

五島列島宇久島におけるミナミヌマエビ、福江島におけるシナヌマエビ、および九州北部におけるイキシマカワリヌマエビの初記録

Records of *Neocaridina denticulata* from Uku Island, *N. davidi* from Fukue Island, Goto Islands, and *N. ikiensis* from mainland Kyushu, Japan

福家悠介^{1*}・国松翔太²・中島 淳³

Yusuke Fuke^{1*}, Shota Kunimatsu² and Jun Nakajima³

ABSTRACT: A freshwater shrimp, *Neocaridina denticulata* (De Haan, 1844), distributed over a wide area of western Japan, has a land-locked life history and lives its entire life in freshwater. This species also occurs on adjacent islands, and some populations are genetically distinct from mainland populations. Since this species cannot disperse beyond the sea, the island populations are believed to be remnants of past connections with the mainland. Here we report *N. denticulata* from Uku Island in the Goto Islands. Phylogenetic analysis based on the mitochondrial DNA COI region showed that the Uku population was included in the lineage of *N. denticulata*, which is mainly found in mainland Kyushu, and had a unique haplotype, suggesting that it is native to the island. Compared with the *N. denticulata* population from Fukue Island in the Goto Islands, southwest of Uku Island, the Uku population was more closely related to the mainland Kyushu population. This suggests that the geographic isolation of

Uku Island from mainland Kyushu is weaker than that of Fukue Island. We also report *N. ikiensis* Shih, Cai, Niwa & Nakahara, 2017, endemic to Iki Island, from mainland Kyushu and an invasive species, *N. davidi* (Bouvier, 1904), in a wide area of Kyushu, including Fukue Island.

Key Words: DNA barcoding, first records, invasion species, *Neocaridina*

緒言

ミナミヌマエビ *Neocaridina denticulata* (De Haan, 1844) は、西日本の広域に分布するヌマエビ科カワリヌマエビ属の甲殻類であり、一生を淡水域で過ごす陸封型の生活史をもつ。陸封型の種は海域や山地によって分散が制限されるため、地域間で明瞭な遺伝的分化を示すことがある (Fujita *et al.*, 2011; Waters *et al.*, 2020). 本種のこうした特徴は、地域の生物相の形成史を復元する上で重要な情報 (例えば、分布拡大時期やその経路) を提供する潜在性をもつ。実際に、京都府の由良川と近隣河川においてミナミヌマエビの遺伝的集団構造を調べた Fujita *et al.* (2011) は、ミトコンドリア DNA (mtDNA) の2つのクレードの分布が河川争奪の歴史と対応していることを明らかにした。また、九州の島嶼に生息する本種の集団は、本土の集団と遺伝的に分化しており、過去の本土と島嶼の接続および隔離の歴史を反映したものであると考えられている (福家ら, 2021). その象徴的な例として、長崎県の壱岐島の集団はミナミヌ

¹ 国立遺伝学研究所生態遺伝学研究室
〒411-8540 静岡県三島市谷田1111
Ecological Genetics Laboratory, National Institute of Genetics, 1111 Yata, Mishima, Shizuoka 411-8540, Japan

* E-mail: yfa73986@gmail.com

² 京都大学大学院理学研究科動物生態学研究室
〒606-8502 京都市左京区北白川追分町
Laboratory of Animal Ecology, Graduate School of Science, Kyoto University, Kitashirakawa-oiwake, Sakyo, Kyoto 606-8502, Japan

³ 福岡県保健環境研究所
〒818-0135 福岡県太宰府市向佐野39
Fukuoka Institute of Health and Environmental Sciences, 39 Mukaizano, Dazaifu, Fukuoka 818-0135, Japan

マエビから派生した固有種イキシマカワリヌマエビ *Neocaridina ikiensis* Shih, Cai, Niwa & Nakahara, 2017 として知られている (Shih *et al.*, 2017; 福家ら, 2021)。しかしながら, ミナミヌマエビ種群の分布およびmtDNAクレードの分布については, 部分的にしか明らかになっていない。今回, 著者らは九州中北部および周辺の島嶼の生物調査の過程で, 長崎県の五島列島宇久島においてミナミヌマエビ, 福江島においてシナヌマエビ *Neocaridina davidi* (Bouvier, 1904), 九州本土においてイキシマカワリヌマエビの生息を初めて確認したのでこれを報告する。宇久島のミナミヌマエビについては, 2006年に東部から未発表データに基づく記録があるが (中原, 2006), 標本に基づく確実な報告はこれまでなく, 系統的位置やその由来に関する知見もない。福江島においては, 在来と思われるミナミヌマエビが1地点でのみ確認されていた (福家ら, 2021)。本研究では, これらの種について, mtDNAの解析に基づいてその由来を検討した。

材料および方法

サンプリングは五島列島宇久島の2地点, 福江島の二級河川である福江川, および九州中北部の10地点において行い, 計197個体のカワリヌマエビ類を採集した (Fig. 1, Table 1)。得られた標本は100%エタノールで保存し, DNA抽出用の組織の採取後は70%エタノールで保存した。標本は個体ごとに

