

# 多摩川流域に生息する魚類の遺伝子情報に基づく 水域ネットワークの保全計画に関する研究

2010年

西田 一也

(独) 農業・食品産業技術総合研究機構 農村工学研究所 (日本学術振興会  
特別研究員 PD), 前東京農工大学農学部

**共同研究者:** 佐藤 俊幸 (東京農工大学大学院共生科学技術研究院)  
千賀 裕太郎 (東京農工大学大学院共生科学技術研究院)  
皆川 明子 ((独) 農業・食品産業技術総合研究機構 農村工学研  
究所)  
満尾 世志人 (東京農工大学農学府・農学部)  
大平 充 (東京農工大学大学院連合農学研究科)



多摩川流域に生息する魚類の遺伝子情報に基づく  
水域ネットワークの保全計画に関する研究

2010 年

西田 一也



## 目次

第1章	はじめに	1
1-1	研究の背景と目的	1
1-2	本調査・試験研究と既往研究との関連	2
1-3	本報告書の構成	3
1-4	調査・研究の体制	3
1-5	調査期間	3
1-6	成果発表	4
第2章		5
2-1	研究課題	5
2-2	研究方法	5
2-3	結果と考察	10
2-4	まとめ	21
第3章		23
3-1	研究課題	23
3-2	研究方法	23
3-3	結果と考察	23
3-4	まとめ	28
第4章	総括	30
4-1	研究の成果	30
4-2	今後の課題	30

## 引用文献

## 謝辞



# 第1章

## はじめに





## 第 1 章 はじめに

### 1-1 研究の背景と目的

多摩川流域に生息する魚類について遺伝子解析を行うことで、1) 近縁外来魚の逸出および交雑実態の把握を行い、2) 魚種別の個体群間の移出入実態の推定および各個体群の遺伝的多様性の把握を行う。これらの遺伝子情報と魚類の分布情報に基づいて、多摩川流域における水域ネットワークのあり方について考察する。具体的には以下の 2 点である。

#### (1) 外来魚類の逸出および交雑実態の把握

申請者らが参加した多摩川流域の農業水路における調査では、ドジョウ *Misgurnus anguillicaudatus* と近縁の国外外来魚であると考えられているカラドジョウ *Paramisgurnus dabryanus* が目視確認されている。また申請者らが 2001 年から現在まで魚類調査を行っている国立市の府中用水において、アブラハヤ *Phoxinus logowskii steindachneri* と近縁で国内外来魚であるタカハヤ *Phoxinus oxycephalus jouyi* が目視確認されており、さらにアブラハヤとタカハヤとの交雑の可能性が疑わしい体型・体色の個体も確認されている。しかし、これらについての遺伝的な裏付けが行われていない。なお、アブラハヤとタカハヤについては、既に他の流域において交雑が起きている可能性が報告されており（樋口・渡辺，2005）、多摩川流域においても交雑が起きている可能性がある。したがって、本研究では、多摩川流域における複数の生息地において、カラドジョウ、タカハヤの逸出実態と、交雑の有無の可能性について、遺伝子解析を行うことによって把握する。

#### (2) 遺伝的構造・多様性の解析による個体群構造・移出入実態の推定

生物は複数の生息適地にパッチ上に局所個体群を形成し、それら生息適地の間を個体が移出入していることが多い。このことを「メタ個体群」といい、その時間的・空間的変動をメタ個体群動態という（Levins, 1969；鷺谷・矢原，1996）。局所個体群の絶滅は通常非同期に起こるため、「メタ個体群構造」をなしていれば、生物の長期的存続が可能であると考えられている。よって、生物の保全のためにはメタ個体群構造を把握して、その構造の保全方法を検討する必要がある。このメタ個体群構造の把握には、生物の分布情報とあわせて遺伝子情報を用いる場合が多い。

都市近郊地域に位置する多摩川流域においては、大面積の生息適地を保全することは困難であり、複数の生息適地のネットワークを保全し「メタ個体群構造」を維持することによる生物の保全を検討する必要があると考えられる。そのため、当該地域において「メタ個体群構造」を明らかにすることが必要である。

以上のことから、本研究では遺伝子解析によって得られる遺伝的分化指数（ $F_{st}$ ）と各

個体群間の位置および分断との関係や、局所個体群間の遺伝子型の差を把握することによって、多摩川流域内における魚類の遺伝的構造を把握する。これらと多摩川流域における魚類の分布実態を総合して、当該流域における魚類の個体群構造および移出入実態の推定を行う。

なお、多くの生物では前述のメタ個体群構造が保たれていることによって、各局所個体群の遺伝的多様性は維持されていると考えられている。しかし、水域ネットワークの分断の分断が生じ、局所個体群間において移出入が不可能になることや、個体群サイズの縮小によって、遺伝的多様性は低下すると考えられている。この遺伝的多様性の低下は、局所個体群の絶滅をもたらす要因の一つであると考えられており、遺伝的多様性およびそれに影響を及ぼしている要因を把握し、遺伝的多様性の保全を検討する必要がある。したがって、本研究では各局所個体群の遺伝的多様性を把握し、水域ネットワークとの関係について考察する。

