかにする分子分散分析の結果から、対馬暖流流域（東シナ海+黄海+日本海南部+日本海北部+東北太平洋岸）とその他の海域（九州東岸+大

阪湾)の2つのグループに分けられること示唆された(グループ間の変異は全体の
変異の約69%を占めた)。また、黄海、日本海北部、大阪湾、東北太平洋岸の4集
団は遺伝的多様性が低いこと、もしくは過去のボトルネックの影響が示唆された。
212個体を用いた形態解析の結果も遺伝的分析から推定された地域集団の分化をおお
むね支持し、計測形質以外に項部棘数、成熟サイズ、色彩に海域間での差意が認め
られた。このうち、東北太平洋岸集団は遺伝的分化に対して形態的分化がより顕著
であるという特徴がみられ、「創始者効果」と呼ばれる現象であると考えられ、先行
研究にて示唆されていた“クロカスベ”は本種の地域集団の1つであることが確認さ
れた。本種の集団構造は明確で狭い空間スケールであること、対馬暖流は分散に寄
与していることが示唆された。

3. 浅海・冷水性大型種メガネカスベの集団構造

ガンギエイ科のメガネカスベ *Beringraja pulchra* は北海道全沿岸、青森県から島根
県の日本海沿岸、青森県から千葉県銚子までの太平洋沿岸、中国の東シナ海・黄海
沿岸、朝鮮半島全沿岸、そしてロシアのサハリンからピーター大帝湾の日本海沿岸
に分布する。おもに浅海の冷水域に出現し、全長1mを越える大型種である。本種
は Im et al. (2017) の研究によって、朝鮮半島の黄海と日本海沿岸の2地点では遺伝
的・形態的に異なる集団が存在することが示唆されている。ミトコンドリア DNA の
COI領域592bpを対象とした166個体の遺伝的分析の結果、本種には北海道(オホ
ーツク海+太平洋+日本海沿岸を含む)、日本海西部、黄海の3地域集団が認められ、
やや広い空間スケールでの集団構造が確認された。確認された12種類のハプロタイ
プのうち6種類は単一の海域からのみ確認されたが、これらの海域固有なハプロタイ
プの頻度は5%と低かった。 Φ_{ST} 値も-0.015-0.524とやや低い値を示し、集団の分
化はそれほど明確ではなかった。さらに、分子分散分析の結果、黄海集団とそれ以
外の集団の2グループでの分化が大きかったが(グループ間の変異は全体の変異の
約40%を占めた)、有意な変異ではなかった。また、日本海西部集団は遺伝的多様
性が低いこと、黄海集団は過去のボトルネックの影響が示唆された。計測形質に基
づいた192個体の形態解析の結果も遺伝的分析から推定された地域集団の分化を支
持したが、項部棘数や成熟サイズ、色彩には海域間で差異はみられなかった。ま
た、日本海西部集団は遺伝的分化に対して形態的分化がより顕著で、水温等の生息
環境の違いによる影響も考えられた。本種の集団構造やや広い空間スケールである
こと、宗谷海峡のような浅海部による分断は確認されず、対馬暖流の温暖な水温が
障壁となって黄海集団の分断が起きていることが示唆された。

4. 深海・冷水性大型種ドブカスベの集団構造

ヒトツセビレカスベ科のドブカスベ *Bathyraja smirnovi* はベーリング海西部からオ
ホーツク海および日本海のほぼ全域に分布する。本種はおもに200m以深の深海冷
水域に分布し、全長1mを越える大型種である。本種はオホーツク海に分布するド

ブカスベ *Raja smirnovi smirnovi* と日本海に分布するアンカスベ *R. smirnovi ankasube* の2亜種に分類されていたことがあり、集団構造の存在が示唆されていた

(Ishiyama, 1958 ; Ishiyama, 1967). ミトコンドリア DNA の COI 領域 660 bp を対象とした 95 個体の遺伝的分析の結果、オホーツク海と日本海（北部と南部を含む）の2地域集団が認められ、やや広い空間スケールでの集団構造が確認された。確認された全 10 種類のハプロタイプのうち7種類は単一の海域からのみ確認されたが、これらの海域固有なハプロタイプの頻度は8%と低かった。しかし、北部と南部を含む日本海に固有なハプロタイプは4種類みられ、その頻度は20%とやや高かった。 Φ_{ST} 値も -0.023-0.149 とやや低い値を示し、集団の分化はそれほど明確ではなかった。さらに、分子分散分析の結果、オホーツク海と日本海間の変異が比較的大きく（グループ間の変異は全体の変異の約15%を占めた）、この2グループに分けられることが支持されたが有意な変異ではなかった。また、オホーツク海集団では遺伝的多様性が低いこと、日本海北部と南部はともに過去のボトルネックの影響が示唆された。計測形質に基づいた80個体の形態解析の結果も遺伝的分析から推定された地域集団の分化を支持したが、解析に用いた標本の個体数が少ないこともあり、やや不明瞭な結果であった。一方、尾部肥大棘数ではオホーツク海と日本海の間で有意差がみられ、集団構造の存在を強く支持した。また、成熟サイズや色彩には海域間で差異はみられなかった。これらの結果から、先行研究にて示唆されていたオホーツク海と日本海に側所的に分布するとされた“ドブカスベ”と“アンカスベ”の2亜種の関係は異なる地域集団であることが確認された。本種の集団構造は広い空間スケールであること、対馬暖流のような海流の影響はみられず、海峡が障壁となってオホーツク海集団と日本海集団が分断されていることが示唆された。

5. 総合考察

本研究により、ガンギエイ目魚類の集団構造の形成には成熟サイズ（= 体サイズ）や生息環境などの生態的要因が大きく関わっていることが明らかになった。小型種（コモンカスベ）では集団構造が狭い空間スケールであることに対して、大型種（メガネカスベとドブカスベ）ではより広い空間スケールであった。これは体サイズによる遊泳力の違いや、小型種と大型種の寿命の違いによって一生を通しての回遊範囲が異なり、地域集団間の交流頻度に差が生じることが原因であると考えられた。さらに、生息環境の違いによって集団構造の形成に関わる要因も異なり、浅海性種では海流が、深海性種では海底地形が主要因であると考えられた。今後は、標識放流やバイオリギング等の手法から実際の回遊生態と集団構造の関係について把握することが望まれる。また、本研究で明らかになった3種の集団構造や本目魚類の集団分化パターンをもとに、本目魚類の管理・保全単位を設定することで、より効果的な資源状態のモニタリングや、資源管理・保全方策の効果が期待できる。とくに、遺伝的多様性が低い、もしくは過去のボトルネックの影響が示唆された地域集団についてはより慎重な対策が求められる。