

# 栃木県におけるドジョウの遺伝的クレードの解明

## Elucidation of genetic clades for loach in Tochigi Prefecture

○小出水規行\*・森淳\*・中荃元一\*\*・水谷正一\*\*\*・西田一也\*・竹村武士\*・渡部恵司\*・朴明洙\*\*\*\*  
Koizumi, N., Mori, A., Nakakuki, G., Mizutani, M., Nishida, K., Takemura, T., Watabe, K. and Park, M.

### 1. はじめに

日本に生息するドジョウは遺伝的に3つのクレード(分岐群; ヨーロッパ系, 中国系, 在来系)から構成されている(小出水, 2009). 中でも, 栃木県では複数のクレードが確認され(例えば, 鬼怒川水系のさくら市でヨーロッパ系, 那珂川水系の大田原市で中国系と在来系), 県内のドジョウは遺伝的に多様なことが考察されている. また, 鬼怒川水系の芳賀町と那珂川水系の那須塩原市ではカラドジョウ系のクレードが存在し, カラドジョウの分布拡大やドジョウに及ぼす遺伝的多様性への影響も懸念されている.

本解析では, 県内におけるドジョウのより詳細な遺伝特性を明らかにするため, ミトコンドリア DNA のシトクローム *b* 遺伝子の塩基配列を分析し, そのハプロタイプ(塩基が互いに異なる配列タイプ)から推量される遺伝的クレードの分布組成について解析した.

### 2. 材料と方法

1) 分析サンプル メダカ里親の会の会員によって採捕された計45地点, 384個体(各地点1~16個体)をサンプルに用いた(図1). サンプルの体長は24~140mmであり, カラドジョウの特徴(ドジョウよりも体高が大きく, 尾柄部が短い)をもつ個体も全体の約10~20%含まれていた. 2) DNA 分析 小出水(2009)に準拠し, 100%エタノールで固定した個体の尾鰭からDNAを抽出した. 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, 得られたPCR産物をサイクルシーケンス処理した. 処理後のPCR産物の塩基配列をシーケンサーで読み取り, 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%)を決定した. 3) 塩基配列データの解析 サンプルの塩基配列データをアライメントし, ハプロタイプとその個体数による出現頻度を特定した. カラドジョウを含めて, 小出水ら(2009)による既出のハプロタイプと比較し, 最節約法による系統樹を作成した. 系統樹構造から, 各ハプロタイプが属する遺伝的クレードを推定し, 各水系, 各採捕地点のクレード組成の特徴を取りまとめた.

### 3. 結果とまとめ

1) ハプロタイプ 全384個体中, 74個のハプロタイプを特定した(図2). そのうち, 19個が既出と一致し, 55個が新たに出現した. ハプロタイプの出現頻度は既出のH051で最多(22地点45個体)となり, H019, H046が順に多かった. 2) 系統樹 特定された74ハプロタイプと既出の代表的ハプロタイプを用いて, 最節約法による系統樹を作成した(図2). 5つのクレードが99%のブートストラップ確率で支持され, 既出のハプロタイプとの関係から, 各クレードはそれぞれヨーロッパ系, 中国系, 韓国系(新規出現), 在来系, カラドジョウ系と推定された(図2). 3) 水系別, 地点別の遺伝的クレード組成 ハ

\*農村工学研究所(National Institute for Rural Engineering), \*\*メダカ里親の会(Medaka Satooya no kai), \*\*\*宇都宮大学農学部(Faculty of Agriculture, Utsunomiya University), \*\*\*\*韓国農漁村研究院(Rural Research Institute, KRC) キーワード: ドジョウ, ミトコンドリア DNA, 栃木県

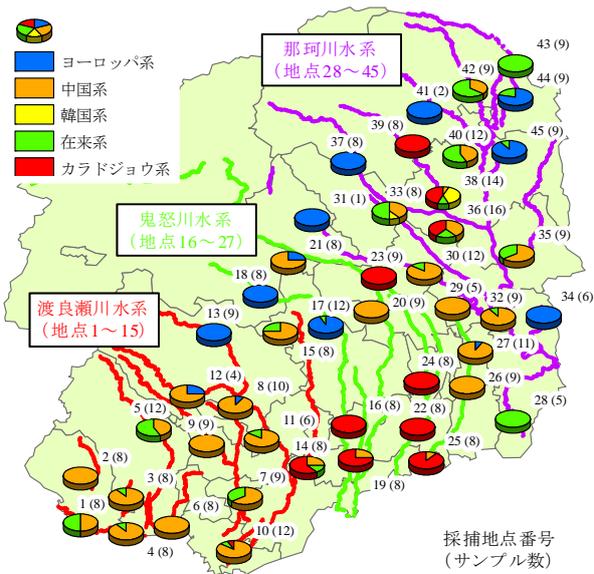


図 1 採捕地点と各地点の遺伝的クレード組成 (Collection sites and composition of genetic clades for each site)