ユニパックに入れ, それを地点ごとにまとめたものを1つのロットとして京都大学総合博物館 (KUZ) に登録した。宇久島の集団の採集地点情報は, ミナミヌマエビを含む希少種保全のために本稿では公表しないが, 標本ラベルおよび台帳には詳細な情報を付記している。

得られたカワリヌマエビ類はmtDNAのシトクロムcオキシダーゼサブユニット1 (COI) 領域を用いたDNAバーコーディングによって同定した。ミナミヌマエビおよびイキシマカワリヌマエビの初記録となる集団では, 形態的特徴を明らかにするために, 先行研究において種判別に有用とされた額角の歯数および長さ, 雄の第1胸脚腕節, 第3胸脚前節, 第1腹肢内肢の形態を検討した (Klotz *et al.*, 2013; Shih *et al.*, 2017; Onuki & Fuke, 2022)。額角が欠損しているまたは明らかに再生中の個体は, 額角関連形質の計測から除外した。体サイズの指標として, 頭胸甲長 (CL, 眼窩後方から頭胸甲の後端までの長さ) を測定した。

遺伝子解析のために, 集団あたり2–16個体についてDNAを抽出した。DNA抽出は, 片側の第4および第5腹肢から Monarch Genomic DNA Purification Kit (New England Biolabs) を用いて行った。mtDNAのCOIの部分領域は, 本属用に設計されたプライマーセットである LCO-nc (5'-TTG TCA ACA AAC CAC AAA GAY ATT GG-3') と HCO-nc (5'-ATA CYT CAG GGT GYC CAA AGA ATC A-3') (Onuki & Fuke, 2022) を用いてPCR反応によって増幅した。反応液は

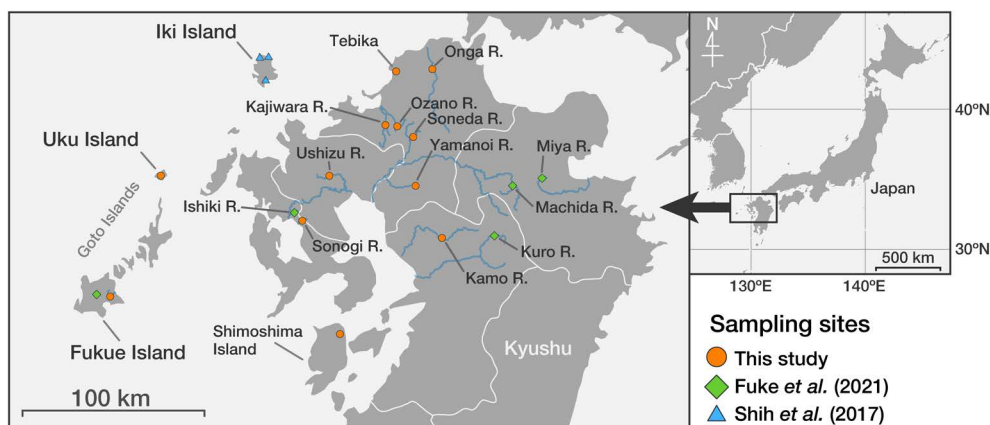


Fig. 1. Sampling locations for the specimens used in this study.

Table 1. List of samples used in this study.

