

ためには、このような地理的分化の情報は不可欠である。また、もし、純淡水魚資源が減少し、その種の個体群を維持するために移植放流を視野に入れなければならなくなった場合、地理的分化の情報は非常に重要となる。したがって、今の段階でそれらの純淡水魚の地理的分化の状況を把握し、適切な放流指針を構築しておくことが、重要な課題といえる。

高知県周辺を中心とした西日本の淡水魚の地理的分化： 純淡水魚の地理的分化の実例として、商業的価値がないがゆえにおそらく過去に移植放流が行われた可能性の低いいくつかの種（タカハヤ、カワムツ、ウグイ、ドンコ、アカザなど）について、ここではミトコンドリア DNA 多型およびアロザイム多型に関する情報を紹介する。そこからわかってきたことは、四国山脈の形成過程に由来する河川争奪の影響で、高知県およびその周辺河川の淡水魚の集団構造はそれほど単純な構造をしていないということである。その集団構造のパターンとしては大きく3つに分かれる。つまり、(1) 若干の河川争奪の影響はあるものの、四国山脈を境にして大きく2つのグループに分かれる種(カワムツ、ドンコ)、(2)四国山脈を境におおまかには2つに分れるが、一部、河川争奪の影響によって、近傍河川であってもまったく遺伝的に異なる個体群が存在する種(アカザ)、あるいは、(3)同一河川でありながら遺伝的に大きく異なる集団が上流域と中下流域に存在する種(タカハヤ、ウグイ)も存在する。このような違いは、おそらくその魚の進化の歴史、生息場所、生息個体数などが強く影響しているものと考えられる。

このような魚種による地理的分化の大きな違いは、特定の生物を指標として移植放流の指針を作ることの危険性を示すものもといえる。今必要なのは、なるべく多くの魚類において地理的分化の情報を蓄積し、「河川間の遺伝的近縁度」といったものを把握すること、そして、現段階では、同一種内であっても遺伝的に異なる集団を形成する、そしてその関係は地理的距離とは必ずしも一致しないということ認識し、「近くの川であれば同一種の移植放流はかまわない。」という誤った認識を捨てることであるといえる。

ミトコンドリアおよびマイクロサテライト DNA マーカーによる

アサリ集団の遺伝的多様性評価の現状と問題点

浜口 昌巳

独立行政法人水産総合研究センター・瀬戸内海区水産研究所

アサリ資源の現状： アサリの国内での生産量は 1986 年をピークとして減少に転じ、その後、国内の需要量 10 万トン以下となっている。そのため、需要の不

足分を補うために北朝鮮、中国、韓国から外国産アサリが大量に輸入され、その一部は干潟に放流されている。それによって生じる問題は、浜口他（2003）大越（2004）、浜口・大越（2005）で報告されている。加えて、アサリ資源の減少により、加工品を中心にアサリではない二枚貝を使用したにもかかわらず、“アサリ”と表示する事例も増加した。そのため、JAS法が改正され、食品の原材料並びに産地表示が厳格化されるとともに、偽装表示を調べるためのツールの開発が急務となった。そこで、農林水産省では「魚介類の原材料表示のための産地判別技術の開発」や「輸入アサリの偽装表示対策技術開発」等のプロジェクト研究を実施してきた。その成果は水産学シリーズ 149 等に紹介されている。このようなプロジェクトにより、アサリでも遺伝子解析による原材料並びに産地判別技術開発が進められた。一般に、原材料判別に必要な種判別マーカーはミトコンドリアの複数の領域でも可能であるが、近接する個体群間の関係を調べ、識別するための遺伝子マーカーとしては、ミトコンドリア DNA の D ループ領域ハプロタイプ多型およびマイクロサテライト DNA 多型が有用であるとされている。なかでも、核 DNA マーカーの場合、平均アレル数、平均ヘテロ接合体率、集団間の遺伝的分化指数 (G_{st}) および集団間の遺伝的距離 (D)、固定指数 ($F=1-H \cdot H$) などの遺伝的多様性レベルの評価指標が得られる。これらの多様性指標によって、個体変異レベルの定量、種内の集団構造と分化レベルの推定、集団の近交係数と個体レベルの同祖接合性などが推定され、外国産アサリの放流などによる遺伝的攪乱の実態把握の解明においても効果を発揮する。しかし、アサリではミトコンドリア DNA の全長配列は DNA データベース上にあったが、D-loop に該当する領域の特定は行われていなかった。また、アサリでは使用可能なマイクロサテライト DNA マーカーは報告されていなかった。そこで、当研究室では赤潮環境部・長井 敏主任研究員の協力を得てアサリに適用可能なこれら二つの DNA マーカーの開発を行った。