## 1-2 本調査・試験研究と既往研究との関連

### (1) 既往の研究との関連

メダカ *Oryzias latipes* のような象徴種では、国内における遺伝的構造が明らかにされているが（例えば Takehana et al., 2003）、多くの淡水魚において明らかではない。例えば、ドジョウとされる種について、小出水ら（2009）は遺伝的に非常に変異に富んでいることを明らかにしている。また、関東地方に分布するタモロコ *Gnathopogon elongatus elongatus* は、農業水路に多くみられる魚類であるが、移植したものが定着したとの見解と自然分布であるとの見解とがあるが（細谷, 2001）、遺伝的な裏付けは行われていない。以上のように、一般的によく見られる魚種であっても遺伝的情報が欠如している。したがって、遺伝子な状態を把握することにより在来・外来魚の生息状況を明らかにすることで、在来魚の遺伝的構造・多様性の保全、外来魚の駆除、侵入の予防、拡散の阻止に役立てる必要がある。

また、片野（1998）は、河川と複数の農業水路がそれぞれ魚類の局所個体群の生息場となっており、その両方を利用することによりメタ個体群構造を保っていたが、近年の農業地帯の改変によって存続の危機に陥っていると論じている。しかし、具体的な研究例は少なく、近年に谷津水路間においてドジョウ（小出水ら, 2006）とホトケドジョウ *Lefua echigonia*（小出水ら, 2008）について、遺伝的な類縁関係を示した以外には極めて少なく、流域スケールでの個体群構造を明らかにした研究は行われてこなかった。したがって、流域スケールにおける個体群構造や種供給システムを明らかにし、それらを損なわないような保全策を検討する必要がある。

## (2) 既往の助成研究との関連

筆者らが分担して行った「多摩川に接続する農業水路の魚類の生息状況とそれを規定する要因について」(No. 248, 代表: 千賀裕太郎, 2002~2004年)では, 多摩川と接続する農業水路においては, ドジョウ, フナ属 *Carassius* spp., タモロコが繁殖の場である水田付近に局所的に分布することが明らかになった. この研究によって, ドジョウ等の魚類については, 流域内における個体群の位置を明らかにできた. よって, 本研究で行う遺伝的構造の解析による局所個体群間の移出入実態の推定や各局所個体群の遺伝的多様性を解明することが可能となった.

また, 「多摩川の河川敷環境がコリドーとして山間部と市街地に孤立したアカネズミ個体群をつないでいる可能性に関する保全遺伝生態学的研究」(No. 255, 代表: 小原嘉明, 2003~2005年)では, 多摩川河川敷の緑地によって連続している生息地と市街化によって分断した生息地におけるアカネズミの遺伝的多様性を解析した. その結果, 河川敷の緑地によって連続している生息地のアカネズミでは, 遺伝的多様性が保たれていることが明らかになった. また, 「多摩川流域に生息する蝶類の遺伝的多様性とその保護に関する研究」(No. 205, 代表: 小原嘉明, 1995~1998年)では, モンシロチョウおよびオオムラサキの遺伝的多様性を解析した. その結果, モンシロチョウはオオムラサキに比べ遺伝的に多様であることが示唆された. 一方, オオムラサキは遺伝的多様性の観点からも, より絶滅の危険性の高い種である可能性を指摘した. これらの研究では, 陸域のみが対象であったため, 多摩川本流やそれに流入する支流および農業水路が持つ水域ネットワークの機能や, それらが堰や落差工によって分断されたことが魚類の移出入や遺伝的多様性に及ぼす影響について把握する必要がある.

## 1-3 本報告書の構成

### 第1章 はじめに

### 第2章 近縁外来魚(タカハヤ・カラドジョウ)の逸出実態の把握

### 第3章 アブラハヤ, ドジョウ, ホトケドジョウの遺伝的構造・多様性の把握

### 第4章 総括

## 1-4 調査・研究の体制

本調査・研究は以下のような体制で行われた。

- ・研究代表者(現地サンプリング・遺伝子解析・研究総括・報告書作成を担当)

西田一也((独)農業・食品産業技術総合研機構 農村工学研究所(日本学術振興会特

別研究員 PD), 前東京農工大学農学部)

・研究分担者 (現地サンプリング・遺伝子解析・水域ネットワーク調査を担当)

佐藤俊幸 (東京農工大学大学院共生科学技術研究院)

千賀裕太郎 (東京農工大学大学院共生科学技術研究院)

皆川明子 ((独) 農業・食品産業技術総合研究機構 農村工学研究所)

満尾世志人 (東京農工大学農学部・農学府)

大平充 (東京農工大学大学院連合農学研究科)

#### 1-5 調査期間

本研究は 2008 年 4 月～2010 年 3 月の 2 年間 (財)とうきゅう環境浄化財団の助成を受け、2010 年 4 月に研究成果を取りまとめた。

#### 1-6 成果発表

本研究の成果は、2010 年 4 月時点までに以下のように発表した。

1) NISHIDA Kazuya, SATO Toshiyuki, SENGA Yutaro (2009) The distribution and establishment of the domestic alien species, *Phoxinus oxycephalus jouyi*, in the Tamagawa basin, The International Day for Biological Diversity Symposium 2009, Tokyo, 124-125.

2) 西田一也・佐藤俊幸・千賀裕太郎 (2009) 多摩川流域における国内外来種タカハヤの分布と定着—mtDNA 解析によるアブラハヤとの判別結果から—, 平成 21 年度農業農村工学会大会講演要旨集, 774-775.