Specimens ID	Species	n	n for DNA analysis	Locality	Date	mtDNA haplotypes (number of detections)	Accession numbers	References
KUZ Z5176	<i>N. denticulata</i> , <i>N. davidi</i>	14	8	Soneda river (Chikugo river system), Chikuzen, Fukuoka	18-Jul-2020	Soneda-01 (1), dt11 (2), dvB6 (2), 13 (1), 14 (1), 15 (1)	LC813125– LC813132	This study
KUZ Z5177	<i>N. denticulata</i> , <i>N. davidi</i>	13	8	Ditch near Onga river, Nogata, Fukuoka	27-Jul-2020	dt5 (1), dvB6 (1), 9 (1), 13 (5)	LC813133– LC813140	This study
KUZ Z5178	<i>N. denticulata</i> , <i>N. davidi</i>	12	8	Ozano river (Mikasa river system), Dazaifu, Fukuoka	31-Jul-2020	Soneda-01 (1), dvB16 (5), 17 (1), 18 (1)	LC813141– LC813148	This study
KUZ Z5179	<i>N. denticulata</i>	9	6	Yamanoi river (Chikugo river system), Yame, Fukuoka	31-Jul-2020	Yamanoi-01 (1), 02 (3), 03 (1), 04 (1)	LC813149– LC813154	This study
KUZ Z5180	<i>N. davidi</i>	14	8	Kajiwarra river (Naka river system), Naka, Fukuoka	4-Aug-2020	dvB19 (3), 20 (2), 21 (3)	LC813155– LC813162	This study
KUZ Z5181	<i>N. ikiensis</i>	14	8	Pond, Tebika, Fukutsu, Fukuoka	6-Aug-2020	Tebika-01 (7), 02 (1)	LC813163– LC813170	This study
KUZ Z3917	<i>N. denticulata</i> , <i>N. davidi</i>	13	8	Kamo river (Kikuchi river system), Kikuchi, Kumamoto	20-Sep-2020	Kamo-01 (1), 02 (1), dvA1 (1), dvB4 (1), 21 (1), dvC1 (3)	LC813117– LC813124	This study
KUZ Z5182	<i>N. denticulata</i>	7	2	Pond, Shimoshima Island, Amakusa, Kumamoto	18-Jul-2021	Amakusa-01 (2)	LC813171– LC813172	This study
KUZ Z5183	<i>N. davidi</i>	24	8	Sonogi river, Higashisonogi, Nagasaki	25-Sep-2022	dvB3 (1), 6 (2), 22 (4), 23 (1)	LC813173– LC813180	This study
KUZ Z5184	<i>N. denticulata</i>	21	8	Ushizu river (Rokkaku river system), Taku, Saga	1-Oct-2022	dt08 (8)	LC813181– LC813188	This study
KUZ Z5185	<i>N. davidi</i>	42	16	Fukue river, Fukue Island, Goto, Nagasaki	23-Oct-2022	dvB15 (5), 22 (11)	LC813189– LC813204	This study
KUZ Z5186	<i>N. denticulata</i>	11	11	Ditch, Uku Island, Goto, Nagasaki	18-Mar-2023	Uku-01 (11)	LC813205– LC813215	This study
KUZ Z5187	<i>N. denticulata</i>	3	3	Pond, Uku Island, Goto, Nagasaki	19-Mar-2023	Uku-01 (3)	LC813216– LC813218	This study
	<i>N. ikiensis</i>		12	Iki Island, Nagasaki		Nik-1 (2), 2 (2), 3 (4), 4 (1), 5 (3)	LC324771– LC324775	Shih <i>et al.</i> (2017)
KUZ Z3782, Z3783	<i>N. denticulata</i>		10	Pond, Fukue Island, Goto, Nagasaki	19-Jul-2020, 20-Sep-2020	Fukue-01 (8), 02 (2)	LC612339– LC612348	Fuke <i>et al.</i> (2021)
KUZ Z3914	<i>N. denticulata</i> , <i>N. davidi</i>		8	Miya river (Oita river system), Yufuin, Oita	20-Sep-2020	Miya-01 (1), 02 (3), dvB3 (4)	LC612373– LC612380	Fuke <i>et al.</i> (2021)
KUZ Z3915	<i>N. denticulata</i>		8	Machida river (Chikugo river system), Kokonoe, Oita	20-Sep-2020	Machida-01 (1), 02 (5), 03 (1), Miya-02 (1)	LC612365– LC612372	Fuke <i>et al.</i> (2021)
KUZ Z3916	<i>N. denticulata</i>		8	Kuro river (Shirakawa river system), Aso, Kumamoto	20-Sep-2020	Kuro-01 (8)	LC612357– LC612364	Fuke <i>et al.</i> (2021)
KUZ Z3921	<i>N. denticulata</i>		8	Ishiki river (Kawatana river system), Kawatana, Nagasaki	21-Sep-2020	Ishiki-01 (7), 02 (1)	LC612349– LC612356	Fuke <i>et al.</i> (2021)

PrimeSTAR GXL DNA Polymerase (TaKaRa) を0.25 μ L, 5×PrimeSTAR GXL Buffer を2.5 μ L, dNTP Mixture を1.0 μ L, 5 μ M のプライマーをそれぞれ0.75 μ L, テンプレートDNAを0.8 μ L, PCR グレードの超純水を6.45 μ L の計12.5 μ L とした。PCR 反応は98℃で30秒

の予熱後に、増幅反応を98℃ 10秒, 55℃ 15秒, 68℃ 45秒の30サイクル, 最後に68℃で30秒の最終伸長の条件で行った。PCR産物はillustra ExoProStar (cytiva) を用いて精製後、ユーロフィンジェノミクス株式会社に3730xl DNA Analyzer (Thermo Fisher

Scientific) によるサンガーシーケンシングを委託した。得られた配列はUnipro UGENE 49.0 (Okonechnikov *et al.*, 2012)を用いてベースコールの確認と編集を行った後、DDBJを通じて国際塩基配列データベース (INSD) に登録した (Accession numbers: LC813117–LC813218)。

検討標本の系統的位置を推定するために、ハプロタイプベースの系統解析を行った。ハプロタイプの検出はvsearch 2.23.0 (Rognes *et al.*, 2016)を用いて行った。このとき、福家ら (2021) で決定された九州のミナミヌマエビとシナヌマエビ, Onuki & Fuke (2022) で検出された琵琶湖周辺域のミナミヌマエビとシナヌマエビ, Shih *et al.* (2017) で検出されたイキシマカワリヌマエビの配列を解析に加えた。本研究で初めて検出されたハプロタイプのうち、シナヌマエビと琵琶湖周辺のミナミヌマエビのクレードに含まれるハプロタイプは、Onuki & Fuke (2022) に準拠したハプロタイプ名を与えた。九州のミナミヌマエビから構成される系統にはハプロタイプ名がなかったため、便宜的に河川名に準拠したハプロタイプ名を与えた。これらのハプロタイプに外群として *N. spinosa* と *N. hofendopoda* を加えたデータセットを用いて、IQ-TREE 2.2.2.6 (Minh *et al.*, 2020) による最尤法に基づく系統樹推定を行った。このとき、コドン位置ごとにパーティションを設定し、それぞれに対してModelFinder (Kalyaanamoorthy *et al.*, 2017) によってベイズ情報量基準 (BIC) に基づいて選択された塩基置換モデルを適用した (第一コドン: TNe + G4, 第二コドン: TN + F + I, 第三コドン: TIM2 + F + R2)。各枝の信頼度はUltrafastブートストラップ法 (Hoang *et al.*, 2018) によって評価した。得られた樹形はFigtree 1.4.4 (<https://github.com/rambaut/fig-tree>) を用いて可視化した。

