

絶滅危惧種シロヒレタビラの遺伝的な地域差から 人為的に持ち込まれた新証拠が判明

概要

- 日本列島に生息する絶滅危惧種の淡水魚類・シロヒレタビラ(写真)について、その適切な保全活動を促進するために、自然分布域全体の系統地理学的パターンと遺伝的個体群構造を理解することが重要
- 本研究では国内の自然分布域を網羅する採集地点の個体群から、主に遺伝的に3つの系統を確認。さらに、集団構造解析(SAMOVA)から瀬戸内海集水域の1つの系統内に、5つの遺伝的分化グループがあることを発見
- 遺伝的な地域差は、古水系の消失、山地の隆起や海域の拡大などによる隔離が原因と考えられるが、四国吉野川の水系の個体群が、瀬戸内海を越えた琵琶湖・淀川水系の個体群とハプロタイプ(今回の場合ミトコンドリアDNAの遺伝子型)を持つことを明らかにし、人為的移入が示唆された



写真 淀川水系で採集されたシロヒレタビラ
(撮影：川瀬成吾)

詳細

龍谷大学 生物多様性科学研究センターの伊藤玄 客員研究員と岐阜大学教育学部の古屋康則教授、三重県総合博物館の北村淳一 学芸員、滋賀県立琵琶湖博物館の川瀬成吾 学芸員・田畑諒一 学芸員、NPO 法人流域環境保全ネットワーク研究員らの研究グループは、ミトコンドリアDNA解析から、シロヒレタビラの国内の自然分布範囲にわたる系統地理および遺伝的集団構造を推定し、その分布パターンの要因に迫る研究成果を Nature Conservation 誌 (Pensoft Publishers 社) にて公表しました。

本研究では、シロヒレタビラの遺伝的集団構造を、ミトコンドリアDNAのシトクロムb領域に基づいて解析したところ、既存研究で明らかとなっている3つの系統の存在を確認しました。さらに、遺伝的分化グループを探索する集団構造解析(SAMOVA)を用いて、瀬戸内海集水域の個体群を隣接する5つの遺伝的分化グループを発見。瀬戸内海集水域の個体群は、分岐年代推定から最終氷期に単一の古水系を通じて移動し、その後の海進によって分離され、遺伝的に分化したと考えられました。吉野川水系の個体群は、瀬戸内海を越えた琵琶湖・淀川水系と同じグループに属していることから、非自然個体群、つまり人為的移入によるものであると考えられました。

また、2004年から「世界淡水魚園水族館 アクア・トトぎふ」で飼育している個体群の解析を行ったところ、伊勢湾集水域に固有のものと考えられる系統IIと推定。現在、伊勢湾集水域では、在来個体群の生息地すべてに系統Iの外来個体群が人為的に移入されていることから、同館の飼育個体群は遺

