

DNA 標識を利用した農業水路系におけるドジョウ個体群のグループ化
 - 千葉県谷津田域を事例として -
 Grouping of loach population in drainage canal with microsatellite DNA
 marker of Yatsu paddy field, Chiba Prefecture

小出水規行^{*}・竹村武士^{*}・奥島修二^{*}・森 淳^{*}・蛭原 周^{**}
 Noriyuki KOIZUMI, Takeshi TAKEMURA, Shuji OKUSHIMA,
 Atsushi MORI and Syu EBIHARA

1. はじめに

農業水路は魚類をはじめ様々な生物の生息場となっている。これまで魚類生息場の保全に向けて、生息分布の実態や水路環境との応答関係に関する研究が盛んに行われてきた。本研究では生物個体群の地域性確保に向けて、谷津田域におけるドジョウ個体群を対象にマイクロサテライトDNAを標識とするグループ化について検討した。

2. 材料と方法

谷津田によって構成される千葉県下田川流域の水路 7 本を対象とした(図 1)。水路共通の優占種であるドジョウを採捕し、各水路から 24 個体(全長の平均 7.1cm、標準偏差 2.2cm、計 168 個体)のゲノム DNA を抽出した。

公開データベース DDBJ から分析に利用可能な 3 種類のマイクロサテライト DNA マーカーを選定し(登録番号 AB081621、AB081624、AB081626)、PCR 及びシーケンス処理を通じて個体ごとに各マーカーの塩基サイズを決定した。

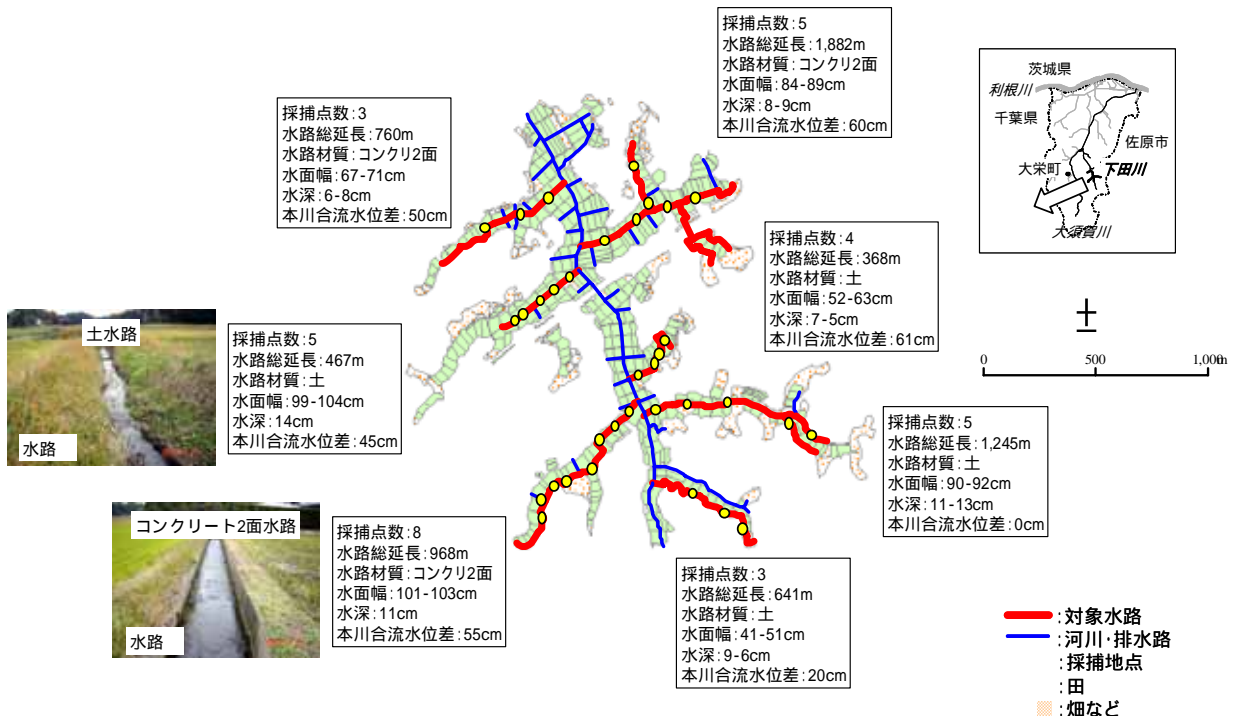


図 1 千葉県下田川流域における調査対象水路の概要 Location of drainage canals in the Shitada-gawa River basin

*農村工学研究所 National Institute for Rural Engineering、**日本海洋株式会社 Nippon Kaiyo Co., Ltd.
 キーワード: ドジョウ、マイクロサテライト DNA、農業水路、谷津田、千葉県下田川

各マーカーにおいて確認された塩基サイズやその頻度から、個体群の水路内及び水路間についての遺伝的多様性に関する指標を計算し、生息している個体群のグループ化を試みた。

3. 結果と考察

各水路では 19 ~ 27 種類の塩基サイズが確認され、その頻度から遺伝的多様

性をあわすヘテロ接合体率（個体が共通祖先をもつ確率）を計算した（図 2）。値は 0.41 ~ 0.57 の範囲にあり、個体群の遺伝的多様性は水路によって異なることを示したが、多くの個体群の交配は統計的に任意であり（ $p > 0.05$ ）、遺伝的に特異な現象は認められなかった。