結 果

ヌマエビ科 Atyidae De Haan, 1849

カワリヌマエビ属 *Neocaridina* Kubo, 1938

ミナミヌマエビ *Neocaridina denticulata* (De Haan, 1844)
(Fig. 2A, B, 3A–C)

検討標本. KUZ Z5186, 11 個体, 長崎県佐世保市宇

久町 (宇久島), 水路, 2023 年 3 月 18 日, 中島淳採集; KUZ Z5187, 3 個体, 長崎県佐世保市宇久町 (宇久島), ため池, 2023 年 3 月 19 日, 中島淳採集。

シナヌマエビ *Neocaridina davidi* (Bouvier, 1904)

検討標本. KUZ Z5185, 42 個体, 長崎県五島市吉田町 (福江島), 福江川下流, 2022 年 10 月 23 日, 国松翔太採集。

イキシマカワリヌマエビ *Neocaridina ikiensis* Shih, Cai, Niwa & Nakahara, 2017
(Fig. 2C, 3D–F)

検討標本. KUZ Z5181, 14 個体, 福岡県福津市手光, ため池, 2020 年 8 月 6 日, 中島淳採集。

DNA バーコーディング. 宇久島の 2 地点から得られた 14 個体の mtDNA COI 領域の部分配列 653 bp を決定した。すべての個体は同一のハプロタイプ (Uku-01) を有しており、相同性検索 (BLAST) の結果、先行研究で報告されたミナミヌマエビと概ね一致した。宇久島集団に最も近縁であったのは、島根県西部から得られたミナミヌマエビで (99.38%, Hayashi *et al.*, unpublished data), 次に熊本県の白川水系黒川のミナミヌマエビであった (99.31%, 福家ら, 2021)。

同様に、福江島の福江川から得られた 16 個体からは 2 つのハプロタイプ (dvB15, 22) が検出され、相同性検索ではいずれもシナヌマエビと概ね一致した。dvB15 は移入集団であるイスラエルの個体 (99.69%, Levitt-Barmats *et al.*, 2019), dvB22 は中国の海南島および日本の岡山県から得られた個体の配列に最も近縁であった (99.69%, Levitt-Barmats *et al.*, 2019; Zhou *et al.*, 2021)。

九州の各地から得られた標本は、福津市手光の集団を除いて、相同性検索においてミナミヌマエビまたはシナヌマエビのいずれかと一致した。福津市手光の 8 個体から検出された 2 つのハプロタイプ (Tebika-01, 02) は、パラタイプが含まれるイキシマカワリヌマエビのハプロタイプに最も近縁であったが (97.7–99.2%, Shih *et al.*, 2017), 既知のハプロタイプとの一致は認められなかった。