## 第2章

# 近縁外来魚（タカハヤ・カラドジョウ） の逸出実態の把握



## 2-1 研究課題

わが国ではアユ等の放流に混じってオイカワ、カワムツ等が他流域へ移入しており（村上・鷺谷，2002；佐久間・宮本，2005），河川から農業水路などの周辺水域への移入も報告されているが（守山ら，2006），これら外来魚の分布・定着実態に関する研究は少ない．本章では，DNA データベース上の既知の塩基配列と比較することで，多摩川流域における国内外来種タカハヤと在来種アブラハヤおよび国外外来種カラドジョウと在来種ドジョウとの分布を決定し，タカハヤ・カラドジョウの分布・定着状況の解明を試みた．また，ホトケドジョウについても国内における既知の塩基配列と比較し，在来個体群であることの確認を行った．

## 2-2 研究方法

### (1) サンプルング

#### 1) アブラハヤ・タカハヤ

本流域において，アブラハヤは中上流に多く生息する．タカハヤは静岡県・富山県以西の河川中上流域に生息する魚類である（板井，2001）．サンプルングは2008年10月から2009年10月にかけて19地点で行い，計266個体を解析に供した（図1-1）．T1～9は多摩川本流および浅川である．なお，T3，4は伏流水の湧出するワンドに位置する．I1，2は多摩川へ流入する支流に位置し，多摩川との間に数～数十基の落差工が存在しているため，多摩川からの移入が不可能である．C1～7は，多摩川から取水する水路か，あるいは水路と接続する小河川に位置するため，多摩川から魚類が移入することが可能である．C8は多摩川に流入する小河川に位置し，多摩川との間に落差がないため，移入が可能である．

C2，3は崖線から湧出する湧水を水源とする小河川に位置する．C6は多摩川へ流入する支流に位置し，多摩川との間に落差が存在しないため，移入が可能である．

#### 2) ドジョウ・カラドジョウ

本流域において，ドジョウは主に農業水路の水田周辺に生息する（西田・千賀，2004）．サンプルングはアブラハヤ・タカハヤと同様の期間に10地点で行い，計166個体を解析に供した（図1-2）．F1～8は多摩川，浅川，秋川から取水する低平地の農業水路に，Y1，2は多摩丘陵の谷津に存在する農業水路である．

低平地の水路は堰によって取水しているため，魚類は河川から降下して移入することが可能である．ただし排水部では河川との間には落差があるため，魚類が溯上して移入することは不可能である．谷津の水路は流入河川（大栗川）との間に大きな落差が存在しているため，魚類が他水域から移入することは不可能である．

