

多摩川流域におけるドジョウの遺伝的構造

Genetic structure of loach in Tamagawa basin

○西田一也^{*}・^{**}・小出水規行^{*}・皆川明子^{***}・渡部恵司^{*}・竹村武士^{*}・森淳^{*}

Nishida, K., Koizumi, N., Minagawa, A., Watabe, K., Takemura, T. and Mori, A.

1. はじめに

メダカやドジョウでは、全国スケールにおける遺伝的構造が明らかにされてきた（例えば、Takehana et al., 2003；小出水ら, 2009）。しかし、多くの淡水魚において、全国より下位のスケールでの遺伝的構造の知見が不足している。流域スケールにおける遺伝的構造の把握により個体群構造を推定することは、個体群の保全管理を考える上で有用と考えられる。そこで、本研究では、ドジョウを対象に流域スケールにおける遺伝的構造の把握を行った。

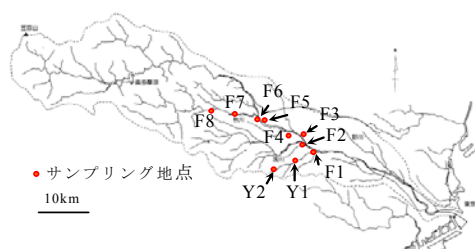


図1 サンプルング地点

Fig.1 Sampling sites

2. 研究方法

(1) サンプルング方法 東京都内の多摩川流域において、2008年10月～2009年10月に、10地点で166個体を採集した（図1）。F1～8は河川周辺の低平地の農業水路に、Y1, 2は丘陵地の谷津田域の水路に位置する。低平地水路では河川から魚類の降下移入が可能である。谷津水路では流入河川との間に落差があり、他水域からの移入は不可能である。

(2) 分析方法 小出水ら（2009）に従い、ミトコンドリアDNAのチトクローム**b**領域を解析した。得られた塩基配列から配列の種類（ハプロタイプ）をDNASP ver.5.1により特定し、既知のハプロタイプと合わせてMEGA ver.5.0により系統樹を作成した。次に、国外外来種のカラドジョウ系を除外し、DNASP ver.5.1により各地点のハプロタイプ多様度を算出した。

3. 結果と考察

(1) 系統樹 67つのハプロタイプが検出され、それを元に作成した系統樹は大きく4つのクレードに分かれた（図2）。Hap12～18, 21, 23～26, 28～31, 58, 61, 62は、小出水ら（2009）によって在来系とされるドジョウのハプロタイプ（C1～7）と同じクレードに分かれたことから、在来系のハプロタイプと考えられた。Hap19, 20, 22, 27, 32～49, 51～56, 59, 60, 63～67は、小出水ら（2009）によって中国（近縁）系とされるドジョウのハプロタイプと同じクレードに分かれた。このクレードの中には中国産と非常に近縁であるハプロタイプも存在するため国外外来種である可能性も否定できないが、ハプロタイプが在来系以上に多様であり、かつ、広範囲に分布していたことから（表1）、中国（近縁）系も在来のハプロタイプと判断した。Hap8～11, 50, 57は、小出水ら（2009）によってヨーロッパ（近縁）系とされるドジョウのハプロタイプと同じクレードに分かれた。ヨーロッパ近縁系では、ハプロタイプは多様ではないが、どのハプロタイプとも近縁でないこと、離れた複数地点に分布したことから（表1）、在来のハプロタイプと判断した。

^{*}農研機構 農村工学研究所（National Institute for Rural Engineering）、^{**}日本学術振興会特別研究員 PD（JSPS Research Fellow）、^{***}滋賀県立大学（University of Shiga Prefecture）

キーワード：ドジョウ、遺伝的構造、流域スケール、ミトコンドリアDNA

表 1 ハプロタイプ別ドジョウ・カラドジョウ系の分布
Table 1 Distribution of haplotype of loach

	谷津		低平地 (下流⇄上流)								計
	Y1	Y2	F1	F2	F3	F4	F5	F6	F7	F8	
中国近縁系			18	10	5	4	1	19	15	12	84
在来系			1	7	5	13	7	1		1	35
ヨーロッパ近縁系	15	12									29
カラドジョウ系								18			18

Hap1~7は中国・他県産のカラドジョウ系と同じクレードに分かれた。したがって、多摩川流域にカラドジョウ系が逸出していると考えられる。

(2)各系の分布 谷津の水路には、ヨーロッパ近縁系のみが分布していた(表1)。それ以外では明確でないが、低平地水路では在来系が中流地点に、中国近縁系が上流と下流地点に偏る傾向にあった。なお、カラドジョウ系は、F5のみで採捕された。カラドジョウ系を除く各系の分布の違いの成因として、移入時期の差異(小出水ら, 2010)、他水域との分断、水温適性の差異等が考えられる。