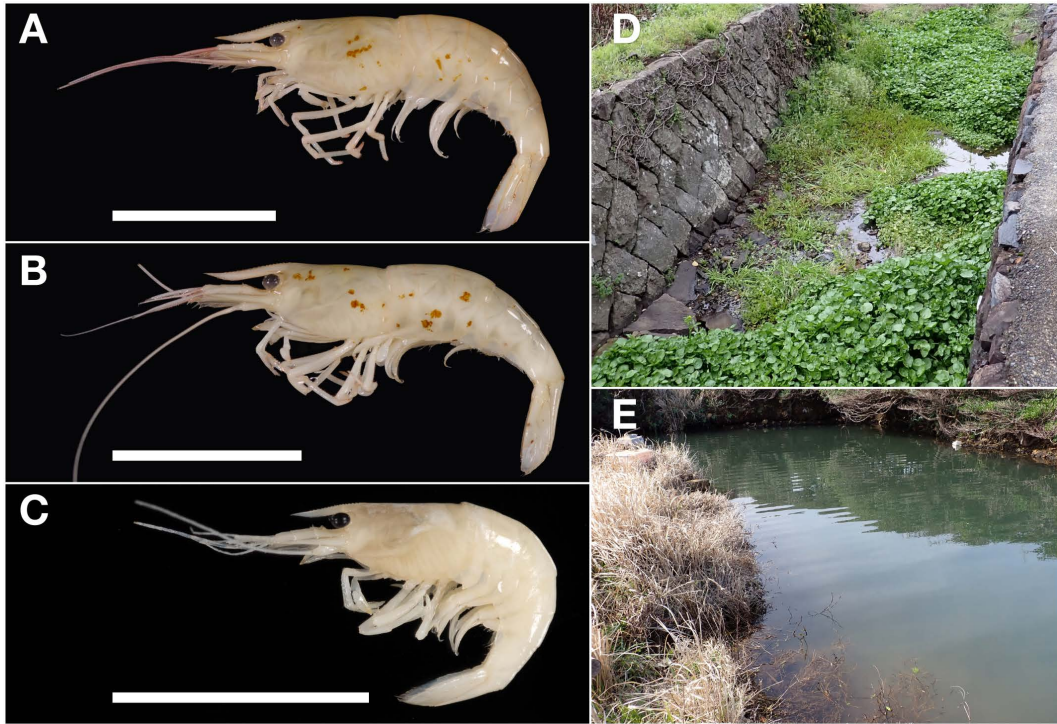


Fig. 2. Specimens used in this study and their habitats. A, KUZ Z5187, *Neocaridina denticulata*, adult female, Uku Island. B, KUZ Z5187, *N. denticulata*, adult male, Uku Island. C, KUZ Z5181, *N. ikiensis*, adult female, Tebika, Fukutsu, Fukuoka. D, E, habitats of *N. denticulata* (KUZ Z5186 and KUZ Z5187, respectively) on Uku Island. Scale bars: A, B, C=10 mm.

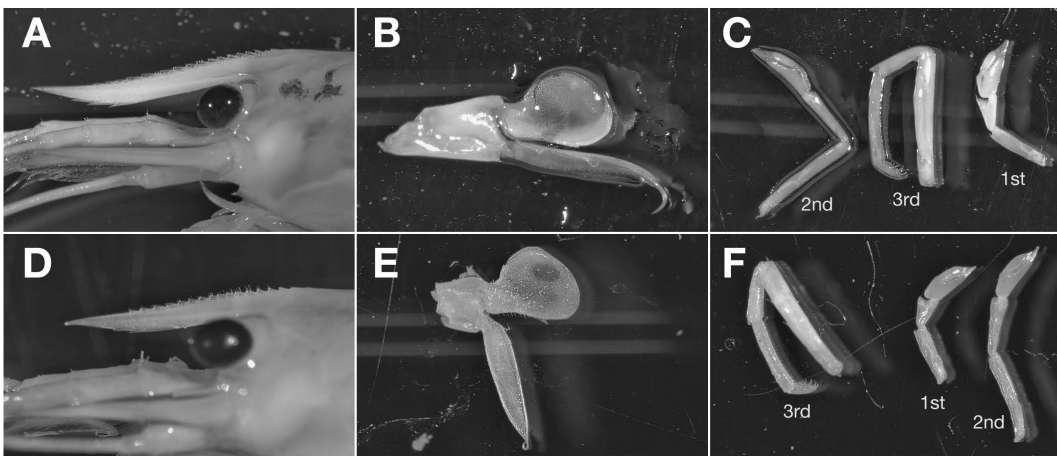


Fig. 3. Diagnostic characters of *Neocaridina denticulata* (A–C, KUZ Z5187, male, CL 5.40 mm) and *N. ikiensis* (D–F, KUZ Z5181, male, CL 4.30 mm). Both individuals are the same as in Fig. 2B, C. A, D, rostrum. B, E, endopod of pleopod 1. C, F, pereopods 1–3.

系統解析. mtDNAのCOI領域を用いたハプロタイプベースの系統解析の結果、ミナミヌマエビとシナヌマエビは明瞭に分化していた (Fig. 4). ミナミヌマエビは分岐の深い複数の系統から構成されており、宇久島から発見されたハプロタイプ (Uku-01) は、九州北部および西部に出現するハプロタイプと同じクレードに属し、その中で最も古くに分岐していた。筑後川水系曾根田川、遠賀川、六角川水系牛津川の集団からは、琵琶湖周辺域のミナミヌマエビと同一のハプロタイプが検出された (dt05, 08, 11). このうち、牛津川を除く2地点では、シナヌマエビクレードB (dvB06, 09, 13–15), 曾根田川ではミナミヌマエビの宇久島集団も含まれるクレードに属するハプロタイプ (Soneda-01) も検出された。福津

市手光の集団は、壱岐島の固有種とされるイキシマカワリヌマエビから構成されるクレードに含まれ、壱岐島の集団は単系統性を示さなかった。シナヌマエビは3つのクレードから構成されており、クレードAとCは菊池川水系鴨川のみから、クレードBは島嶼を含む8地点 (筑後川水系曾根田川、遠賀川、御笠川水系大佐野川、那珂川水系梶原川、鴨川、彼杵川、福江川、大分川水系宮川) から発見された。**形態形質.** 宇久島から得られたミナミヌマエビは雌雄ともに7個体ずつで、すべて成体であった。額角は細長く、その先端は第1触角柄部の第3節末端に達するか越える。CLに対する額角長の比率は0.57–0.85であった。額角上縁には14–21歯があり、そのうち2–4歯は頭胸甲上に位置する。額角下縁には

