

特集1 シンポジウム「在来種を脅かす近縁外来種の侵入—水域の生物を中心に—」

見えてきた、全国の野生メダカにおける遺伝的攪乱の実態

近畿大学農学部 北 川 忠 生

Current status of genetic disturbances in wild medaka populations has become clear. Tadao Kitagawa (*Faculty of Agriculture, Kindai University*)

キーワード：ミトコンドリア DNA, マイトタイプ, ヒメダカ, *b* マーカー

はじめに

メダカの移植などによって天然集団に遺伝的攪乱が生じる問題は、有名な童謡「めだかの学校」にかけて、「メダカの転校」の問題ともよばれている。1990年代頃にはこの問題が認識され始め、生物の保護に少しでも関心をもつ方であれば誰もが知っている問題であろう。この誰もが知っているメダカの問題に対して、著者の研究室では今更ながらに調査に取り組んでいる。その理由は、これだけ生物多様性保全の意識が高まり、DNA分析が普及している現在においても、メダカにおける遺伝的攪乱の実態について、状況からの感覚的な推測だけで、具体的な情報がほとんどなかったからである。

私たちが本格的にこの問題に取り組み始めてから10年あまりが経過した。さいわいメダカは実験モデル動物であり、また系統地理分野における十分な知見が蓄積されていたことによって、特に進んだDNA解析技術をもたない私たちの研究室でも外来の遺伝子の検出を比較的容易に行うことができてきた。今更ながらの地道な解析を積み重ねてきた結果、感覚的なものでしかなかったこの問題の実態が見えはじめてきたのである。本稿では、これまでに報告された知見の概説をするとともに、本問題において残された課題について述べる。

ただし、本稿では概略の紹介のみにとどめ、詳しい内容については引用文献に示したそれぞれの原著論文をご参照いただきたい。

「メダカの転校」問題の本質は？

「メダカ」は、かつては日本中の小川やため池、水田でもみられた日本人にとって最も馴染みの深い淡水魚である。メダカは国内では北海道を除く国内全域に自然分布するが、近年の分類学的整理により、主に西日本全域と中部東日本の太平洋側に生息する「ミナミメダカ *Oryzias latipes*」と本州北部の日本海側に生息する「キタノメダカ *Oryzias sakaizumii*」の2種に分けられている(Asai et al., 2011)。これは過去のアロザイム分析により、それぞれ「南日本集団(グループ)」と「北日本集団(グループ)」とされていた遺伝的に大きく異なる2のグループに相応する(酒泉, 1990; Sakaizumi et al., 1983; 酒泉, 2000; Takehana et al., 2003; Setiamarga et al., 2009)。本稿でいう「メダカ」とは、日本産のこれら2種をまとめて示すものとする。

野生のメダカは、この30年あまりの間に農地改革や農薬の使用や外来種の分布拡大などによって両種ともに減少し、環境省版レッドリスト(RL)では、絶滅危惧種として掲載されていることはご

存知のとおりである。全国各地で野生メダカの保全活動が進められているが、これらの保全活動の中には身近な自然のシンボルとして復活させようとメダカを自然水域に放流する活動も行われている。「メダカの転校」の問題を引き起こす第1の根源はそれらに代表される放流活動である。また、メダカは小学校5年生の理科の教育教材として用いられ、それ自体が観賞魚として人気があったりするため、家庭や学校組織で気軽に飼育されている。このような飼育には、飼育放棄による野外への流出のリスクを伴う。特に学校教材としての利用は、飼育を維持することよりも繁殖させて観察することが目的であるため、教材目的使用後のその後の維持管理に注意が払われていない。場合によっては、命の大切さが説かれ、自然に帰すという意味での放流も行われている可能性がある。また、メダカの転校問題の第2の根源となるのは、飼育や餌魚としての利用を目的とした養殖業の現場である。一般にメダカの養殖はキンギョ養殖業者によって行われている。キンギョ養殖の施設は水田を作りかえたような簡単な構造が多く、増水による個体の漏出もおきやすい。また、養殖池管理における水抜き時にも養殖個体の流出が生じている。