#### 3) ホトケドジョウ

本流域において，ホトケドジョウは谷津，湧水を水源とする小河川やワンドに生息する．

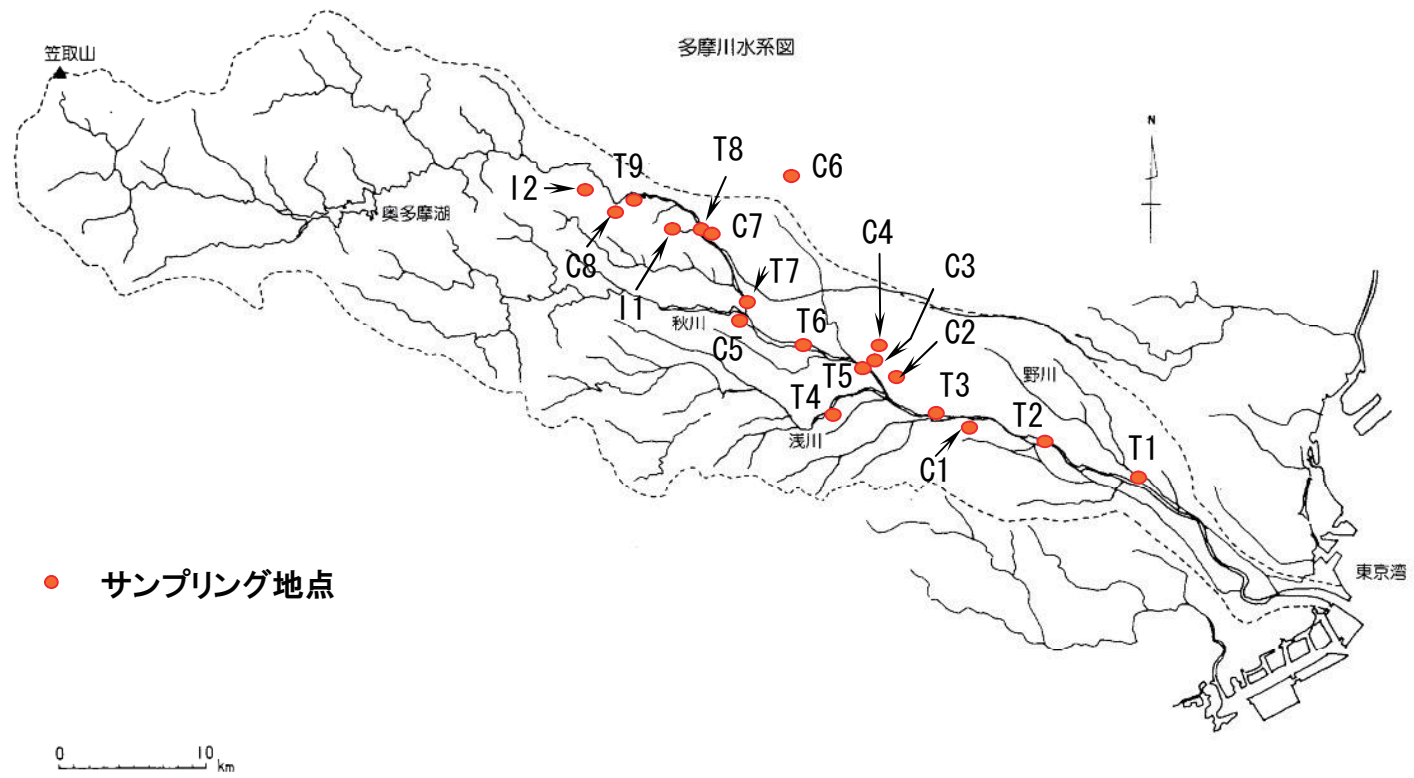


図 1-1 アブラハヤのサンプルング地点



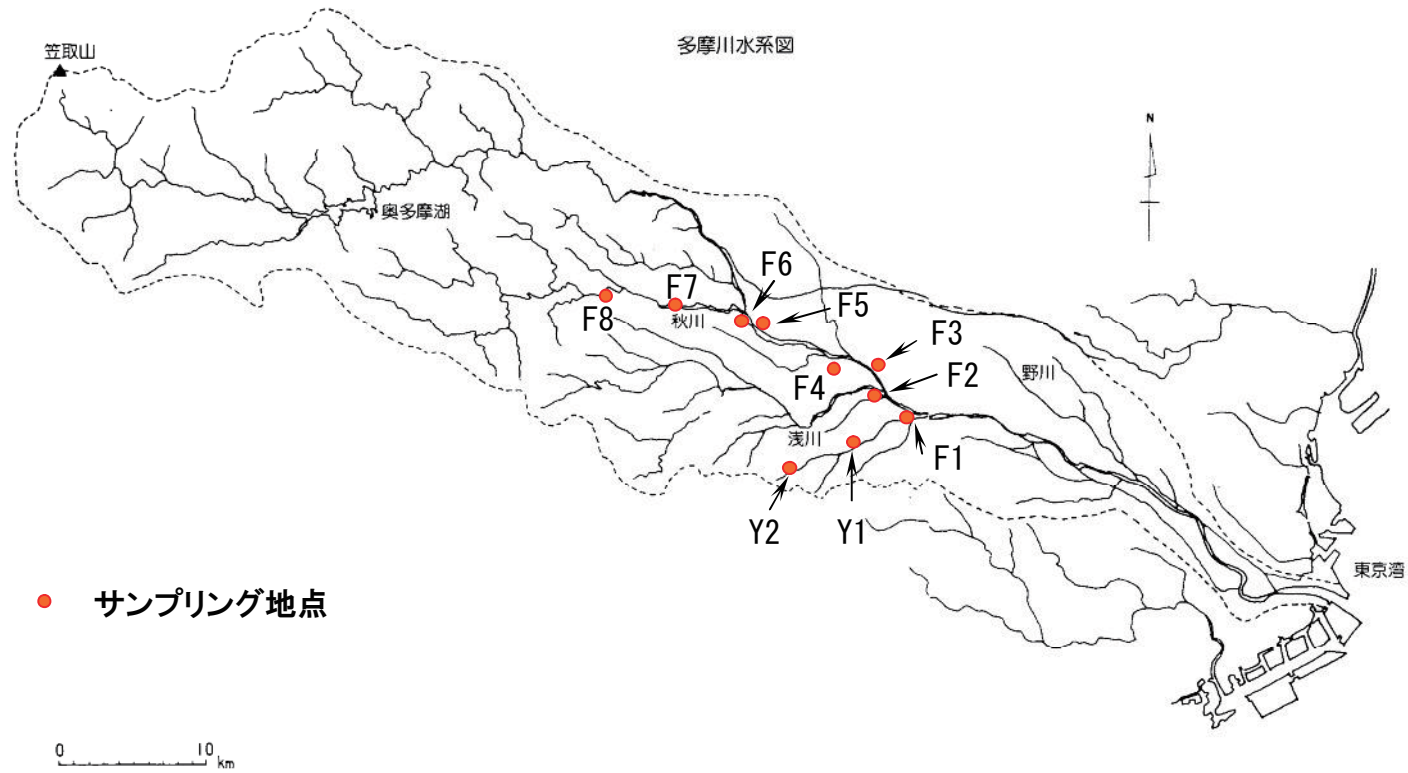


図 1-2 ドジョウのサンプリング地点

ホトケドジョウも前述の期間にサンプリングを7地点で行い、計71個体を解析に供した。本種は絶滅危惧種に指定されているため（環境省，2007），サンプリング地点を図示することは差し控えるが，他水域からの移入が不可能である谷津において2地点，河川敷内の伏流水を水源とするワンドにおいて3地点，河川から取水する農業水路と接続しているため他水域からの移入が可能な湧水性小河川において2地点でサンプリングを行った。

## (2) 形態測定

### 1) タカハヤ・アブラハヤ

採捕した個体について，全長・体長・頭長・尾柄長・体重・側線上方横列鱗数（TRa，なお，タカハヤ： $20 < \text{TRa}$ ，アブラハヤ： $20 \geq \text{TRa}$ （板井，1977））を測定した。ただし，測定困難な小型の個体については側線上方横列鱗数を記録しなかった。

### 2) ドジョウ・カラドジョウ，ホトケドジョウ

採捕した個体について，全長・体長・体重を記録した。

## (3) 遺伝子解析

### 1) アブラハヤ・タカハヤ

樋口・渡辺（2005）に従い，ミトコンドリア DNA（ミトコンドリアが保有する独自のゲノム。以降，mtDNA という）の D-loop 領域の前半部を解析した。D-loop 領域は遺伝情報をコードしていない領域であり，突然変異による塩基の置換を容易に固定し，大きな進化速度を持つ。そのため，主に種内レベルの遺伝的多様性調査や個体識別などに用いられる（小池・松井，2003）。Dneasy Tissue & Blood kit（キアゲン社製）によって尾ビレから抽出した DNA を鋳型として，樋口・渡辺（2005）と同じ条件で PCR を行った。

