

学位論文審査の結果の要旨

氏名	沖野 友祐
審査委員	主査 關 伸吾 副査 池島 耕 副査 高木 基裕 副査 今城 雅之 副査 松本 由樹

論文名

日本のタカハヤの遺伝的集団構造と分布域形成史および国内外来魚の由来

審査結果の要旨

本研究は、商業的には重要ではない純淡水魚タカハヤの遺伝的集団構造を把握することで日本産淡水魚類の分布域形成史を把握し、日本産の淡水魚類の保全に関わる情報の蓄積を目指している。このような情報の蓄積は、放流事業などが行われておらず本来の在来集団の集団構造を維持していると考えられるタカハヤのような魚種を“遺伝マーカー”として活用することが重要であり、そのような集団構造の把握が、アマゴやイワナなど商業的に重要と思われる魚類の本来の集団構造を把握するための一助となる可能性がある。そのような観点から、本研究は進められた。研究の課題は、以下の3つに分けられる。(1) 日本のタカハヤの遺伝的集団構造と分布域形成史、(2) 伊豆半島周辺のタカハヤの遺伝的集団構造からみた自然分布域の東限の推定、(3) 多摩川と山形県の諸河川に生息するタカハヤ(国内外来種)の由来の判定、これらの3つの課題である。(1)において本研究の主課題である“分布形成史”の把握し、(2)においては(1)の分布形成史を参考にすることで、太平洋岸における本来のタカハヤ分布域の推定を行おうとしている。そして(3)では国内外来種として分布するタカハヤの実情の把握を行う。このような研究は、保全遺伝学の分野としても重要な課題といえる。次にそれらの内容について説明する。

(1) 日本のタカハヤの遺伝的集団構造と分布域形成史

タカハヤは西日本を中心に東日本の一部まで広く分布する純淡水魚である。本研究では、68 河川 71 標本群 499 個体について、ミトコンドリア DNA cytochrome *b* 領域の一部(506bp)のシーケンス解析を行い、全体として 187 種類のハプロタイプをえた。標本群間の遺伝的分化の程度を表す F_{ST} は平均 0.846 となり、野生集団で遺伝分化が大きいとされる $F_{ST}=0.25$ の値を大きく上回った。遺伝的には、全体として“西瀬戸・九州・中国地方”“高知”“東四国・近畿”“三重・静岡”“九頭竜川”“琵琶湖・多摩川・山形”7つのグループに分けられることが明らかとなった。なお、“西瀬戸・九州・中国地方”グループについては地理的にハプロタイプ群の偏りがみられ、その地理的な偏りに配慮すれば、“西瀬戸・九州・中国地方”グループは5つの分集団に分かれた。分子時計(cytochrome *b* 領域では 100 万年あたり 1.52%の置換率)を用いて各グループの分岐年代を推定したところ、各グループの境界に位置する諸山脈(四国山脈、中国山脈、紀伊山地、鈴鹿山脈、赤石山

脈)の隆起年代と各グループ間の分岐年代がほぼ一致し、各グループの遺伝的分化は地史の影響を強く受けていることが示唆された。四国に注目すると、四国では東西で大きく遺伝的に異なるとともに、土佐湾に流入する河川を中心に四国南部は“高知”グループを形成していた。一方、四国西部の四万十川は“西瀬戸・九州・中国地方”に含まれ、近傍河川である肱川などとの間で生じた、過去の河川争奪の歴史の痕跡を残していると考えられた。このことは、河川上流部に主に生息しているタカハヤを用いれば、河川争奪の歴史を把握する指標としても有効であることを示唆していた。

(2) 伊豆半島周辺のタカハヤの遺伝的集団構造からみた自然分布域の東限

タカハヤの集団構造をみていく中で生じたもう1つの課題は、現在タカハヤの分布域は曖昧で正確な分布域東限がよくわかっていない点である。タカハヤ属の魚類としては東日本がアブラハヤの分布域となっており、中部・近畿・東中国までの本州がタカハヤとアブラハヤの分布重複域となっている。タカハヤは東京都の多摩川でも生息が確認されているが、これは国内外来種といわれており、静岡県の東、伊豆半島周辺がタカハヤの分布の東限と推察されているが、その正確な位置はわかっていない。そこで、今回タカハヤの正確な自然分布域の把握のため、伊豆半島周辺の9河川9標本群61個体のシーケンス解析を行った。その結果20種類のハプロタイプがえられた。9標本群は大きく2つのグループに分けられ、その結果から、静岡県の興津川がタカハヤの分布の東限であり、それよりも東、伊豆半島周辺以東で確認されているタカハヤは琵琶湖からの国内外来種の可能性が高いことが示唆された。

(3) 多摩川と山形県の諸河川に生息するタカハヤ(国内外来種)の由来

本来の分布域からは外れている東京都多摩川と山形県の2河川(赤川、五十川)で確認されているタカハヤについて、その国内外来種としての由来の判定を行った。侵入経路の可能性が高い琵琶湖8河川8標本群を含めた14河川14標本群138個体のシーケンス解析から、29種類のハプロタイプがえられた。まず、琵琶湖の8標本群の解析結果から、琵琶湖では東側(4標本群)と西側(4標本群)に流入する河川では遺伝的にはかなり異なることが明らかにされた。また、多摩川、山形県2河川については、ともに琵琶湖の東側に流入する河川の集団に由来する国内外来種であることが示唆された。同じ淀川水系である琵琶湖の東側流入河川と西側流入河川が遺伝的に異なる集団であるという事実も、今回初めて分かったことである。

本論文に関する公開審査会は、令和5年2月5日に愛媛大学農学部で開催され、論文発表と質疑応答が行われた。引き続いて行われた学位論文審査委員会で、本論文の内容を慎重に審議した結果、審査委員全員一致して博士(農学)の学位を授与するものと判定した。