

# バラタナゴ属魚類における比較系統地理と保全遺伝に関する研究

著者	三宅 琢也
発行年	2010-03-01
URL	<a href="http://hdl.handle.net/10076/11431">http://hdl.handle.net/10076/11431</a>

所 属 生物圏生命科学 専攻 氏 名 三宅 琢也  
審査委員 古丸 明, 小池 隆, 原田 泰志, 河村 功一  
論文題目 バラタナゴ属魚類における比較系統地理と保全遺伝に関する研究

(要旨本文)

淡水魚類は他の生物と比べ隔離を受けやすく、遺伝的分化が生じやすい特徴を持つ。アメリカ南東部やヨーロッパに分布する淡水魚類は、共通する地理的分布パターンを示すことが明らかとなっており、これらの分布形成には、共通の地史（氷期-間氷期による気候変動など）が大きく関係している。日本においてもこれまでいくつかの魚種で系統地理学的研究が行われているが、系統地理学の到達点とも言える地域生物相の形成過程の解明にまで至る比較系統地理学的研究は極めて少ない状況にある。

本研究では、バラタナゴ属魚類 *Rhodeus* のカゼトゲタナゴ *R. atremius atremius*, スイゲンゼニタナゴ *R. a. suigensis* ならびにニッポンバラタナゴ *R. ocellatus kurumeus* における分布形成過程を系統地理学的手法のアプローチにより解明することを試みた。さらに、カゼトゲタナゴとニッポンバラタナゴが同所的に生息する九州地方において遺伝的分化パターンの比較を行い、分布形成に影響を与えた要因について考察した。また、進化遺伝学的概念から絶滅危惧種の保全を目的とした保全単位を推定する方法が盛んに行われており、系統地理学的研究は保全単位の推定において必要不可欠なものになっている。本研究では、系統地理学的情報を用いて絶滅危惧種であるバラタナゴ属魚類の保全について議論した。

1 バラタナゴ属魚類における比較系統地理

ミトコンドリアDNAのND1領域を用いて、バラタナゴ属魚類の種内系統関係を明らかにした。その結果、カゼトゲタナゴとスイゲンゼニタナゴの2亜種は遺伝的に大きく異なることが示唆され、その分岐年代は鮮新世後期であると推定された。ハプロタイプネットワークにおいて、カゼトゲタナゴは大きく3つのクレード（筑後-矢部系統、遠賀系統、壱岐系統）に分けられたのに対し、スイゲンゼニタナゴは1つのクレードしか確認できなかった。カゼトゲタナゴの各クレードの分布は、高い地域性を示し、遺伝的分化の程度も高く、それらの分岐年代は前期更新世であることが推定された。ニッポンバラタナゴ九州集団は、系統樹から単系統のクレードを形成した。さらに、ニッポンバラタナゴ九州集団は2つの系統（九州中北部系統、遠賀川系統）に分けられ、それらの分岐年代は中期更新世であることが推定された。カゼトゲタナゴとニッポンバラタナゴにおいて、九州地方に共通の地理的分布パターンの存在が示された。2種間に共通して観察された系統地理パターンから、それらの地域は普遍的な地史的イベントの影響を強く受けていることが推察された。遠賀川は周辺を囲む山地により他水系から隔離されている。また、遠賀川が位置する九州北部は地史的にも安定した地域であった。このことから、これらの地域は、バラタナゴ属魚類におけるレフュージア（退避地）であった可能性が高い。

2 スイゲンゼニタナゴとカゼトゲタナゴの保全遺伝

ミトコンドリアDNAとマイクロサテライトマーカを用いて、スイゲンゼニタナゴとカゼトゲタナゴの遺伝的多様性を評価し、保全単位を推定した。マイクロサテライトマーカ7遺伝子座による多型解析の結果、スイゲンゼニタナゴの遺伝的多様性はカゼトゲタナゴと比べ半分以下の値を示した。さらに、スイゲンゼニタナゴはミトコンドリアDNAならびにマイクロサテライトマーカいずれにおいても集団間の遺伝的分化が認められなかった。スイゲンゼニタナゴは集団レベルで遺伝的多様性が低だけでなく、亜種のレベルで遺伝的多様性が低いことが明らかとなった。この事は、スイゲンゼニタナゴの遺伝的多様性が近年の人為的な影響によるものではなく、歴史的なボトルネックが影響している可能性が示唆された。保全単位の推定において、スイゲンゼニタナゴはいずれの遺伝子マーカでも1系統の存在が示された。それに対してカゼトゲタナゴには、遺伝的に異なる3系統（筑後-矢部系統、遠賀系統、壱岐系統）が識別された。複数の遺伝子マーカを用いた系統の一致は、適切な保全単位を示していると考えられる。この事か

ら、スイゲンゼニタナゴとカゼトゲタナゴ遺伝的管理は、それらの系統を考慮した保全計画が必要であると考えられる。

### 3 ニッポンバラタナゴ九州集団の保全遺伝

ニッポンバラタナゴは、亜種であるタイリクバラタナゴ *R. o. ocellatus* との交雑により本州・四国の集団は絶滅の危機にある。ニッポンバラタナゴ九州集団においても、タイリクバラタナゴとの交雑が進んでおり、九州中北部の一部の河川を残すのみとなった。この事から、ニッポンバラタナゴの遺伝的特徴の把握は必要不可欠であり、ミトコンドリアDNAとマイクロサテライトマーカーを用いた保全単位の推定を行った。ニッポンバラタナゴ九州集団の遺伝的多様性は、集団間で大きな差はなく、ニッポンバラタナゴ本州集団と比べ遺伝的多様性は2倍以上の値を示した。この理由として、本州集団が小規模な隔離水域に生息するのに対し、九州集団は、農業水路などの開放水域に生息することが考えられた。九州集団はマイクロサテライト系統樹において、九州中北部系統と遠賀川系統に2分し、さらに、九州中北部系統は明らかに異なる2系統に細分された。これは、九州中北部系統の2系統が異なる管理単位として保全していく必要があることを示している。これらの事からニッポンバラタナゴ九州集団には3つの保全単位が存在すると考えられる。