「メダカの転校」において問題となるのは、放流や流出によって導入されるそれらのメダカの由来である。すなわち、他地域に由来するメダカや養殖されたメダカ、特に全国各地の鑑賞魚店やホームセンターのペットコーナーの店頭で売られているヒメダカなど、本来その場所に存在しなかった遺伝子が野生集団中に入りこむことによって、もともと集団がもっていた遺伝子構成を変化させることである。それならば、その場所にいたメダカを増やして放流すればいいと、自分たちで増やしたメダカをもともと生息した川に放流するケースも後をたたない。しかし、実はこれも問題

の多い行為であり、野生の集団の遺伝子型の構成割合を変えてしまう可能性のある行為である。生きものの保全のための放流が有効な手だてとなるケースはごくまれであり、本当に必要な場合にのみ限るとともに、その場合も保全生物学や集団遺伝学の専門家の指導なしには実施すべきではない。

従来、「メダカの転校」の問題については、一般的には遺伝子汚染 *genetic pollution* という言葉も用いられてきた。しかし、汚染とはそれ自体が有害なもの（物質）が本来存在しない場所にもたらされ、害をひきおこす現象をさす。しかしメダカの転校の問題の場合、導入される遺伝子の多くはそれ自体が有害なものではないため、汚染という言葉はなじまない。人為的な作用によって集団の本来の遺伝子の構成を変化させ、集団の特性に影響を及ぼすということで、「(人為的) 遺伝的攪乱 (*artificial genetic disturbance*)」という用語を使う方が妥当であろう。また、遺伝的攪乱のなかでも特に外来の遺伝子が侵入する現象自体をさす場合については「(人為的) 遺伝子移入 (*artificial genetic introgression*)」という用語で示すべきである。

人為的な遺伝的攪乱が問題となることの根底にあるのは、メダカのそれぞれの種内に地域固有の遺伝的に分化した集団が存在していることにある。例えば、ミナミメダカではアロザイム遺伝子座やmtDNAのチトクロム*b*遺伝子 (*cytb*) 領域の分析における地域固有の遺伝子型の分布から、「東日本型」、「東瀬戸内型」、「西瀬戸内型」、「山陰型」、「北部九州型」、「大隅型」、「有明型」、「薩摩型」および「琉球型」の9つの「地域型」に分けられている(酒泉, 1990; Sakaizumi et al., 1983; 酒泉, 2000; Takehana et al., 2003)。一方のキタノメダカも、日本海側の2種の境界付近である丹後地方に不連続的に分布する、かつて「ハイブリッ

ド集団（群）」と呼ばれていた集団（個体群）の一群である「境界集団（群）」が存在する (Takehana et al., 2016)。またここに挙げたこれらの地域分化は、ある程度の精度の DNA 分析で検出できるというだけにすぎない。実際には、淡水魚であるメダカは河川ごとに、ある程度大きな河川では支流ごとに分化していることが予想される。人為的な遺伝的攪乱は、進化的に種が生き残っていくうえで重要なそれぞれの種内の分化（遺伝的多様性）を失わせる現象なのである。

メダカの遺伝的攪乱の全国調査の結果

全国で行われているメダカ放流によって、野生のメダカ集団中に他地域由来の遺伝子がある程度入り込んでいることは 1990 年代にはすでにその可能性が示唆されていたが、それらがどの程度生じているのかその実態は不明であった。当時から問題視されていたのは、体色が黄色い「ヒメダカ」とよばれる飼育品種である。それ自体が人気の高い観賞魚であるとともに、安価で入手しやすいことから他の肉食性の観賞魚の餌としても利用され、わが国において飼育魚として最も身近でなじみの深い魚の 1 つとなっている。公園などの管理内の池では、ヒメダカが飼育されていることが多いが、野外の河川や水路においてもヒメダカが泳ぐ姿が確認されていた。ところが、私たちが調査を開始した 2000 年代当時、野生メダカにおける遺伝的攪乱の実態はまったくわかっていなかった。特に全国各地の自然環境下で目撃されているヒメダカについては、どの程度遺伝的攪乱を引き起こしているのかは不明で、すでに手遅れな状態にあるだろうという意見さえもあった。また、遺伝学的調査とは別に行った私たちの飼育実験により、野生型とヒメダカの体色の違いに全く関係なくメダカはお互いを同類と見なして群れを形成

し、交配相手の選択性にも全く影響しないことが確認できた (Nakao & Kitagawa, 2015)。野外環境に放たれたヒメダカは、野生メダカと交配していることは、状況証拠的に疑いようがなかった。