アサリミトコンドリア DNA 全長解析の問題点：既存の DNA データベースには既にアサリのミトコンドリア DNA の全長解析結果があったので、国内産、中国産、北朝鮮産、韓国産アサリの DNA 全長解析を実施した。しかし、アサリのミトコンドリア DNA は全長 22.7kbp と長く、また一部の領域には著しい塩基の偏りがあり解析は困難であった。また、いくつかの遺伝子領域で重複様モチーフが見られた。しかし、この解析により、これらの地域のアサリは大きく二つのグループ（中国系と日本系）に分かれることが明らかとなった。これら 2 系についてはミトコンドリアの COII 領域内であらゆる加工食品に適用可能な PCR 産物が 300bp 程度の識別用 PCR-RFLP の系を構築した。この方法では同時に種判別も可能であり、食品原材料判別に活用可能であった。また、国内外のアサリ個体群の解析により、日本系は中国・青島等に見られるほか、朝鮮半島韓国・仁川以南および朝鮮半島日本海側、日本全国に分布していることが明らかとなった。これらの同系集団内では SNP 程度の置換が見られるものの簡単な解析に使用可能な塩基置換が見つからず、より高精度な DNA マーカーが必要となった。アサリマイクロサテライトマーカーの開発：前述のミトコンドリア DNA の解析

により、輸入される外国産アサリは二系に別れることが明らかとなったが、日本系の分布は広く、正確な産地判別を行うためにはその内部での個体群構造の解明が必要と考えられた。そこで、Dual suppression 法を用いてアサリのマイクロサテライトマーカーの開発を行った結果、9つのマーカーが特定された (Yasuda et al 2007)。現在、福山大学・谷口順彦教授の指導のもと、今年度のプロジェクト研究で新たなマイクロサテライトマーカーの開発を行っており、今後、家系解析等によるアサリ個体群間の関係を明らかにし、外国産種苗放流の影響やメタ個体群理論に基づくアサリ資源の再生策に活用する予定である。

ヨシノボリの遺伝的多様性と保全に関する問題

大原 健一

岐阜県河川環境研究所

絶滅危惧種の保全と遺伝的多様性： 遺伝的多様性は、あらゆる個体群が環境変化に対応する上で、重要な役割を果たしていると考えられている。特に、隔離された小さな個体群は、遺伝的多様性が急激に消失することが知られている。集団が小さくなると、近交弱勢や進化的適応力の低下を招き、絶滅の危険性が高まる。

一方で、絶滅危惧種の保全単位は、ESU (Evolutionarily Significant Unit) を基本とすることが望ましいとされている。しかし、当然のことながら ESU の設定範囲は生物種によって異なっている。そのため、島嶼域に生息する純淡水魚では、ESU の設定が島ごと、あるいは河川ごとになる可能性もある。ここでは、絶滅危惧種である、ヨシノボリ類の集団遺伝学的解析から、島嶼域に生息する純淡水魚の保全のあり方について議論する。

キバラヨシノボリの生態および現状： キバラヨシノボリ (*Rhinogobius* sp., YB) は琉球列島に固有に生息する、河川陸封型のヨシノボリである。キバラヨシノボリの卵は両側回遊型のヨシノボリよりも大きく、カワヨシノボリよりもやや小さい。また、クロヨシノボリ (両側回遊型) を起源とし、その陸封によって種形成がなされたとされている。キバラヨシノボリは、高塩分条件下での生残率がきわめて低く、海域を通して隣接する河川へ分散する可能性が低いことが示唆されている。また、生息するいくつかの河川では個体数の減少が認められ、環境省のレッドリストでは、絶滅危惧 I B 類に位置づけている。キバラヨシノボリは、河川陸封性であり、且つ、両側回遊型種を起源としており、その ESU の設定は今後の保全のための重要な情報となる。これらの現状を踏まえ、キバラヨシノボリ個体群の遺伝的多様性および遺伝的分化の程度についてマイクロサテライト DNA 多型およびミトコンドリア DNA 多型により評価した。