遺伝的分化指数による系統樹解析（クラスター解析の一種）を実施し、個体群のグループ化について検討した。対象水路における個体群は概ね 3 群に分けられ、各群に属する水路の空間配置から、個体群は上流、中流、下流の 3 つに画定できる可能性を示した（図 3）。現在、対象水路のいくつかは落差によって分断化されているが、落差設置以前は各群（上流、中流、下流）を基準に移動・繁殖による交流があったものと推察された。

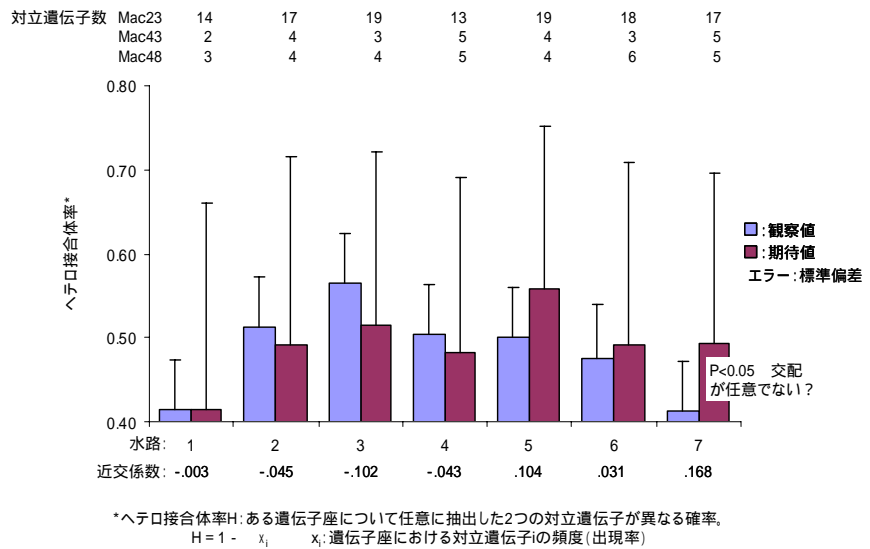


図 2 水路におけるドジョウ個体群の遺伝的多様性 Genetic diversity of loach population in drainage canals

系統樹から推察される個体群の分画

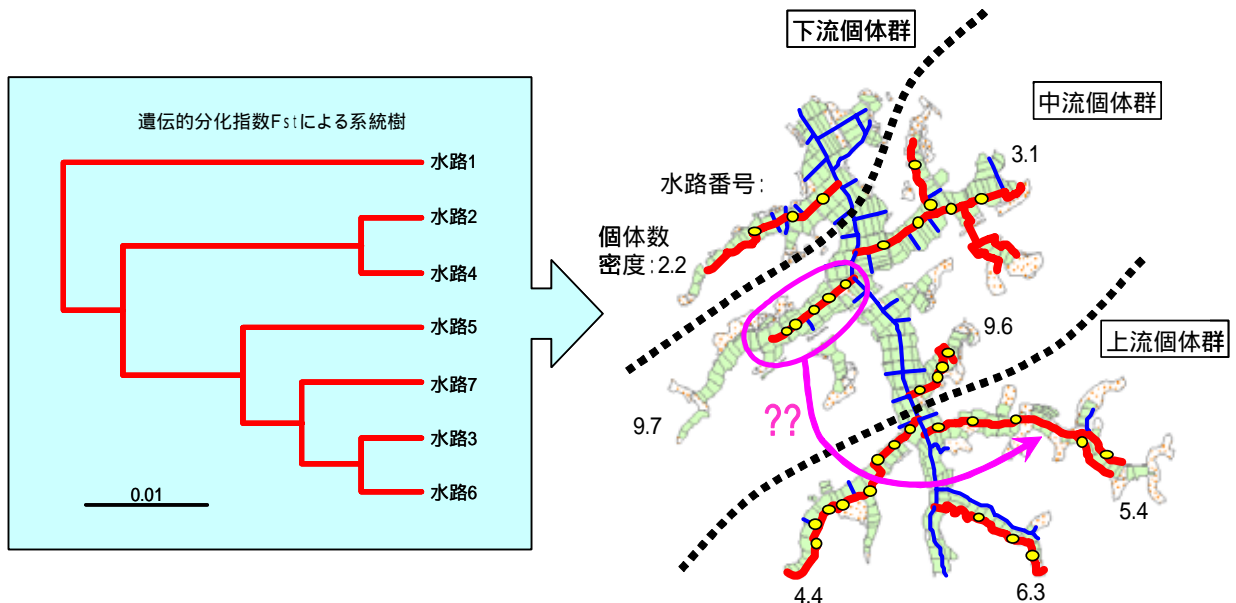


図 3 遺伝的類似性からみたドジョウ個体群のグループ化 Grouping of loach population in drainage canals with genetic similarity

生物個体群の地域性確保に向けて、千葉県谷津田域におけるドジョウ個体群を対象にマイクロサテライト DNA を標識とするグループ化について検討した。3つの DNA マーカーによる個体群の遺伝的多様性は水路によって異なるが、遺伝的に特異な現象は認められなかった。対象水路における個体群は概ね 3 群に分けられ、各群に属する水路の空間配置から、個体群は上流、中流、下流の 3 つに画定できる可能性を示した。