

## 水生昆虫や水生生物の DNA から探る遺伝的な多様性

林 成多 (ホシザキ野生生物研究所)

水生生物の遺伝的集団の分布や系統関係を解明するため、核 DNA やミトコンドリア DNA の塩基配列を分析する方法は、多くの研究で利用されるようになっていく。特に形態に違いのない同種内の変異を調べる場合、ミトコンドリア DNA が用いられることが多い。移動能力の低い生物では、特定の地域内においても違いが見つかることがある。

島根県は東西に長く、隠岐諸島もあることから、水生生物の DNA を調べる上で有望なフィールドである。特に隠岐と本土では、同じ種が分布していても遺伝的な違いがある可能性がある。また、地域内の DNA の多様性を把握しておくことは、保全をする上でも重要な知見となる。

今回の報告では、その例をいくつかの水生生物で紹介する。具体的には、マルガムシ（水生昆虫）とミナミメダカ、ドジョウ、止水性サンショウウオ（旧カスミサンショウウオ）である。

マルガムシは、先行研究が無かったので、日本各地の個体について、分析を行った。その結果、日本国内で3つの系統があることが確認された。隠岐と本土の間では大きな違いはなかったが、固有のハプロタイプ（DNA の型）が存在する可能性がある。

ドジョウは、先行研究があり、全国的に系統がすでに解明されている（Morishima ほか、2008）。雲南市大東町を中心に水田などに生息する個体を分析し、先行研究と比較したところ、初めて確認されたハプロタイプが複数あることが判った。また、水田ごとにハプロタイプの出現状況に違いがあり、ドジョウが越冬出来る水田が多いことと関係していると考えられる。

ミナミメダカは、先行研究があり、全国的に系統がすでに解明されている（Takehana ほか、2003）。ふるさと尺の内公園（木次）の池に生息する個体を分析し、先行研究と比較したところ、一部でヒメダカ由来の DNA が検出された。分析した個体の体色は通常のミナミメダカであったことから、過去に放流されたヒメダカの DNA が浸透し、残存していたと考えられる。

島根県にはカスミサンショウウオが分布するとされていたが、分類学的な再検討が行われ、複数種に分けられている（Matsui ほか、2017）。島根県東部での分布状況を確認するため、分析を行い、先行研究と比較を行った。