

ヤマメおよびアマゴの遺伝的關係に関する研究

- 田中祐介 (日大生物資源)・勝呂尚之 (神奈川水試)
楠田聡 (道孵化場)・坪井潤一 (山梨水試)
田口智也・稲野俊直 (宮崎水試)
糸井史朗・杉田治男 (日大生物資源)

【目的】ヤマメおよびアマゴは、生活様式および外部形態が酷似するが、体側の朱点の有無および生息域の違いにより判別される。しかし、両亜種とも無秩序な放流により、遺伝的攪乱が起きている。本研究では、ヤマメおよびアマゴの遺伝的關係を明らかにすることを目的に、出自の明らかな個体群を対象に系統解析を行った。

【方法】ヤマメは多摩川水系由来 ($n=10$)、一ツ瀬川水系由来 ($n=5$) の養殖魚および相模川水系の個体群 ($n=5$) を、アマゴは飛騨川水系由来の養殖魚 ($n=5$) および富士川水系の個体群 ($n=9$) のアマゴを試料とした。また、両亜種の間接の外見的特徴をもつ酒匂川水系の個体群 ($n=8$)、ヤマメおよびアマゴの人工交雑個体 ($n=5$) も分析対象とした。これら試料を RAPD 法に供するとともに、mtDNA および核ゲノムコード遺伝子を対象とする系統解析を行った。

【結果】既報の RAPD 法ではその塩基配列が未決定であったヤマメおよびアマゴにそれぞれ特異的とされるバンドの決定を試みた結果、ヤマメに特異的な約 1,050 bp の増幅断片は *TIP41*、アマゴに特異的な約 1,500 bp のそれは *HoxD13aa* をコードすることが示唆された。これら遺伝子の増幅配列内では、ヤマメおよびアマゴ間で塩基配列に違いはみられなかった。*Cyrb* の 1,148 bp および *ND4* の 678 bp を分析した結果、両遺伝子ともに少なくとも 9 種類のハプロタイプが検出されたが、それぞれの亜種のいずれの遺伝子でも既報のハプロタイプは検出されなかった。系統解析を行った結果、両遺伝子ともに同様のクラスタパターンを形成した。また、パーマークおよび朱斑型における判別結果と系統解析の結果は、必ずしも対応しなかった。 β -*F₁-ATPase* におけるイントロン部分中の約 1,000 bp を分析した結果、個体によっては部分的な塩基の欠損が認められた。塩基の欠損は両亜種間の差ではなく、それぞれの亜種内でも認められた。また、塩基の欠損はハイブリッド個体に多く認められた。