(3)ハプロタイプ多様度 ヨーロッパ近縁系のみが分布する谷津の個体群では、ハプロタイプ多様度が低く、特にY2では0であった。低平地の個体群において各系を分けない場合、個体数の多い中国(近縁)系をみの場合のハプロタイプ多様度を算出すると、どちらも下流に向かって高くなる傾向にあったが、最上流のF8で高い値を示した。F8を除けば、下流の個体群ほど上流から個体の供給を受けやすいことによってハプロタイプ多様度が高くなった可能性が考えられる。

4. おわりに 流域内におけるドジョウの遺伝的構造は複雑であること、また、各個体群の遺伝的状态は、流域内の位置や分断を反映している可能性が考えられた。今後は解析サンプル地点・個体数を増やすことで、遺伝的構造に影響を与える要因を明らかにしていく予定である。

【引用文献】1) Takehana, Y., Nagai, N., Matsuda, M., Tsuchiya, K. and Sakaizumi, M. (2003) Geographic variation and diversity of the cytochrome *b* Gene in Japanese wild populations of Medaka, *Oryzias latipes*, Zoological science, 20, 1279-1291. 2) 小出水規行, 竹村武士, 渡部恵司, 森淳 (2009) ミトコンドリア DNA によるドジョウの遺伝特性—チトクローム *b* 遺伝子の塩基配列による系統解析—, 農業農村工学会論文集, 77 (1), 7-16. 3) 小出水規行, 森淳, 中茎元一, 水谷正一, 西田一也, 竹村武士, 渡部恵司, 朴明洙 (2010) 栃木県におけるドジョウの遺伝的クレードの解明, 平成 22 年度農業農村工学会大会講演要旨集, 860-861.

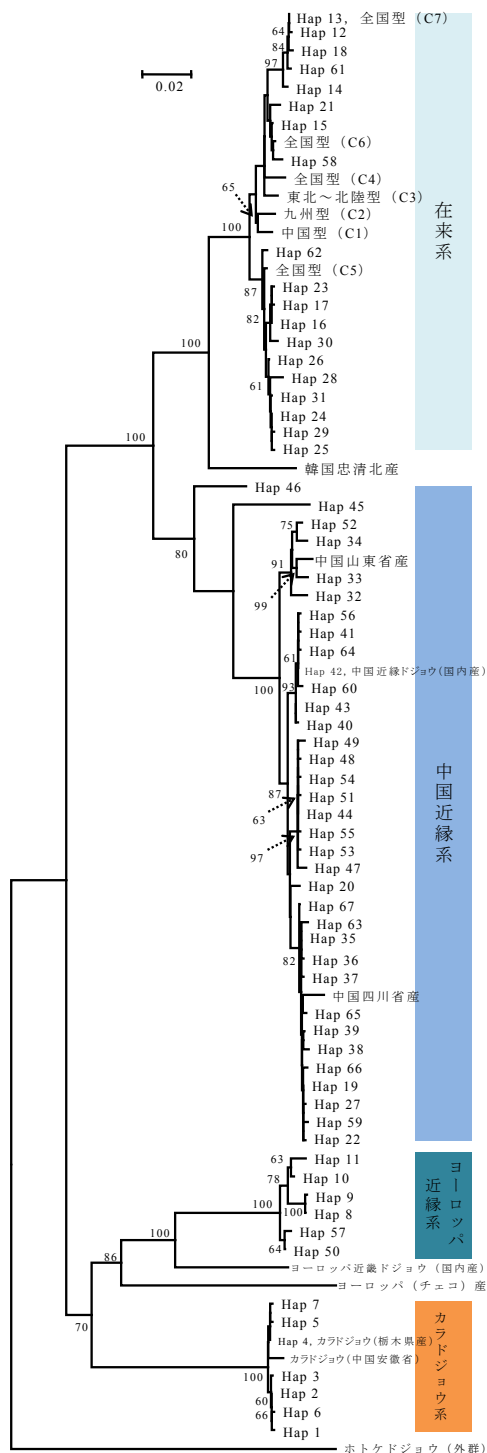


図 2 近隣連結法によるドジョウのハプロタイプの系統樹(数字はブートストラップ分岐確率, 60%以上を表示.)

Fig.2 Neighbor joining tree of cytochrome *b* gene sequence for loach population