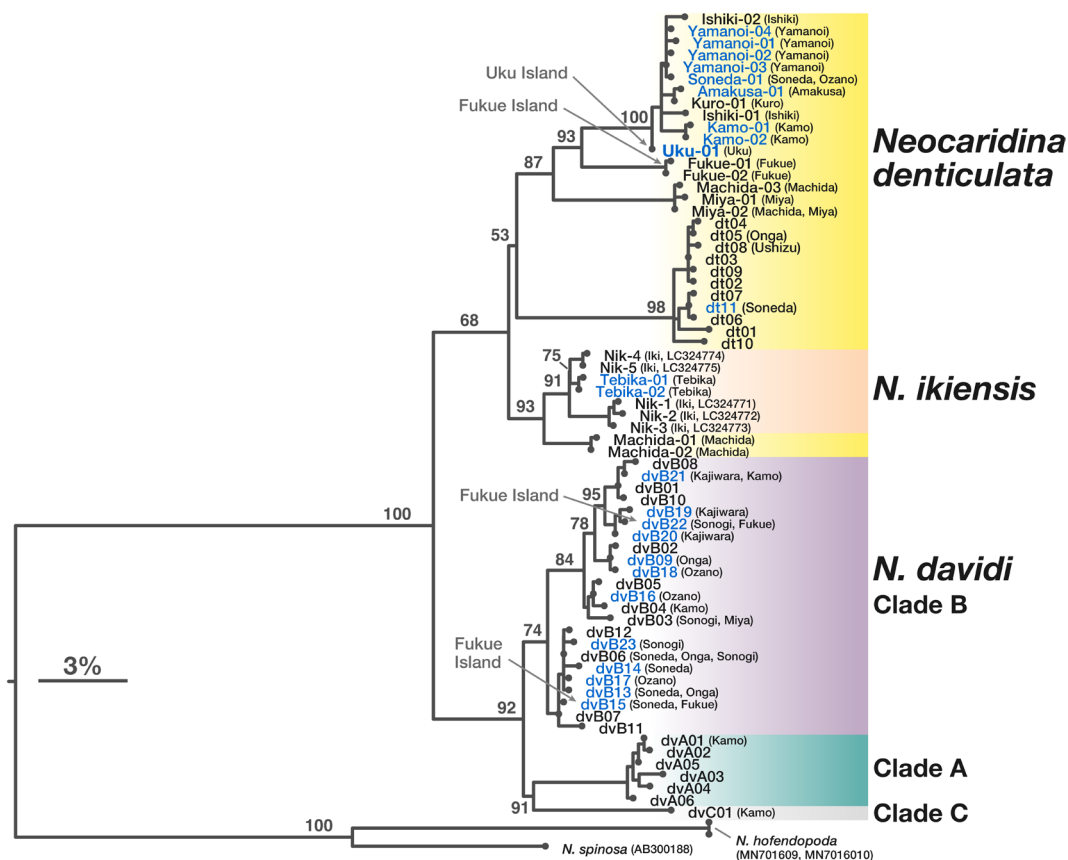


Fig. 4. Maximum-likelihood phylogenetic tree of *Neocaridina* species based on the mtDNA COI region (653 bp). Labels are haplotype names, of which those followed by locality are those detected in Kyushu. Haplotype names in blue indicate the newly detected haplotypes in this study. Numbers at the nodes represent ultra-fast bootstrap values, which are omitted near the ends.

3-8歯がある。第1胸脚腕節の陥入は比較的深い。第3胸脚の前節はほとんど湾曲しないか、わずかに湾曲する (8.5° – 17.2°)。腹肢内肢は洋梨型で、その長さに対する幅の比率は1.34–1.71 (逆は0.59–0.75)であった (Fig. 3A–C)。

福津市手光の集団のうち、遺伝解析を実施した雌2個体と雄6個体の成体について形態形質を検討した。額角は細長く、その先端は第1触角柄部の第2節をわずかに越える。CLに対する額角長の比率は0.54–0.64であった。額角上縁には11–16歯があり、そのうち3–5歯は頭胸甲上に位置する。額角下縁には1–5歯がある。第1胸脚腕節の陥入は比較的深い。第3胸脚の前節はほとんど湾曲しないか、強く湾曲する (9.5° – 22.9°)。腹肢内肢は洋梨型で、その長さに対する幅の比率は1.33–1.55 (逆は0.64–0.82)であった (Fig. 3D–F)。

考察

九州中北部および属島のミナミヌマエビの遺伝的な集団構造は、地域ごとにまとまりを見せる分岐の深い複数のクレードの存在によって特徴付けられ、生物地理学的に示唆に富む結果を示した。しかしながら、本研究の結果はmtDNAの部分塩基配列に基づくため、必ずしも種や集団の歴史を復元できている訳ではないことや、地域網羅的なサンプリングが達成されていないことから、集団形成史に関する言及は避けることにする。ここでは、標本に基づく初記録となった宇久島のミナミヌマエビおよび九州本土のイキシマカワリヌマエビの由来と九州におけるシナヌマエビの拡大に焦点を絞って議論する。

宇久島集団の由来

五島列島の宇久島の2地点から得られたミナミヌマエビは、現在のところ宇久島のみから検出されている固有ハプロタイプ (Uku-01) を有しており、それが地理的に近い九州北部や西部のミナミヌマエビから成るクレードに属したことから、在来集団である可能性が高い。同じく五島列島の福江島の固有ハプロタイプは単独でクレードを形成し、九州本土のハプロタイプとは深い分岐を示すが (4.2 – 5.2% の遺伝距離)、宇久島のハプロタイプはより浅い分岐