幸いにも私たちが調査を始めたときには、全国的な遺伝学的調査研究によってメダカのミトコンドリア DNA の遺伝子型の全国における分布様式がすでにある程度明らかにされていた。詳細は原著を参照いただきたいが、Takehana et al. (2003) による *cytb* 領域の塩基配列決定と同領域の PCR 増幅断片を対象とする制限酵素断片長多型を用いた簡易分析法 (PCR-RFLP) では、67 種類のマイトタイプとよばれる mtDNA の遺伝子型が存在し、それぞれの種や地域型を構成するマイトタイプが明確に示されていたのである。この情報を用いた DNA 分析調査により、基本的な DNA 解析の設備があれば各個体の mtDNA がどの地域に由来するかを知ることが出来るようになっていた。これにより、ある地域で採集した個体からその地域には本来存在しないはずのマイトタイプが検出されれば、人為的な移殖の結果として解釈される。したがって、特別な新しい分析法など何も必要とすることなく、地道に各地の野生メダカのサンプルを集めて解析すれば、遺伝的攪乱の状況を知ることが出来たのである。その一方で、大量に流通し野外への大量の流出が懸念されているヒメダカ遺伝的特徴に関する情報は意外にも断片的なものに限られていた。そこで筆者らは、ヒメダカの養魚場や全国の観賞魚店からヒメダカを購入し、種苗の由来や流通経路についての聞き取り調査とともに、それらの遺伝的特徴（マイトタイプの構成）を調査した。また、著者らは、ヒメダカの体色変異にかかわる遺伝子（通称 *B* 遺伝子）自体の変異を直接的に検出する DNA マーカー (*b* マーカー) を作製した (中井ほか, 2011)。この *b* マーカーは、ヒメダカの原因となっている DNA 上の特徴的な

欠失をもつ変異型の対立遺伝子 (*b* 対立遺伝子) を検出するものである。ヒメダカの体色は *b* 対立遺伝子がホモ接合になったときに発現するが、このマーカーを使えば、ヒメダカの体色表現系を発現しないヘテロ接合体の検出も可能である。全国の養魚場および、全国の観賞魚店から購入したヒメダカの分析の結果、ミナミメダカの東日本型に由来する遺伝子型 (マイトタイプ B27) と、ミナミメダカの東瀬戸内型に属する遺伝子型 (マイトタイプ B1a) の 2 つの遺伝子型のみが検出された (小山ほか, 2011 ; 北川ほか, 2017)。つまり、野生下で野生型の個体からヒメダカの特徴を持つ *b* 対立遺伝子やそれぞれの本来の分布域以外から mtDNA のマイトタイプ B27 または B1a が検出されれば、過去にヒメダカと野生個体の交雑による遺伝的な攪乱が生じている確かな証拠として検出出来るのである。

全国の野生メダカにおける遺伝的攪乱の実態を明らかにするため、筆者らはこれらの方法を用いて 2006 年から 2015 年にかけて北海道から沖縄までの全国で採集された野生メダカ 2 種 105 地点 974 個体 (キタノメダカ *Oryzias sakaizumii* 7 地点 49 個体, ミナミメダカ *Oryzias latipes* 97 地点 916 個体, 北海道移入集団 1 地点 9 個体) について遺伝解析を行った (Nakao et al., 2017a)。この調査のために採集されたメダカのなかには、ヒメダカの体色表現型をもつ 20 個体が含まれていた。そもそもメダカの本来の分布域外の北海道の集団も含まれており、DNA の分析をするまでもなく、この問題の深刻さを物語っていた。

2 つの DNA マーカーを使った解析の結果、本来その地域に分布しない外来遺伝子型は 50 地点で 288 個体からみつき、この調査でサンプリングを行った地点のうち、約半数で外来の遺伝子の移入が生じていると判断された。50 地点のうち、ヒメダカ由来と思われる遺伝子は 48 地点 260 個

体 (90.2%) でみられ、これ以外の他地域の集団からの移入と考えられる遺伝子型のほとんどは、ヒメダカ由来の遺伝子の検出と重複する 10 地点の 28 個体から検出された。このように全国レベルの調査は、約半数の地点で人為的な攪乱が生じており、それらは主にヒメダカによって引き起こされていることが明らかとなった。また、もともとミナミメダカに由来するヒメダカの遺伝子は、キタノメダカ両種から検出されており、遺伝的攪乱が種をまたがった現象・問題であるといえる。この他、各地域レベルでの調査結果が報告されている。現時点で筆者が把握している対象となった場所は次のとおりである。奈良県下大和川水系 (小山・北川, 2009 ; 中井ほか, 2011), 兵庫県武庫川水系 (横田ほか, 2014), 琉球列島 (今井ほか, 2017), 九州・琉球列島 (Nakao et al., 2017b)。

