

DNA 解析による関東地方のタモロコの在来・非在来の予備的検討
 Preliminary study on distinction between a native and introduced field gudgeon,
Gnathopogon elongatus elongatus in Kanto region, Japan by using DNA analysis

○西田一也^{*}・^{**}・小出水規行^{*}・渡部恵司^{*}・竹村武士^{*}・森 淳^{*}
 Nishida, K., Koizumi, N., 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, 遺伝情報が不足している. タモロコ *Gnathopogon elongatus elongatus* は関東地方の水田地帯において一般的にみられる魚類であるが, 移殖であるとの説とそれ以前から生息していたとの説がある. そこで本研究では本種の遺伝的構造を把握することにより, 関東地方における本種の在来・非在来の予備的検討を行った.

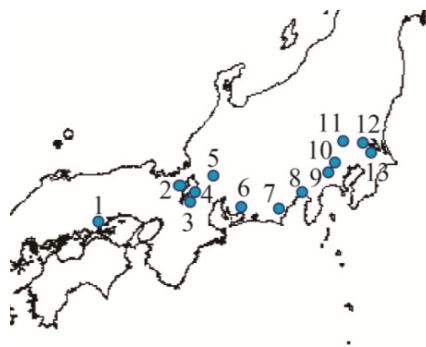


図1 サンプルング地点
 Fig.1 Sampling sites of specimens

2. 研究方法

(1) サンプルング方法 本州分布域の農業水路・河川・湖沼において, 2010年5月~2012年3月に, 13地点(図1)で採集した個体のうち, 各地点2~5個体の計51個体をDNA解析に供した.

(2) 分析方法 ミトコンドリアDNAのチトクローム**b**領域を解析した. 得られた部分配列(505bp)から配列の種類(ハプロタイプ)をDNASP ver.5.1により特定した. これらのハプロタイプをもとにMEGA ver.5.05を用いて最尤法により系統樹を作成し, 各サンプルング地点のハプロタイプの類縁関係から, 在来・非在来を予備的に検討した. なお系統樹の作成にはDDBJ/EMBL/GenBankに登録されている, 琵琶湖博物館で経代飼育されているタモロコ(AB218687)および, 外群として *G. nicholsi* (AY952997) と *G. herzensteini* (JN003334) のハプロタイプを利用した.

3. 結果と考察

(1) 系統樹 16のハプロタイプが検出され(表1), それをもとに作成した系統樹は, 琵琶湖および伊勢湾に流入する河川(クレードB)とそれ以外(クレードA)の2つのクレードに分かれた(図2). 世界有数の古代湖である琵琶湖には, 固有のハプロタイプが残存していたと考えられる. また, かつての琵琶湖は現在の位置より南にあり, その流出河川は伊勢湾へ注いでいたと推察されている. したがって, 伊勢湾流入河川のハプロタイプが琵琶湖のハプロタイプと同じクレードに属したことは, 過去の琵琶湖の状況を反映していたためと考えられる.

^{*}農研機構 農村工学研究所 (National Institute for Rural Engineering, NARO), ^{**}日本学術振興会 (Japanese Society for Promotion of Science)

キーワード: タモロコ, *Gnathopogon elongatus elongatus*, 遺伝的構造, ミトコンドリアDNA,

(2) 在来・非在来の判別 クレード A において，Site 1 のハプロタイプ (Hap13~16) は同じサブクレードを形成したが (図 2)，それ以外は明確なサブクレードを形成しなかった．このことは東海から関東地方 (Site7~13) にかけての本種が非在来であることを示唆しているのかもしれない．ただし，Hap11 や 12 は北関東 (Site12, 13) においてのみ出現しており (表 1)，この地方特有のハプロタイプである可能性も否定できない．

4. まとめ

東海から関東地方にかけての本種のハプロタイプは明確なサブクレードを形成しなかったことから，これらの地域の本種は非在来である可能性が示唆された．しかし，現時点ではサンプリング地点および検体数が少なく，また，太平洋岸の水域に限られているため十分な判断を下すことはできない．したがって，今後はサンプリング地点・検体数を増やしたうえで，在来・非在来の判別を行っていく予定である．

【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*, Zool. Sci., 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.

表 1 ハプロタイプの出現頻度
Table 1 Haplotype frequencies in each population.

Hap\Site	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13
1					3								
2						1							
3						3							
4		1											
5		3	1										
6			1										
7					2								
8				2			2	4	4	4	3	1	3
9											1		
10							2					1	
11												1	2
12												1	
13	1												
14	2												
15	1												
16	1												
合計	5	4	2	2	5	4	4	4	4	4	4	4	5

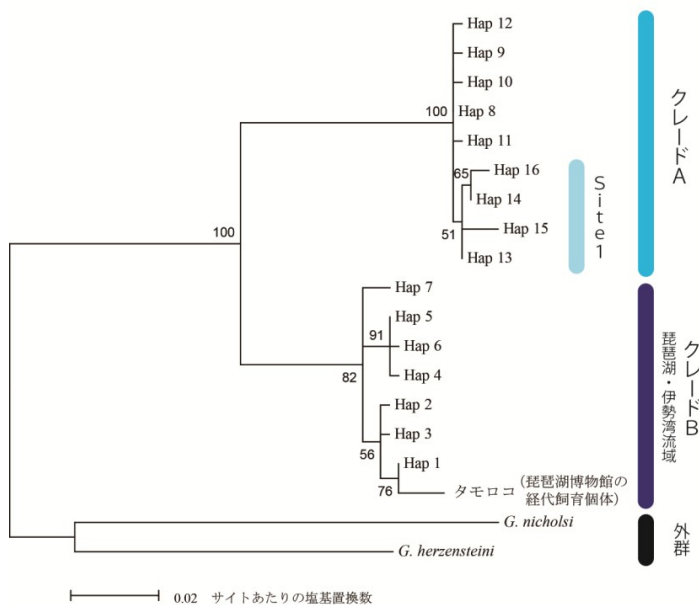


図 2 最尤法により作成した系統樹 (数字はブートストラップ確率 (%), ハプロタイプの番号は Table 1 と同様.)

Fig.2 Maximum likelihood tree based on the genetic distance estimated from the mtDNA Cytchome *b* region sequences. The number beside each internal branch indicates bootstrap values based on 1000 replications. Haplotype numbers are defined in Table 1