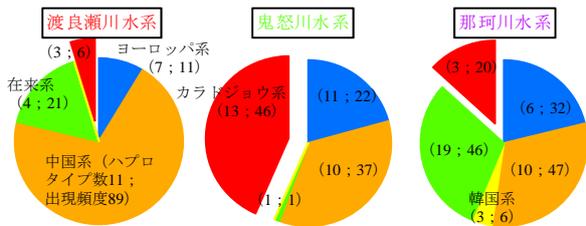


図 3 各水系の遺伝的クレード組成 (Composition of genetic clades for each river system)

プロタイプの出現頻度を用いて、各水系と各地点のクレード組成を確認した(図 3, 図 1). 渡良瀬川水系では中国系が主体となり、鬼怒川水系では 1/3 以上がカラドジョウ系となり、那珂川水系では全てのクレードが出現した(図 3). 県内におけるドジョウの遺伝特性は水系によって異なることを示唆している.

地点別のクレード組成は、河川上・中流の地点(地点 13, 43 等)でヨーロッパ系や在来系、河川中・下流の地点(地点 6, 26 等)で中国系が中心となった(図 1). ヨーロッパ系や在来系は古くから(例えば、数百万年前の中新世や鮮新世)県内に生息し、その後、地殻変動や海水準変動の影響によって、中国系(場合によっては韓国系も)が移動してきたように思われる. 渡良瀬川水系と鬼怒川水系の県中南部(地点 14, 22 等), 那珂川水系の県北東部(地点 30, 29 等)に分布するカラドジョウ系の由来先も含めて、今後、中国や韓国産等のサンプル分析や日本列島の形成過程との関係解明が、県内のドジョウの遺伝的多様性の保全に向けて必要になると思われる.

参考文献

小出水ら (2009) : 農業農村工学会論文集, 259, 7-16.

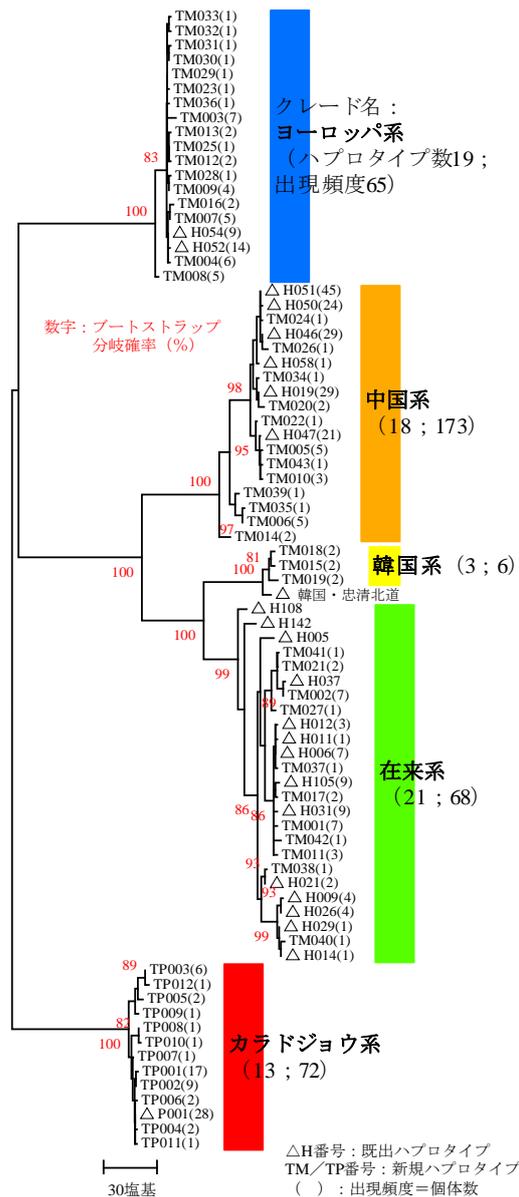


図 2 最節約法によるハプロタイプの系統樹 (Phylogenetic tree of haplotype sequences with maximum parsimony method)

地点別のクレード組成は、河川上・中流の地点(地点 13, 43 等)でヨーロッパ系や在来系、河川中・下流の地点(地点 6, 26 等)で中国系が中心となった(図 1). ヨーロッパ系や在来系は古くから(例えば、数百万年前の中新世や鮮新世)県内に生息し、その後、地殻変動や海水準変動の影響によって、中国系(場合によっては韓国系も)が移動してきたように思われる. 渡良瀬川水系と鬼怒川水系の県中南部(地点 14, 22 等), 那珂川水系の県北東部(地点 30, 29 等)に分布するカラドジョウ系の由来先も含めて、今後、中国や韓国産等のサンプル分析や日本列島の形成過程との関係解明が、県内のドジョウの遺伝的多様性の保全に向けて必要になると思われる.