PCR では，プライマーに L15923（5' -TTAAAGCATCGGTCTTGTA-3'），H16500（5' -GCCCTGAAATAGGAACCAGA-3'）を使用した。サイクルシーケンス反応およびシーケンサーによる電気泳動は，（株）プロップジーンに委託した。これにより得られたハプロタイプと形態測定の結果とあわせてタカハヤとアブラハヤを判別した。

### 2) ドジョウ・カラドジョウ

小出水ら（2009）に従い，mtDNA のチトクローム *b* 領域を解析した。チトクローム *b* 領域は，ミトコンドリアの電子伝達系の反応に関与する酵素タンパク質の1種チトクローム *b* の遺伝情報をコードしており，主に種間や属間レベルの系統解析に適するとされる（小池・松井，2003）。PCR の条件はアブラハヤと同じとした。プライマーには L14724（5' -GACTTGAAAAACCCGTTG-3'），H15915（5' -CTCCGATCTCCGATTACAAGAC-3'）を使用した。サイクルシーケンス反応およびシーケンサーによる電気泳動は，（株）プロップジーンに委託した。

### 3) ホトケドジョウ

Sakai et al.（2003），Mihara et al.（2005）に従い，mtDNA の D-loop 領域を解析し

た. 前述の魚種と同じように抽出した DNA を鋳型として PCR を行った. PCR の条件はアブラハヤと同じとした. プライマーには Pro S (5' - GCATCGGTCTTGTAATCCGAAGAT -3') と Phe AS (5' -GGACCAAGCCTTTGTGCATGCGGAG -3') を用いた. サイクルシーケンス反応およびシーケンサーによる電気泳動は, (株)プロップジーンに委託した. なお, 一部のサンプルにはサイクルシーケンス反応において 296S (5' - ATATATTAATGTAGTAAGAAACCACCAACCAG -3' ) , 651S ( 5' -TCAACACATCCTTATACTATATGCC-3' ) , 334AS ( 5' -ATATATCACCTTCCACTTATGTCCC -3' ) , 194AS ( 5' - ACATTAATAAACTCGTTAATTTTATTGCGCTC -3') のプライマーも併用した.

#### 4) 塩基配列データの整理・解析

Seqscape ver2.6 (Applied Biosystems) 等を用いてアセンブルした塩基配列を, CLUSTAL X ver.1.8 (Thompson et al., 1997) によってアラインメントし, DNAsP ver.5.1 (Librado and Rozas, 2009) によって配列の種類 (ハプロタイプ) を特定した. 得られたハプロタイプと DNA データベース (DDBJ/EMBL/GeneBank) に登録されている先行研究 (Sakai et al. (2003), Mihara et al. (2005), 樋口・渡辺 (2005), 小出水ら (2009)) 等による塩基配列等を用いて, MEGA ver.4 (Tamura et al. 2007) によって系統樹を作成した.

以下の既知の塩基配列を外群等として利用した. タカハヤ (「横浜市産: AB185411」, 「大淀川水系産: AB185411」). アブラハヤ (「横浜市産: AB185410」). ドジョウ *M. anguillicaudatus* (「全国型 C6: AB473281」, 「全国型 C7: AB473267」, 「全国型 C5: AB473266」, 「全国型 C4: AB473265」, 「東北地方型: AB473297」, 「九州地方型: AB473402」, 「中国地方型: AB473368」), 中国近縁ドジョウ (「四川省産 *M. anguillicaudatus*: AY625700」, 「山東省産 *M. anguillicaudatus*: EF595980」, 「国内産: AB473306」), ヨーロッパ近縁ドジョウ (「チェコ産 *M. fossilis*: DQ915190」, 「国内産: AB473277」). なお, 表記名は小出水ら (2009) を参考にした. カラドジョウ *Paramisgurnus dabryanus* (「栃木県産: AB473408」, 「中国産安徽省産: AY625701」, 「韓国産: EU670767」). ホトケドジョウ *Lefua echigonia* (「新潟県産: AB102823」, 「栃木県産: AB102831」, 「東京都浅川産: AB102837」, 「岐阜県産: AB102843」, 「愛知県産: AB102846」, 「滋賀県産: AB102848」, 「三重県産: AB102849」, 「福島県産: AB177692」, 「石川県産: AB177694」, 「福井県産: AB177695」, 「京都府産: AB177697」, 「兵庫県産: AB177698」, 「福島県産: AB177702」, 「埼玉県産: AB177704」, 「山梨県産: AB177705」, 「長野県産: AB177708」, 「静岡県産: AB251866」, 「茨城県産: AB251867」, 「相模川産: AB251868」, 「鶴見川産: AB251869」, 「宮城県産: AB471843」, 「山形県産: AB471847」).

