

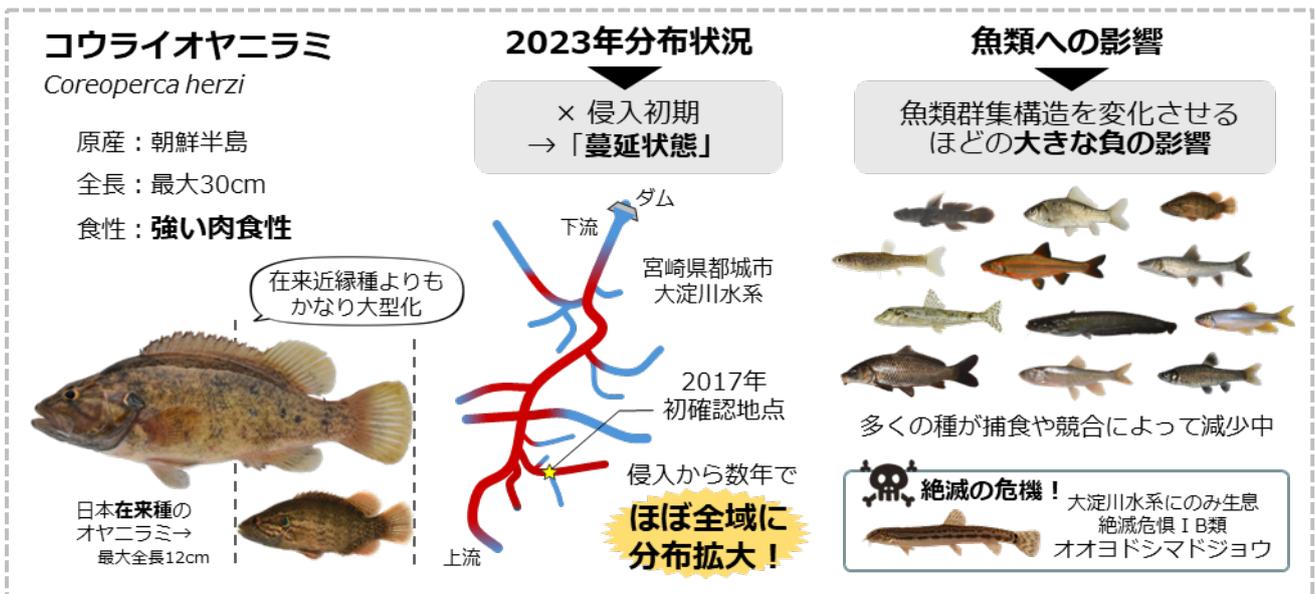
“超”侵略的?! 新たな外来魚コウライオヤニラミ

—環境 DNA 調査で明らかとなった深刻な分布拡大と魚類相への影響—

概要

外来種、特に侵入先の生態系や人間活動に大きな影響を与える恐れのあるものを侵略的外来種と呼びます。コウライオヤニラミ (*Coreoperca herzi*) は朝鮮半島原産の淡水魚で、2017年に初めて宮崎県大淀川水系の支流で捕獲された、比較的侵入から日の浅い外来魚です。本種は魚類や昆虫類、甲殻類などを好む強い肉食性を示し、かつ最大で全長 30cm にまで成長するため、潜在的に河川生態系に対して非常に高い侵略性を持つことが予測されます。しかし、これまで水系内における広範囲な分布調査や生態系への定量的な影響評価はなされておらず、気づかないうちに事態がより深刻化している可能性があります。

