

## ミトコンドリア DNA D-loop 分析による アブラハヤの未知の系統と広域な人為的移殖の確認

Detection of new lineages and wide introduction of *Rhynchocypris lagowskii* in Japan,  
based on mitochondrial DNA D-loop analysis

○西田一也<sup>\*</sup>, <sup>\*\*</sup>・小出水規行<sup>\*\*\*</sup>・皆川明子<sup>\*\*</sup>・森 淳<sup>\*\*\*\*</sup>・渡部恵司<sup>\*\*\*\*\*</sup>・竹村武士<sup>\*\*\*\*\*</sup>  
Nishida, K., Koizumi, N., Minagawa, A., Mori, A., Watabe, K. and Takemura, T.

### 1. はじめに

アブラハヤ *Rhynchocypris lagowskii* は、わが国では岡山県・福井県から青森県にかけて分布し、中上流域の農業水路や小河川でよく確認される魚種の一つである。本種は環境省レッドリストには掲載されていないが、いくつかの都府県レッドリストには絶滅危惧種等として掲載されている（野生生物調査協会・Envision 環境保全事務所，2021）。

本種には国内で3系統が確認されているが（Hassan et al., 2015; Hassan et al., 2017），これらの研究では関東・東海の分析が不足しているため，全国的な遺伝的集団構造は明らかではない。また，本種と近縁種のタカハヤが琵琶湖水系から東海・関東・東北に非意図的に移殖されており（中島ほか，2022；Nishida et al., 2023），また，本種の移殖も示唆されているが（Hassan et al., 2015），全国的な実態は明らかではない。本研究では，本種のミトコンドリア（mt）DNA D-loop 分析により，これまでに知られていない系統および広域的な人為的移殖を確認したため報告する。

### 2. 研究方法

(1) サンプルング 2008年から2023年にかけて，自然分布域における21水系24地点（図1）で164検体（1地点につき1～17検体）を採集した。

(2) mtDNA D-loop 分析 サンガーシークエンスによって各検体の mtDNA D-loop の配列を読み取り，ハプロタイプ（配列の種類）を DNaSP ver.5.1（Librado and Rozas, 2009）により特定した。DNA データベース（INSDC）に登録されている大陸産アブラハヤ *R. lagowskii*（登録番号：KR091310, AP009147）の配列を外群として，得られたハプロタイプについて MEGA ver. 10.1.7（Kumar et al., 2018）を用いて最尤法により系統樹を作成し，ハプロ

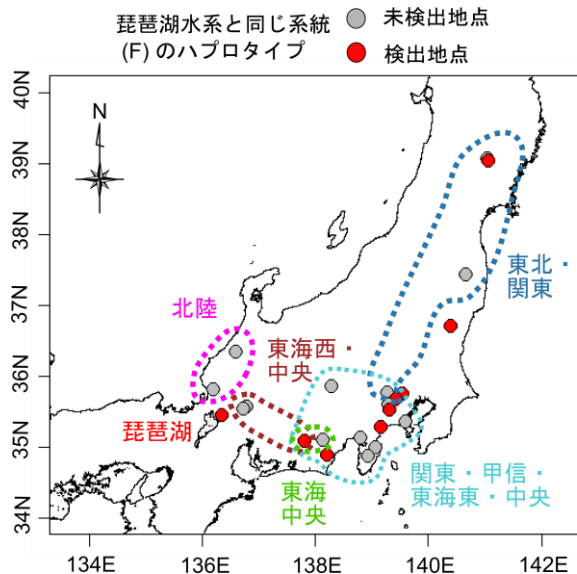


図1 サンプルング地点および各系統が検出された地域

Fig. 1 Sampling sites of *Rhynchocypris lagowskii* specimens and areas where each lineage was detected. These lineages are defined in Figure 2.

\*国立環境研究所 琵琶湖分室 (Lake Biwa Branch Office, NIES), \*\*滋賀県立大学 (The University of Shiga Prefecture), \*\*\*農研機構 本部 (Headquarters, NARO), \*\*\*\*北里大学 (Kitasato University), \*\*\*\*\*農研機構 農村工学研究部門 (Institute for Rural Engineering, NARO)

キーワード：アブラハヤ，移殖，遺伝的集団構造，琵琶湖水系

タイプ間の系統関係を把握した。

### 3. 結果と考察

(1)ハプロタイプの系統関係 59 のハプロタイプが検出され、これらを元に作成した系統樹では、東北・関東 (A)、北陸 (B)、東海中央 (C)、関東・甲信・東海東・中央 (D)、東海西・中央 (E)、琵琶湖水系から東北にかけて (F) の6つの系統に分かれた (図 1, 2)。これらのうち A, B, F は地理的位置から Hassan et al. (2015) および Hassan et al.

