

いさわ南部におけるドジョウの遺伝子タイプ Genotype of Dojo loach in Isawa Nanbu area, Iwate Prefecture

○小出水規行・西田一也・渡部恵司・森 淳・竹村武士

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

1. はじめに

農村水域における生物多様性の重要性が認識され、それを理解するための解明研究が求められている。しかし、生物多様性は生態系、種、さらには遺伝子の各多様性を包括した階層構造をもち、中でも種多様性についての研究は進んでいるが、生物多様性の根幹となる遺伝子や生態系の多様性についての研究は遅れている。著者らは、以上のことを背景に農村水域の代表魚種であるドジョウ *Misgurnus anguillicaudatus* の遺伝子多様性について、これまで日本全域、その部分的詳細としての栃木県を対象に解析した結果、日本にはロシア（ヨーロッパ）系、中国系、韓国系、在来系の4グループからなるドジョウの遺伝集団があることを確認した（小出水ら、2009, 2010）。

本発表ではこれらの研究で課題とされている分析事例の蓄積として、農業農村整備事業における生態系配慮の先駆的事例地区である「いさわ南部」を対象に、ドジョウの遺伝子多様性の1評価要素とされる遺伝子タイプを明らかにする。どの遺伝子タイプが現存し、分布しているのか、その実態についての把握は、将来的な農村環境整備における保全（着目）すべき遺伝資源の指標開発に繋がるものとして期待されている。

2. 材料と方法

1) 分析サンプル いさわ南部の原川と白鳥川において、各河川5地点で計68個体（体長約30~100mm）を2011年5~9月にかけて採捕した（図1）。各個体の尾鰭の一部を切除し、100%エタノールで固定したものを分析サンプルとした。

2) DNA分析 小出水（2009）に準拠し、各個体の尾鰭サンプルからDNAを抽出し、ミトコンドリアDNAのシトクローム**b**遺伝子領域をPCR増幅した。得られたPCR産物をサイクルシーケンス処理し、PCR産物の塩基配列をシーケンサーで解析し、決定した。

3) 塩基配列データの解析 各個体のシトクローム**b**遺伝子の塩基配列について、1,131塩基（遺伝子全体の99.2%）を解析データに用いた。解析では全68個体の配列のうち、塩基の並び方が異なるもの（ハプロタイプと呼ばれる）を特定し、その出現頻度と小出水ら（2009, 2010）等による既出のハプロタイプとの比較を行った。特定したハプロタイプの河川間、地点間における出現頻度の特徴について整理した。

3. 結果とまとめ

1) ハプロタイプ 全個体中、合計9ハプロタイプ（Isa1~9）が出現し、中でもハプロタイプIsa3、9の出現頻度（29%）が他に比べて高かった（表1）。既出のハプロタイプとの比較により、Isa1はロシア系、Isa2~9は在来系の遺伝子グループに属し、また、Isa7、8は当分析により新規に出現したことが確認された。

農村工学研究所（Institute for Rural Engineering, NARO）

キーワード：ドジョウ類、ミトコンドリアDNA、いさわ南部

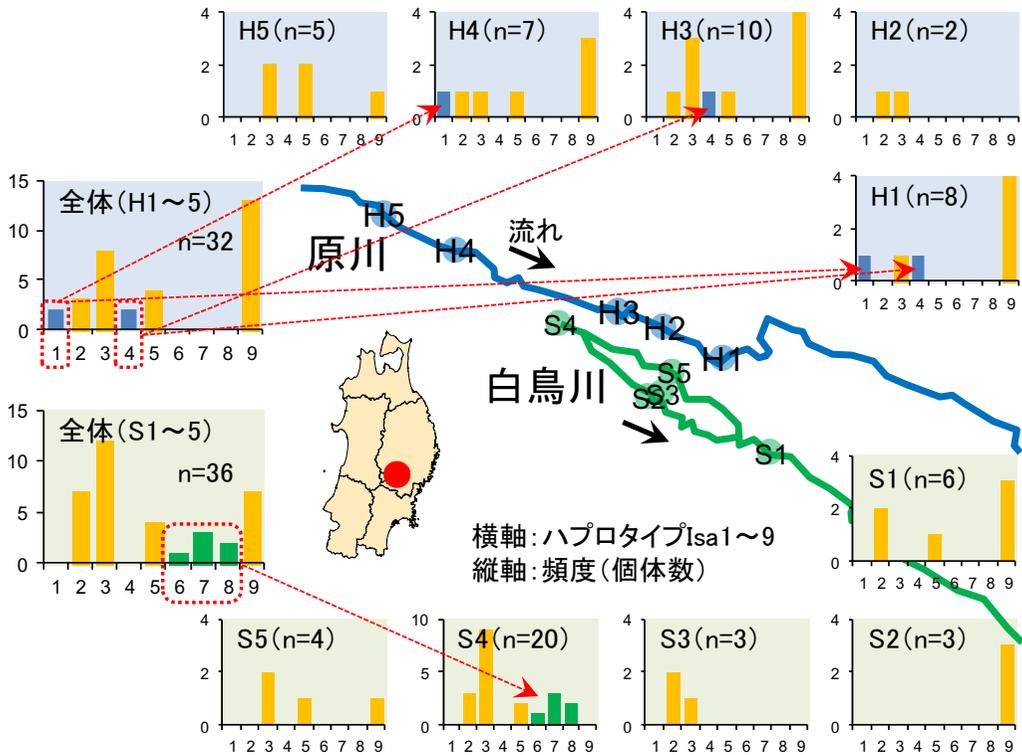


図1 原川と白鳥川の各地点におけるドジョウのハプロタイプの出現頻度 (Appearance frequency of haplotypes of Dojo loach for each site in the Hara-kawa and Shiratori-gawa rivers)

表1 確認されたドジョウのハプロタイプ (Haplotypes of Dojo loach confirmed in this study)

ハプロタイプ	出現頻度 % (個体数)	遺伝子グループ	既出のハプロタイプとの関係
Isa1	3 (2)	ロシア系	H017
Isa2	15 (10)	在来系	H036
Isa3	29 (20)		H024
Isa4	3 (2)		H031
Isa5	12 (8)		H035
Isa6	2 (1)		H062
Isa7	4 (3)		新規
Isa8	3 (2)		
Isa9	29 (20)		H034

2) 河川間・地点間の特徴 河川間：原川全体で6ハプロタイプ、白鳥川全体で7ハプロタイプが出現し、各河川のハプロタイプ数は同程度となった(図1)。ハプロタイプ Isa2, 3, 5, 9 は両河川で共通して確認されたが、Isa1, 4 は原川、Isa6, 7, 8 は白鳥川のみ出現し、これらのハプロタイプは各河川におけるドジョウ集団の遺伝的特徴を反映するものと考えられた。地点間：各地点のハプロタイプ数は原川で2(地点 H2)～5(H3, 4)、白鳥川で1(S2)～6(S4)となり、個体数に合わせてハプロタイプ数も増加する傾向が見られた(図1)。各河川のみ出現したハプロタイプに着目すると、原川の Isa1, 4 は H1～4 にかけて分布し、白鳥川の Isa6, 7, 8 は S4 だけに分布した。このことは遺伝的特徴をもつ集団が原川では区間的、白鳥川では部分的に生息していると推察される。今後はサンプル数を増やすことにより、詳細な遺伝子分布図を作成し、このような遺伝集団の形成過程の解明に向けて水路環境との関連性を明らかにすることが期待される。

参考文献 小出水ら (2009) : 農業農村工学会論文集, 259, 7-16.
小出水ら (2010) : 平成 22 年度農業農村工学会大会講演要旨集, 860-861