この度、辻冨月 情報学研究科助教、土居秀幸 同教授、日比野友亮 北九州市立いのちのたび博物館学芸員、芝田直樹 タカラバイオ(株)、渡辺勝敏 理学研究科教授らの研究グループは、環境水に含まれる魚類由来の DNA (環境 DNA) を定量的に分析し、コウライオヤニラミが侵入から数年のうちに水系全体に分布を広げ、かつ他の魚類に深刻な負の影響を与えている可能性を示しました。この驚異的な分布拡大能力は、ひとたび放流されれば、生物多様性の劣化が想像以上に早く進行する危険性が高いことを示しています。また、環境 DNA 濃度の比較と胃内容解析により、底生魚だけでなく遊泳魚も競合や捕食による被害を受けることが示されました。本水系の固有種・オオヨドシマドジョウを含む、多くの在来魚・昆虫等が捕食されてしまう可能性があり、本種が日本の河川生態系にとって非常に大きな脅威となることは疑いようがありません。本研究は、環境 DNA を用いた複数種の定量的な生息調査が外来種の侵入やその影響の把握に大きな効果をもつこと、また豊かな河川の自然を残すために、早急なコウライオヤニラミの拡散防止と防除策が必要であることを強く示しています。本成果は、2024年6月12日付で国際学術誌「*Biological Invasions*」にオンライン掲載されました。



1. 背景

近年の世界的な交通網の発達やインターネット取引の普及は、私たちの生活を便利で豊かなものにしてはいます。しかしその一方、多くの生き物が手軽に売買されることで、ペット等として国や地域を跨いだ移動による、外来種としての侵入リスクも増加し続けています。一部の人の手により野外に放された外来生物（同種の別地域の個体群も含む）のうち、捕食や競合、交雑などによって侵入先の生態系や農林漁業、人間の健康や生活を脅かす恐れのあるものを特に「侵略的外来種」と言います。魚類ではオオクチバスやコクチバス、ブルーギル、チャンネルキャットフィッシュ（いわゆるアメリカナマズ）などが有名で、日本各地で生態系や漁業などへ深刻な被害をもたらしています。

2017年に宮崎県を流れる大淀川水系の支流で、本来は朝鮮半島にのみ分布するはずの肉食性魚類コウライオヤニラミ (*Coreoperca herzi*) が捕獲されました(日比野ほか, 2019)。本種は日本に生息する近縁種と比較して大型(最大全長30cm)、かつ強い肉食性を示すことから、侵入先で侵略的外来種として振舞う危険性が非常に高いと考えられました。発見当時は大淀川本流にも侵入している可能性は否定できないものの、実際に個体が確認されたのは支流の一部区間に限られていました。しかし、2021年に実施された調査により、本支流での明らかな分布拡大と個体数の増加が確認され、おもに底生魚を中心とした在来種の減少が示唆されたほか、釣り人から別の支流での釣獲情報が寄せられるなど、着実に事態が深刻化していることが明らかとなりました(日比野ほか, 2022)。しかし、本種が自力で移動分散できると考えられる範囲全体を対象とした大規模な分布調査や生態系への詳細な影響評価はこれまで実施されておらず、侵入・拡散の程度とその影響の大きさは明らかではありませんでした。

そこで、本研究では大淀川第一ダムより上流域全体を対象として、環境DNA定量メタバーコーディング法を用いた魚類の網羅的な定量的分布調査を実施し、コウライオヤニラミの詳細な分布状況の把握と魚類群集への影響の推定を目的に調査を行いました。

2. 研究手法・成果

環境DNAとは、生物が水中などの生息環境中に糞や粘液の状態では放出したDNAを含む物質全般を指し、近年、生物種の生息の有無、さらには生物相全体や生物量、遺伝的多様性などを迅速に調べる新しい手法として大きく発展を続けています。本研究では、環境DNAを採水などによって回収し、「どのような種のDNAが存在するか」を調べるメタバーコーディング法に、内部標準DNAを用いた定量手法を組み合わせた新手法である定量メタバーコーディング法を利用することで「どの種のDNAがどれだけあるか」を推定し、解析を行いました。