を示した (0.5 – 1.1% の遺伝距離)。これは九州本土とそれぞれの島の隔離の程度、すなわち地理的な距離が遺伝的分化の程度に反映されていることを示唆する。

宇久島は約 25 km^2 の小さな島で、ミナミヌマエビの生息適地は限られている可能性が高い。実際に、宇久島から得られた14個体のミナミヌマエビはすべて同一のハプロタイプを共有しており、宇久島集団の遺伝的多様性は低い水準にあると考えられる。宇久島のミナミヌマエビは、独自の遺伝的特徴を示すことや、本種が海を渡って分散できない特性をもつことから、宇久島の生物相の成り立ちを考える上で重要な集団である。本種をはじめとする淡水エビ類は、淡水生態系の食物網の重要な構成要素であり、また河川環境の改変者としての重要な役割も担っており (Uno *et al.*, 2022; Bauer, 2023), 宇久島の陸水生態系の保全のためにも本種の存続が望まれる。本種の保全を進めるためには、島内における本種の詳細な生息調査を行い、生息範囲や集団サイズを特定することが必要であろう。

九州本土におけるイキシマカワリヌマエビの由来

本研究は、壱岐島の固有種とされていたイキシマカワリヌマエビを初めて九州本土から発見した。福津市手光の集団はmtDNAに基づく解析の結果、パラタイプを含むイキシマカワリヌマエビと同じクレードに含まれたが、ハプロタイプの共有は認められなかった。壱岐島における本種のハプロタイプの検出が十分なされていないことに留意が必要だが、壱岐島と手光の集団間におけるハプロタイプの非共有は、本集団が壱岐島からの最近の人為的な移入に由来しないことを示唆する。本集団が在来であった場合、壱岐島と九州本土の接続の歴史を考える上で学術的に重要な集団であると言える。

形態形質においても、集団間で若干の差異が認められた。手光の集団は、額角長と額角歯数についてはイキシマカワリヌマエビとよく一致したが、雄の第1腹肢内肢の縦横比は壱岐島集団と大きく異なった (1.33 – 1.55 vs. 1.7 ; Shih *et al.*, 2017)。ただし、宇久島のミナミヌマエビでは第1腹肢内肢の縦横比が 1.34 – 1.71 であったことから、イキシマカワリヌマエビの集団間の差異も種内変異の範疇である可能性

がある。今後、地史情報やゲノムワイドなデータに基づいて推定された分岐年代などを用いて、自然分布の可能性についてより詳細に検討する必要がある。

九州におけるシナヌマエビの分布拡大

本研究はシナヌマエビの九州における広範な分布拡大を初めて示した。これまでにシナヌマエビは日本の広域から報告されているが（例えば, Mitsugi *et al.*, 2017; Kakui & Komai, 2022; Onuki & Fuke, 2022), 九州からの報告は比較的少なかった。本研究および福家ら（2021）の調査では、九州中北部の18地点のうち、福岡県、長崎県、大分県、熊本県の計8地点からシナヌマエビが発見された。DNAバーコーディングおよび標本に基づく本種の記録としては、大分県を除く3県で初記録と思われる。福岡県、大分県、熊本県の4地点では、シナヌマエビと在来と思われるミナミヌマエビの両方のハプロタイプが確認され（Table 1）、在来種と外来種が同所的に生息していることが示唆された。さらに、九州の島嶼部においても、新たに本種の侵入が確認された。本種は釣り餌およびアクアリウムのペットとして流通しているものが意図的・非意図的に逸出することで、野外に導入されると考えられている（丹羽, 2010; Onuki & Fuke, 2022）。福江島で確認されたシナヌマエビの由来は、通信販売で容易に入手可能なアクアリウム用ペットと釣り餌の両方の可能性があり、移入経路は特定できなかった。外来種の導入は、在来種との種間競争、交雑による遺伝子浸透、病原菌や寄生虫の付随的導入などによって、導入先に生息する種に様々な存続リスクを生じさせる（Manchester & Bullock, 2000; Havel *et al.*, 2015; Prati *et al.*, 2024）。福江島のシナヌマエビは、現時点では在来種の生息域には侵入していないので、新たな導入および定着集団の分散を防ぐことで、在来集団の保全が可能であると思われる。福江島のミナミヌマエビの生息は1地点しか確認されていないため（福家ら, 2021）、この集団が失われないように早急な対応が必要である。

謝 辞

中原泰彦氏には文献の入手にご協力いただいたほか、有益な情報をいただいた。井上大輔氏には宇久島での調査にご協力いただいた。齋藤稔氏と小山彰彦氏には、研究遂行にご助力賜った。山本佑治氏には貴重な標本を提供いただいた。国立遺伝学研究所生態遺伝学研究室の皆さまには、分子実験および標本観察の際にご協力いただいた。匿名の査読者には原稿に改訂に有益なコメントをいただいた。この場を借りて御礼申し上げる。本研究はJSPS科研費JP-23KJ2156の助成を受けた。試料分析の一部は福岡県自然環境課のプロジェクトである福岡県希少野生生物保護検討会議からの支援を受けた。