最近、特に関東地方において外来マイトタイプを判別するには従来の *cytb* 領域を用いた方法だけでなく慎重な精査が必要であることを示した。マイトタイプ B1a をもつ個体について、*cytb* 領域よりも進化速度が速いとされる mtDNA の NADH 脱水素酵素サブユニット 2 (ND2) 遺伝子領域の塩基配列を比較したところ、従来の方法では見落とされていた関東地方在来である可能性の高い集団を見つけだすことができたのである (入口ほか, 2017)。今後、関東地方において、DNA 分析を実施される場合はそちらも参照されたい。

野生メダカの遺伝的多様性保全にむけた課題

今回紹介したメダカにおける遺伝的攪乱の実態は、放置しておけばさらに進行していくことは想像に難くない。今後、野生メダカのもつ遺伝的多様性を保全していくために求められる最大の課題は、遺伝的攪乱をこれ以上進行させないこと、そして現時点で残されている遺伝的多様性

を喪失しないことである。筆者らの研究から、野外へ流出したヒメダカは野生メダカの群れに参加し、容易に交配することがわかっている (Nakao & Kitagawa, 2015)。流出したヒメダカと野生メダカが接触してしまった場合、遺伝的攪乱が発生することは必然である。また、一度侵入した外来の遺伝子は、支流レベルでは急速に広がっていく危険性も示されている (中尾ほか, 2017)。

先に紹介した Nakao et al. (2017a) では、広い範囲で大規模な遺伝的攪乱が認められた一方で、約半数にわたる残りの 54 地点は在来型の遺伝子のみで構成される純粋な在来集団がみとめられた。その後追加で行った九州や琉球諸島に調査においては、これらの地域にはかなり高い割合で在来集団が残存していることも分かってきた (Nakao et al., 2017b)。これらの結果は野生メダカを保全するうえで重要な各地域の遺伝的多様性がまだある程度残されていることを示している。

遺伝的攪乱の主要因がヒメダカであることが明らかとなっている以上、ヒメダカの流出を防止できれば遺伝的攪乱の進行を効果的に抑制することができるはずである。そのためには、まずヒメダカによる遺伝的攪乱のリスクについて啓発し、移入や流出の防止に努めていかなければならない。また、すでに遺伝的攪乱が生じていると判断されてしまった野生集団の取り扱いについて、保全するのか駆除するのか、外部への流出および持ち出しへはどのように対策するのか、などをしっかりと取り決めていくことが重要である。これらの取り決めが十分に行われることで、現在残されているメダカ種群の遺伝的多様性の保全にむけた提案や活動はより明確なものになるだろう。

何故、遺伝的攪乱が良くないのかということについては竹花・北川 (2010)、北川 (2013)、北川ほか (2017) にて述べているが、簡単にまとめると適応度の低下 (環境への不適応)、遺伝的多様

性の低下 (環境変化への不適応)、進化可能性の低下という理由が挙げられる。ただし、どれほど適切な言葉を用いてこれらのことを説明できたとしても、全ての人に理解していただけるわけではない。遺伝的攪乱は、遺伝子レベルという一般の人たちに認識することや理解することが難しいことにより引き起こされている問題である。したがって、ある程度専門的な知識を持つ者が社会啓発を行うとともに積極的に保全事業に関わっていくことが重要である。また、野生メダカや飼育品種メダカに関する知識がなくても一般の方々が当たり前のように異なるものとして取り扱うルールや、その違いを認識できる仕組みが必要であると考えている。その一環として、われわれは飼育品種や実験品種を「イエメダカ」という名称でよび、野生のメダカとは異なるものであるとの認識を持ってもらうことを提案している (細谷ほか, 2017)。さらに現在、メダカの生産者やそれを管轄する行政に対して、対策の働きかけを行っているところでもある。