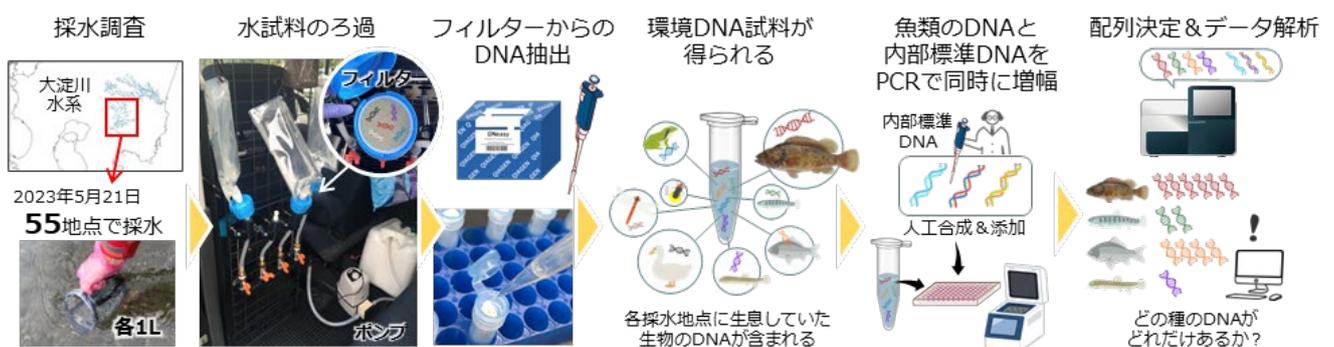


図1 環境DNA定量メタバーコーディング法による定量的な魚類相調査の流れ

図1に大まかな調査の流れを示します。2023年5月に大淀川水系の大淀川第一ダムより上流部の55地点にて、表層水を各1L採水し、フィルターでろ過を行いました。後日、各フィルターの表面に捕捉されていた環境DNAを抽出し、得られた魚類の環境DNAと、人工的に合成して添加した3種類の内部標準DNAを魚類ユニバーサルプライマー (MiFish-U; Miya et al., 2015) を用いたPCRで同時に増幅しました。増幅されたDNAの配列を超並列シーケンサー (illumina NovaSeq 6000) を用いて決定し、各環境DNA試料中にどんな種のDNAがどれだけ含まれていたかを調べました。各試料中の環境DNA濃度は調査地点における各種の相対的な生物量を反映しており、環境DNA濃度が高い種ほどたくさん生息していることを示唆します。

解析の結果、計29種(分類群)の魚類のDNAが検出され、特にコウライオヤニラミのDNAは大淀川本流とほぼすべての支流を含む39/55地点(71%)で確認されました。既知の生息地点が2つの支流の一部区間のみであったことを考慮すると、本種は侵入から数年のうちに、人知れず、かつ着実に分布を広げており、現在は大淀川ダム上流部全域に拡散し、蔓延状態となっていることが明らかとなりました(図2)。

さらに、コウライオヤニラミおよび検出された他の魚類の環境DNA濃度を用いて群集解析を行ったところ、コウライオヤニラミの侵入が侵入地点の魚類群集の構造を変化させ、生態系に大きなダメージを与えていることが示唆されました。また、カマツカ (*Pseudogobio esocinus*) やヨシノボリ属 (*Rhinogobius* sp.)、カワムツ (*Nipponocypris temminckii*) など9種の環境DNA濃度は、コウライオヤニラミの環境DNA濃度に依存して低下することが示されました(図3)。この結果は、コウライオヤニラミが多く生息する場所ほど、これらの種が減少していることを強く示唆しています。後日実施した胃内容物解析でも、カマツカやオイカワなどを含む数種の魚類や水生昆虫、エビ類がコウライオヤニラミに捕食されていることが実証されました。これまで、動きの比較的鈍い底生の種が主に捕食の影響を受ける危険性が高いと考えられていましたが、本研究の結果は底生種だけでなく、遊泳力の高い種までもが容易に捕食されてしまう可能性を示しています。これは、最大で全長30cmにまで成長するコウライオヤニラミがひとたび日本の河川に侵入・定着すれば、本種がほとんどの日本在来魚類を捕食する可能性があることを示唆しており、日本の河川生態系にとって非常に大きな脅威となることは疑いようがありません。