(2017) の Group 1-3 に対応するが, C, D, E は本研究により初めて確認された系統であると考えられる。広域に確認された F を除いた 5 つの系統は地理的なまとまりをもつことから、各地域に固有 (在来) の系統であると判断される。

(2)琵琶湖系統 (F) の分布 琵琶湖水系から得られたハプロタイプと同じ系統に属するハプロタイプは広域 (東海, 関東, 東北地方) における 8 水系において確認された (図 1)。これまで琵琶湖産アユの放流が全国的に行われてきたことから (井村, 2013), これらに随伴して非意図的に移殖された可能性がある。

(3)多摩川水系における琵琶湖系統の検出地点 琵琶湖系統は多摩川本流において高い割合であった一方、本流以外の水域 (小河川) では検出されないか、本流に比べて低い割合であることから、本流以外において琵琶湖系統の侵入が進んでいない水域が残されている可能性がある。

### 4. まとめ

東海から関東にかけてアブラハヤの固有の系統が複数存在する一方、琵琶湖系統が全国的に移殖された可能性が明らかとなった。今後、本種の在来系統の存在が認識され、各地域や水系における在来系統の残存状況の把握や保全策が検討されることを期待したい。

【引用文献】 1) Hassan et al. (2015) World Appl. Sci. J., 33: 1079-1088. 2) Hassan et al. (2017) J. Biosci. Agric. Res., 14: 1157-1164. 3) 井村 (2013) 地域漁業研究, 53: 25-45. 4) Kumar et al. (2018) Mol. Biol. Evol., 35: 1547-1549. 5) Librado & Rozas (2009) Bioinformatics, 25: 1451-1452. 6) 中島ほか (2022) 魚雑, J-stage 早期公開版. 7) Nishida et al. (2023) Biogeography, in press. 8) 野生生物調査協会・Envision 環境保全事務所 (2021) <http://jpnrd.com/index.html>.

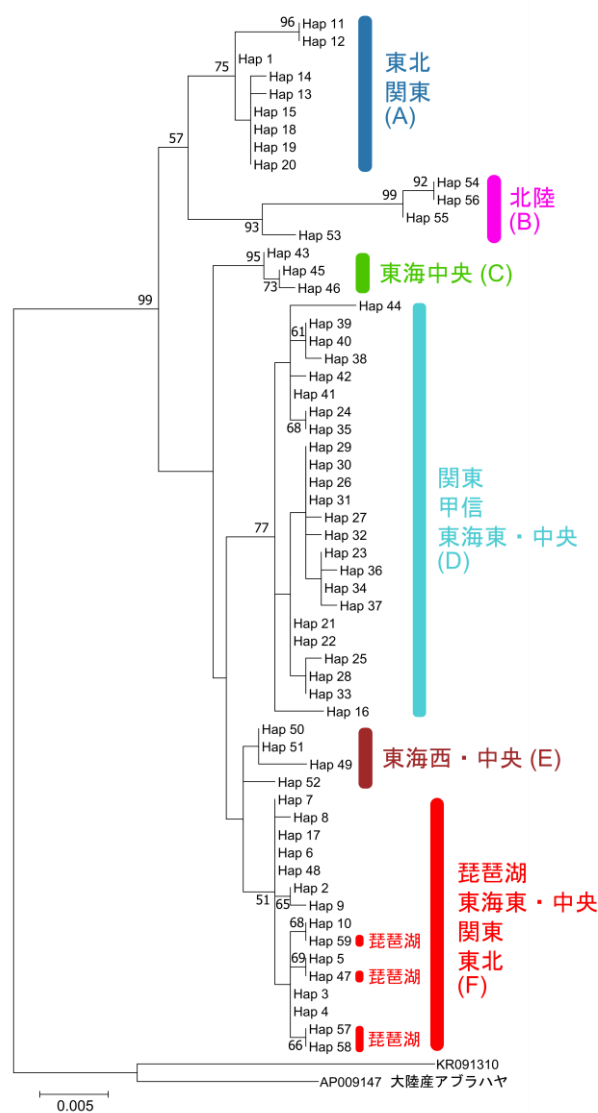


図 2 最尤法により作成したアブラハヤのミトコンドリア DNA D-loop の系統樹 (数字は 50% 以上のブートストラップ確率)

Fig. 2 Maximum likelihood phylogenetic tree constructed from the genetic distance estimated from the mitochondrial DNA D-loop sequence of *Rhynchocypris lagowskii*. Numbers alongside each internal branch indicate bootstrap values  $\geq 50\%$  based on 1000 replications.