文 献

- Bauer, R. T., 2023. Shrimps: Their diversity, intriguing adaptations and varied lifestyles. Springer, Cham, Switzerland, 720 pp.
- Fujita, J., Nakayama, K., Kai, Y., Ueno, M., & Yamashita, Y., 2011. Geographical distributions of mitochondrial DNA lineages reflect ancient directions of river flow: A case study of the Japanese freshwater shrimp *Neocaridina denticulata denticulata* (Decapoda: Atyidae). *Zoological Science*, 28: 712–718.
- 福家悠介・岩崎朝生・笹塚 諒・山本佑治, 2021. 五島列島福江島におけるミナミヌマエビの初記録. *Cancer*, 30: 63–71.
- Havel, J. E., Kovalenko, K. E., Thomaz, S. M., Amalfitano, S., & Kats, L. B., 2015. Aquatic invasive species: challenges for the future. *Hydrobiologia*, 750: 147–170.
- Hoang, D. T., Chernomor, O., von Haeseler, A., Minh, B. Q., & Vinh, L. S., 2018. UFBoot2: Improving the ultrafast bootstrap approximation. *Molecular Biology and Evolution*, 35: 518–522.
- Kakui, K., & Komai, T., 2022. First record of *Scutariella japonica* (Platyhelminthes: Rhabdocoela) from Hokkaido, Japan, and notes on its host shrimp *Neocaridina* sp. aff. *davidi* (Decapoda: Caridea: Atyidae). *Aquatic Animals*, 2022: AA2022–1.
- Kalyaanamoorthy, S., Minh, B. Q., Wong, T. K. F., von Haeseler, A., & Jermin, L. S., 2017. ModelFinder: fast model selection for accurate phylogenetic estimates. *Nature Methods*, 14: 587–589.
- Klotz, W., Miesen, F. W., Hüllen, S., & Herder, F., 2013. Two Asian fresh water shrimp species found in a thermally polluted stream system in North Rhine-Westphalia, Germany. *Aquatic Invasions*, 8: 333–339.
- Levitt-Barmats, Y., Yanai, Z., Cohen, T., & Shenkar, N.,

2019. Life-history traits and ecological characteristics of the ornamental shrimp *Neocaridina denticulata* (De Haan, 1844), recently introduced into the freshwater systems of Israel. *Aquatic Invasions*, 14: 684–702.
- Manchester, S. J., & Bullock, J. M., 2000. The impacts of non - native species on UK biodiversity and the effectiveness of control. *Journal of Applied Ecology*, 37: 845–864.
- Minh, B. Q., Schmidt, H. A., Chernomor, O., Schrempf, D., Woodhams, M. D., von Haeseler, A., & Lanfear, R., 2020. IQ-TREE 2: New models and efficient methods for phylogenetic inference in the genomic era. *Molecular Biology and Evolution*, 37: 1530–1534.
- Mitsugi, M., Hisamoto, Y., & Suzuki, H., 2017. An invasive freshwater shrimp of the genus *Neocaridina* Kubo, 1938 (Decapoda: Caridea: Atyidae) collected from Boso Peninsula, Tateyama City, Chiba Prefecture, eastern Japan. *Crustacean Research*, 46: 83–94.
- 中原泰彦, 2006. 両側回遊性エビ類の形態・生態学的研究. 長崎大学大学院生産科学研究科博士論文.
- 丹羽信彰, 2010. 外来輸入エビ, カワリヌマエビ属エビ (*Neocaridina* spp.) および *Palaemonidae* spp. の輸入実態と国内の流通ルート. *Cancer*, 19: 75–80.
- Okonechnikov, K., Golosova, O., Fursov, M., & the UGENE team, 2012. Unipro UGENE: A unified bioinformatics toolkit. *Bioinformatics*, 28: 1166–1167.
- Onuki, K., & Fuke, Y., 2022. Rediscovery of a native freshwater shrimp, *Neocaridina denticulata*, and expansion of an invasive species in and around Lake Biwa, Japan: Genetic and morphological approach. *Conservation Genetics*, 23: 967–980.
- Prati, S., Grabner, D. S., Hupalo, K., Weiperth, A., Maciaszek, R., Lipták, B., Bojko, J., Bérces, F., & Sures, B., 2024. Invisible invaders: range expansion of feral *Neocaridina davidi* offers new opportunities for generalist intracellular parasites. *Biological Invasions*. <https://doi.org/10.1007/s10530-024-03324-3>
- Rognes, T., Flouri, T., Nichols, B., Quince, C., & Mahé, F., 2016. VSEARCH: A versatile open source tool for metagenomics. *PeerJ*, 4: e2584.
- Shih, H.-T., Cai, Y., Niwa, N., & Nakahara, Y., 2017. A new species of land-locked freshwater shrimp of the genus *Neocaridina* (Decapoda: Caridea: Atyidae) from Iki Island, Kyushu, Japan. *Zoological Studies*, 56: 30.
- Uno, H., Fukushima, K., Kawamura, M., Kurasawa, A., & Sato, T., 2022. Direct and indirect effects of amphidromous shrimps on nutrient mineralization in streams in Japan. *Oecologia*, 198: 493–505.
- Waters, J. M., Emerson, B. C., Arribas, P., & McCulloch, G. A., 2020. Dispersal reduction: Causes, genomic mechanisms, and evolutionary consequences. *Trends in Ecology & Evolution*, 35: 512–522.
- Zhou, C., Feng, M., Tang, Y., Yang, C., Meng, X., & Nie, G., 2021. Species diversity of freshwater shrimp in Henan Province, China, based on morphological characters and COI mitochondrial gene. *Ecology and Evolution*, 11: 10502–10514.