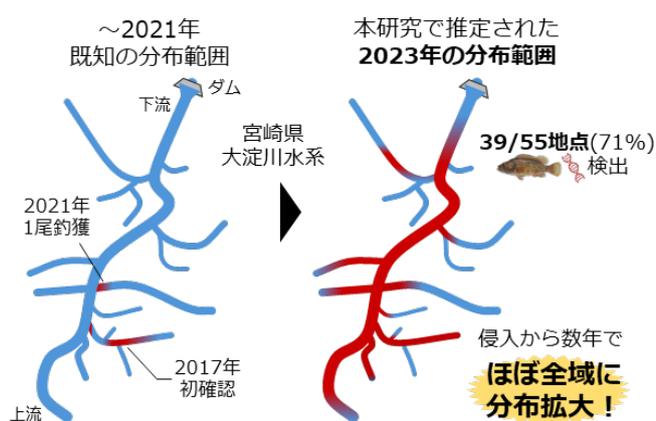


図2. 推定されたコウライオヤニラミの分布範囲の拡大状況

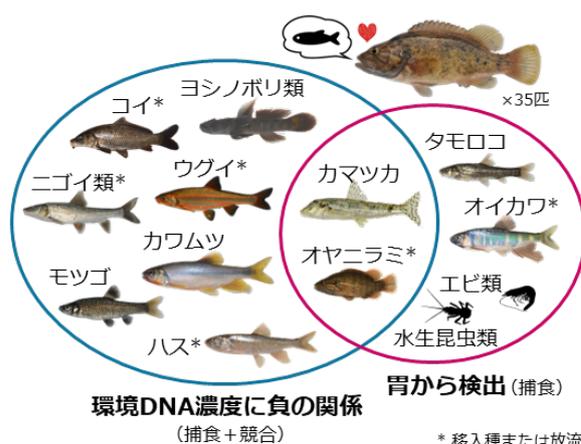


図3. コウライオヤニラミによる負の影響が示唆された種 (Fish photo: ffish asia or S.T.)

一方、底生魚の数種については、本研究では検出地点が限られていることや、単年度のみの調査であることから、コウライオヤニラミによる負の影響を統計的に明らかとすることができませんでした。その中でも特に、

本研究の調査区域内にのみ生息することが知られているオオヨドシマドジョウ (*Cobitis sakahoko*) については、今後特段の注意を払う必要があります (図 4)。本種は大淀川の固有種で、絶滅危惧 I B 類に指定されている希少種です。この種はコウライオヤニラミの侵入以前より水系内の限られた区間でのみ生息が確認されており、最初にコウライオヤニラミが発見された支流は数少ない多産地のひとつでした。捕獲調査に基づく先行研究



図4. 絶滅の危機に晒されている種

では、本支流におけるコウライオヤニラミの増加に伴うオオヨドシマドジョウの個体数の大幅な減少が報告されているほか (日比野ほか, 2022)、本研究で検出された環境 DNA も非常に低濃度であったことから、貴重な生息地のひとつがコウライオヤニラミの侵入によって壊滅状態にまで追い込まれていることは明らかです。また、水系全体ではオオヨドシマドジョウの環境 DNA は 6/55 地点から検出されましたが、すべての地点において DNA 濃度は非常に低く、かつ同時にコウライオヤニラミも検出されてしまいました。これらの結果は、すでにオオヨドシマドジョウの生息地の多くがコウライオヤニラミの脅威に晒されており、本種に絶滅の危機が迫っていることを示唆しています。

3. 波及効果、今後の予定

本研究により、日本の淡水生態系に対するコウライオヤニラミの非常に高い侵略性が浮き彫りとなりました。調査地である大淀川ではすでに蔓延状態となっており、今後すべての個体を駆除し、コウライオヤニラミ侵入前の生態系を完全に取り戻すことはほぼ不可能と言えます。コウライオヤニラミについては、現在、法律による飼育や売買に関する規制の整備が追い付いていません。そのため、日本全国、いつどこかの河川に人の手によって新たに放流され、その場の生物多様性が未来永劫失われてしまっても不思議ではない、非常に危険な状況にあります。広く社会でコウライオヤニラミを含む外来種の問題に関心を向け、まず持ち込まない・持ち込ませないという生物多様性保全の意識を共有し、万が一持ち込まれてしまった場合は広がらないよう徹底した管理と低密度化への努力を継続することが大切です。本研究が少しでも多くの方にコウライオヤニラミとその影響の大きさを知り、考えていただくきっかけになるとともに、移動・拡散の法的な規制や防除活動などの後押しになることを願います。