引用文献

- Asai, T., H. Senou & K. Hosoya. 2011. *Oryzias sakaizumii*, a new ricefish from northern Japan (Teleostei: Adrianichthyidae). *Ichthyological Exploration of Freshwaters*, 22 : 289-299.
- 細谷和海・小林牧人・北川忠生. 2017. 野生メダカ保護への提言. *海洋と生物*, 229 : 138 - 142.
- 入口友香・中尾遼平・高田啓介・北川忠生. 2017. 関東地方におけるミナミメダカ集団の在来マイトタイプの再検討. *魚類学雑誌*, 64 : 11 - 18.
- 今井秀行・米沢俊彦・立原一憲. 2017. ミナミメダカ琉球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. 生物地理学会会報, 71 : 121 – 129.
- 北川忠生. 2013. 大和川水系で認められたヒメダカによる遺伝的攪乱. 「見えない脅威, 国内外来種—どう守る」(日本魚類学会自然保護委員会編), pp. 101 – 107. 東海大学出版会, 泰野.
- ・中尾遼平・中井宏施・入口友香. 2017. 野生メダカの遺伝的多様性と飼育品種メダカの遺伝的特徴. 海洋と生物, 229 : 120 – 125.
- 小山直人・北川忠生. 2009. 奈良県大和川水系のメダカ集団から確認されたヒメダカ由来のミトコンドリア DNA. 魚類学雑誌, 56 : 153 – 157.
- ・森 幹大・中井宏施・北川忠生. 2011. 市販されているメダカのミトコンドリア DNA 遺伝子構成. 魚類学雑誌, 58 : 81 – 86.
- 中井宏施・中尾遼平・深町昌司・小山直人・北川忠生. 2011. ヒメダカ体色原因遺伝子マーカーによる奈良県大和川水系のメダカ集団の解析. 魚類学雑誌, 58 : 189 – 193.
- Nakao, R. & T. Kitagawa. 2015. Differences in the behavior and ecology of wild medaka (*Oryzias latipes* complex) and an orange commercial variety (himedaka). Journal of Experimental Zoology Part A, 323A : 349–358.
- , Y. Iguchi, N. Koyama, K. Nakai & T. Kitagawa. 2017a. Current status of genetic disturbances in wild medaka populations (*Oryzias latipes* species complex) in Japan. Ichthyological Research, 64 : 116–119.
- 中尾遼平・入口友香・周 翔瀛・上出櫻子・北川忠生・小林牧人. 2017. 東京都野川のミナミメダカにおける外来遺伝子の河川内分布現況. 魚類学雑誌, 64. (印刷中)
- Nakao, R., Y. Kano, Y. Iguchi & T. Kitagawa. 2017b. Genetic disturbance in wild Minami-medaka populations in the Kyushu region, Japan. International Journal of Biology, 9 : 71–77.
- Sakaizumi, M., K. Moriwaki & N. Egami. 1983. Allozymic variation and regional differentiation in wild population of the fish *Oryzias latipes*. Copeia, 1983 : 311–318.
- 酒泉 満. 1990. 遺伝学的にみたメダカの種と種内変異. 「メダカの生物学」(江上信雄・山上健次郎・嶋 昭紘編), pp. 143 – 161. 東京大学出版会, 東京.
- . 2000. メダカの系統と種内構造. 蛋白質核酸酵素, 45 : 2909 – 2917.
- Setiamarga, D. H. E., M. Miya, Y. Yamanoue, Y. Azuma, J. G. Inoue, N. B. Ishiguro, K. Mabuchi & M. Nishida. 2009. Divergence time of the two regional medaka populations in Japan as a new time scale for comparative genomics of vertebrates. Biology Letters, 5 : 812–816.
- Takehana, Y., N. Nagai, M. Matsuda, K. Tsuchiya & M. Sakaizumi. 2003. Geographic variation and diversity of the cytochrome *b* gene in Japanese wild populations of medaka, *Oryzias latipes*. Zoological Science, 20 : 1279–1291.
- 竹花祐介・北川忠生. 2010. メダカ：人為的な放流による遺伝的攪乱. 魚類学雑誌, 57 : 76 – 79.
- Takehana, Y., M. Sasaki, T. Narita, T. Sato, K. Naruse & M. Sakaizumi. 2016. Origin of boundary populations in medaka (*Oryzias latipes* species complex). Zoological Science, 33 : 125–131.
- 横田弘文・桑原なつき・中野瑛子・江口さやか. 2014. 武庫川水系に生息する野生メダカ遺伝子の移入実態. 地域自然史と保全, 36 : 53 – 58.