2-3 結果と考察

(1) アブラハヤ・タカハヤ

mtDNA・D-loop 領域の解析により，1塩基サイトの挿入・欠失を含む470bpの塩基配列を得た．これらの配列から9つのハプロタイプが検出された（表1-1）．なお，ハプロタイプ頻度には統計的に有意な差が認められた（カイ二乗検定， $P < 0.05$ ）．これらのハプロタイプと既存の塩基配列を用いて系統樹を作成すると，2つのクレードに分かれた（図1-3）．横浜市産のアブラハヤと同じクレードであるため，アブラハヤのものと判断されるハプロタイプが8つ（A～H），また，横浜市産・大淀川水系産のタカハヤと同じクレードであるため，タカハヤのものと判断されるハプロタイプが1つ（I）確認された．ハプロタイプA～HとIの間には，27～32サイトで塩基置換または挿入・欠失が認められた．なお，ハプロタイプIは横浜市産タカハヤのハプロタイプ（AB185411）との間には9サイトで塩基置換または挿入・欠失が存在していた．

C5より下流では，91.2%（114個体）がアブラハヤのハプロタイプを有する個体であった（表1-2）．なお， $TRa \geq 20$ であることから，形態からもアブラハヤと同定された（図1-5）．ただし，湧水を水源とする小河川に位置するC2とC3および，伏流水の湧出するワンドに位置するT3とT4では，タカハヤのハプロタイプを有する個体が8.8%（11個体）確認された．

T7では，アブラハヤとタカハヤのハプロタイプを有する個体がそれぞれ50.0%であった（表1-3）．タカハヤのハプロタイプを有する個体のうち，50.0%（5個体）の個体がアブ

表1-1 検出されたハプロタイプの塩基置換，挿入・欠失状況

配列番号 ハプロタイプ	4	4	4	9	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	2	2	2	2	2	2	2	2	3	3	3	3	3	3	4	4	4	4	4	
	3	8	9	5	1	6	8	9	3	9	4	5	6	8	8	4	5	7	2	4	3	2	3	0	2	3	9	0	2	0	2	3	4	
A	A	A	G	-	G	G	T	A	G	G	C	A	C	T	C	C	T	G	A	T	T	T	T	T	C	G	A	T	C	A	C	A	C	
B	.	.	.	-	.	.	.	.	.	A	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
C	.	.	.	-	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
D	.	.	.	-	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
E	.	G	.	-	.	.	.	.	.	A	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
F	.	.	.	-	.	.	.	.	.	.	.	G	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	C	.	.	.	.	C	.	.	.	.	.
G	.	.	.	-	.	.	.	.	.	A	.	G	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	C	.	.	.	.	C	.	.	.	.	.
H	.	.	.	-	.	.	.	.	.	A	.	G	.	.	.	.	.	.	G	.	.	.	C	.	.	.	.	C	.	.	.	.	.	.
タカハヤ I	G	G	A	A	A	T	A	T	A	.	T	.	T	C	T	A	A	.	.	G	.	C	.	C	A	C	G	A	A	T	A	T	A	

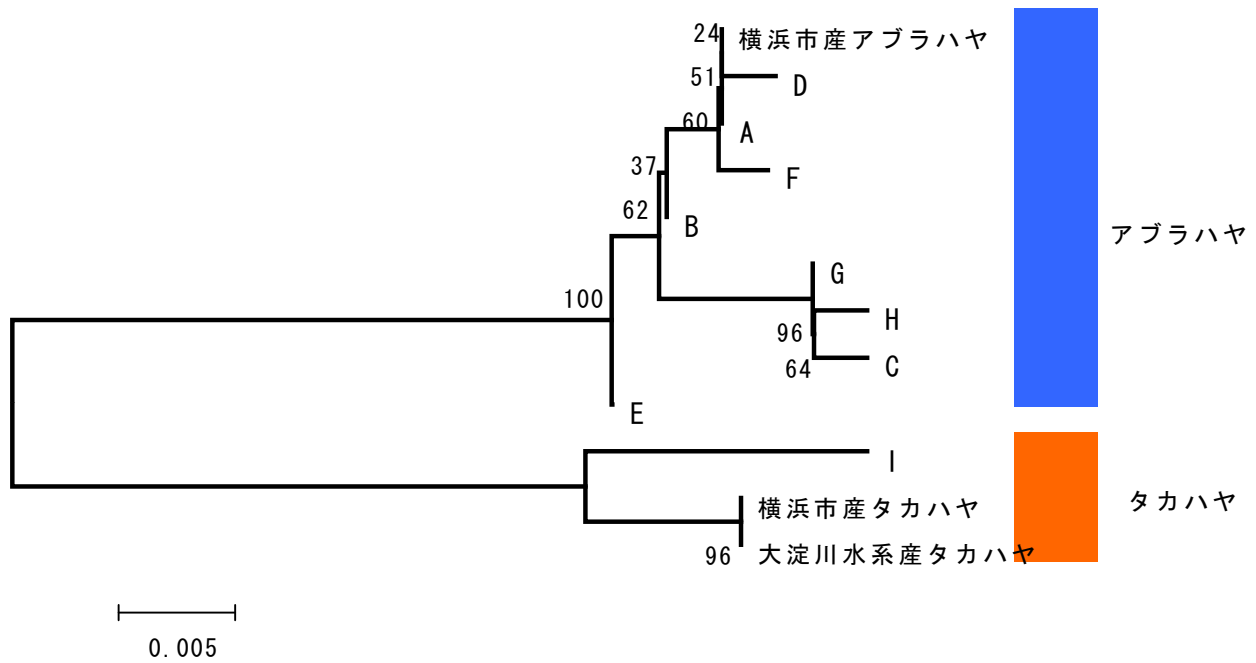


図 1-3 NJ法によるアブラハヤ・タカハヤのハプロタイプの系統樹  
(数字はブートストラップ分岐確率 (%))