また、本研究は環境 DNA 定量メタバーコーディング法を外来種の侵入状況および影響の評価に初めて適用し、その高い有用性を示した研究でもあります。魚類相を定量的に評価するには通常大きな労力や時間がかかるほか、調査者の安全面や環境条件などの制約を受けます。しかし、環境 DNA 調査では水などの環境試料を収集するだけで済むほか、定量メタバーコーディングに必要な内部標準 DNA も一度調整すれば以降の解析にも繰り返し利用が可能であるため、分析の手間やコストが大きく増えることもありません。実際、本研究で実施した 55 地点での採水調査は作業に慣れた調査者 2 名により一日で実施されたほか、その後の分子実験を入れても、定量的な魚類相データを得るまでに実働約 3.5 日で調査が完了しています (配列決定の時間を除く)。コウライオヤニラミのように侵略性の高い外来種を対象とした場合、被害が拡大する前の迅速かつ広範囲、高頻度での調査が強く求められるため、環境 DNA 定量メタバーコーディングはうってつけの手法であると期待されます。

本研究は単年度のみの調査結果に基づいており、各魚類への影響を一部過小評価している可能性があります。そのため、今後も継続的にモニタリングを行い、コウライオヤニラミが河川生態系に与える影響をより詳細に明らかにしていく必要があります。

4. 研究プロジェクトについて

本研究は、日本学術振興会科研費若手研究（課題番号 23K13967）の助成を受けて実施されました。

5. 関連展示について

本研究成果に関する普及展示を6月22日（土）からいのちのたび博物館（福岡県北九州市八幡東区東田 2-4-1）館内無料ゾーンにて行います。

<引用文献>

- 日比野友亮, 田口智也, 岩田一夫, 古橋龍星 (2019) 宮崎県大淀川水系から得られたオヤニラミ属魚類コウライオヤニラミ. *Nature of Kagoshima*, Vol. 45: 243–248.
- 日比野友亮, 緒方悠輝也, 松尾怜, 大衛亮正, 小原直人, 栗原巧, 斎木悠亮 (2022) 大淀川水系におけるコウライオヤニラミの分布拡大と推測される在来魚類に与える影響. *Ichthy, Natural History of Fishes of Japan*, 16: 18–24.
- Miya, M., Sato, Y., Fukunaga, T., Sado, T., Poulsen, J. Y., Sato, K., Minamoto, T., Yamamoto, S., Yamanaka, H., & Araki, H. (2015) MiFish, a set of universal PCR primers for metabarcoding environmental DNA from fishes: Detection of more than 230 subtropical marine species. *Royal Society Open Science*, 2(7), 150088.

<研究者のコメント>

コウライオヤニラミ自体に罪はないが、害がある。とてもカッコいい魅力的な魚だけに、侵入地である大淀川の惨状を目の当たりにしたときは悲しみと、少し遅れて怒りが湧いてきました。本種に限らず、ペット等を外来種として野外に放す、これからさらに拡散させる行為を決して許してはいけません。本研究が今後、コウライオヤニラミの防除に役立つことを切に願います。(辻)

<論文タイトルと著者>

タイトル：Rapid assessment of invasion front and biological impact of the invasive fish *Coreoperca herzi* using quantitative eDNA metabarcoding (環境 DNA 定量メタバーコーディング解析による外来魚コウライオヤニラミの侵入状況と生物学的影響の迅速な評価)

著者：Satsuki Tsuji, Hideyuki Doi, Yusuke Hibino, Naoki Shibata, Katsutoshi Watanabe

辻 冨月 (京都大学大学院情報学研究科)

土居 秀幸 (京都大学大学院情報学研究科)

日比野 友亮 (北九州市立いのちのたび博物館)

芝田 直樹 (タカラバイオ株式会社)

渡辺 勝敏 (京都大学大学院理学研究科)

掲載誌： *Biological Invasions*

DOI：10.1007/s10530-024-03364-9