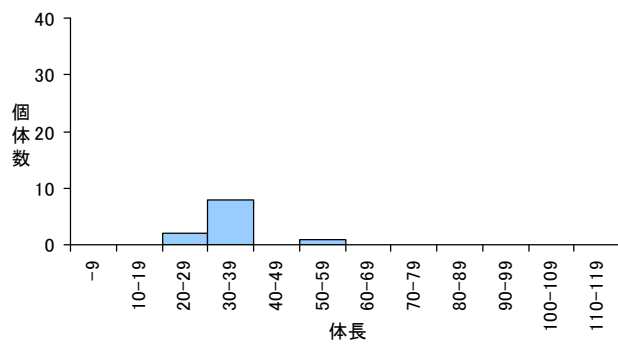
表 1-2 各地点におけるハプロタイプ別の個体数  
(流程 (下流 ⇄ 上流) に沿って整理している)

サンプリング地点 (解析個体数) ハプロタイプ	T1 (1)	T2 (3)	C1 (5)	T3 (14)	T4 (20)	C2 (3)	T5 (20)	C3 (14)	C4 (20)	T6 (20)	C5 (5)	T7 (20)	C6 (20)	C7 (3)	T8 (20)	I1 (20)	T9 (20)	C8 (20)	I2 (18)	計	
アブラハヤ	1	3	5	12	15	3	20	8	13	17	5	10								7	119
A																					2
B				1	1																1
C					1																1
D									1	1											2
E										2											2
F					1																1
G					1				3												12
H																3				5	17
タカハヤ				1	1			6	3			10	20	3	20		20	20	6		110

表 1-3 各地点におけるタカハヤのハプロタイプ個体の TRa 区分別の個体数  
(測定可能な個体のみ選抜)

サンプリング地点 TRa	T1	T2	C1	T3	T4	C2	T5	C3	C4	T6	C5	T7	C6	C7	T8	I1	T9	C8	I2
< 20	-	-	-	1	1	-	-	2	3	-	-	5	16	1	6	-	18	14	3
20 ≦	-	-	-	0	0	-	-	1	0	-	-	5	1	0	0	-	0	0	0

(1) C5 より下流



(2) C6 より上流

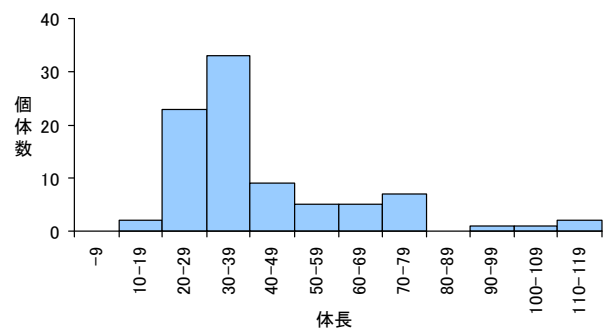


図 1-4 タカハヤの体長分布



図 1-5 アブラハヤのハプロタイプ・形態の個体



図 1-6 タカハヤのハプロタイプ・アブラハヤの形態の個体



図 1-7 タカハヤのハプロタイプ・形態の個体

ラハヤの形態 ( $TRa \geq 20$ ) と判断される個体 (図 1-6) であった。

T8 より上流の本流では、タカハヤのハプロタイプ・形態 ( $TRa \leq 18$ ) を有する個体 (図 1-7) のみが確認され、C6, 7 でもタカハヤのハプロタイプ・形態を有する個体のみであった。一方、I1, 2 ではアブラハヤのハプロタイプ・形態を有する個体を確認され、特に I1 ではそれらのみであった。なお、I1, 2 と C3 のハプロタイプ (G, H) は下流の本流に生息するアブラハヤのハプロタイプ (主に A) とは異なっていた。

C6 より上流では、タカハヤの体長分布に二峰性 (20~40mm と 110~120mm) が認められた (図 1-4)。このことから、上流域では再生産が行われていたと考えられる。C5 より下流では、当歳魚と考えられる体長の大きさの個体が採捕されており、上流からの降下個体であるか、その場で再生産されたものか判断できなかった。

## (2) ドジョウ・カラドジョウ

mtDNA・チトクローム *b* 領域の解析を行い、1102bp の塩基配列を得た。これらの配列から 67 のハプロタイプが確認された。なお、ハプロタイプ頻度には統計的に有意な差が認められた (カイ二乗検定,  $P < 0.05$ )。

作成した系統樹では、大きく 4 つのクレードに分かれた (図 1-8)。

Hap1~7 が中国・韓国・他県産のカラドジョウと同じクレードに分かれた。特に Hap4 は、栃木県産および韓国忠清北産のカラドジョウと同じハプロタイプであった。なお、Hap1~7 のハプロタイプを有する個体は F5 においてのみ採捕された (表 1-4)。以上のことから、多摩川流域においても何らかの理由によりカラドジョウ (図 1-9) の逸出があったことが遺伝的にも裏付けられた。ただし、現時点では幸いにアブラハヤと異なり局所的であった。なお、体長の大きい側の個体数は少ないが体長分布には二峰性が認められ (図 1-13)、再生産が行われていると考えられる。

Hap12~18, 21, 23~26, 28~31, 58, 61, 62 は、小出水ら (2009) によって在来系とされるドジョウ (図 1-10) の塩基配列と同じクレードに分かれた。在来系では、関東地方に分布していない C1~4 に比べて、関東地方に分布していると報告のある C5, 6, 7 (小出水ら, 2009) と近縁であることから、これらが在来個体群であると判断される。

Hap19, 20, 22, 27, 32~49, 51~56, 59, 60, 63~67 は、小出水ら (2009) によって中国 (近縁) 系とされるドジョウ (図 1-11) の塩基配列と同じクレードに分かれた。このクレードの中には中国四川省産、山東省産と非常に近縁であるハプロタイプも存在するため、国外外来種である可能性も否定できないが、小出水ら (2009) は、全国的に多様なハプロタイプと広範な分布域を有していることから、中国 (近縁) 系を在来個体群であると判断している。多摩川流域でもハプロタイプが在来系以上に多様であり、かつ広範に分布していたことから (表 1-4)、本研究でも中国 (近縁) 系を在来個体群と判断した。

Hap8~11, 50, 57 は小出水ら (2009) によってヨーロッパ (近縁) 系とされるドジョウ



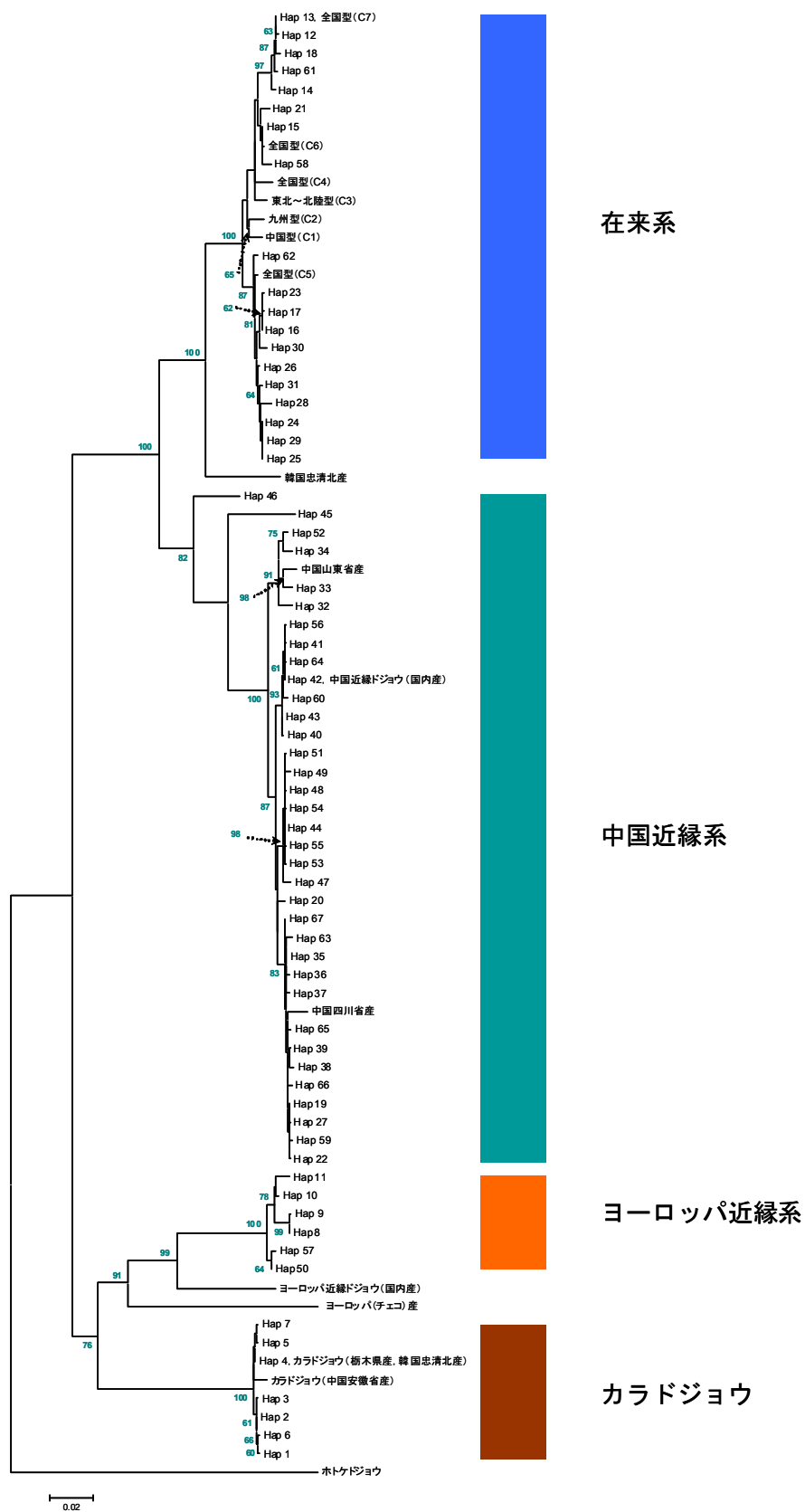


図 1-8 NJ 法によるドジョウのハプロタイプの系統樹  
(数字はブートストラップ分岐確率 (%), 60%以上を表示した.)



図 1-9 カラドジョウのハプロタイプの個体



図 1-10 在来系ハプロタイプの個体



図 1-11 中国近縁系ハプロタイプの個体



図 1-12 ヨーロッパ近縁系ハプロタイプの個体

表 1-4 各地点における種・系別のドジョウの個体数  
 (F1~8 は流程 (下流 ⇄ 上流) に沿って整列している)

	Y1	Y2	F1	F2	F3	F4	F5	F6	F7	F8	計
中国近縁系			18	10	5	4	1	19	15	12	84
在来系			1	7	5	13	7	1		1	35
ヨーロッパ近縁系	15	12									29
カラドジョウ							18				18

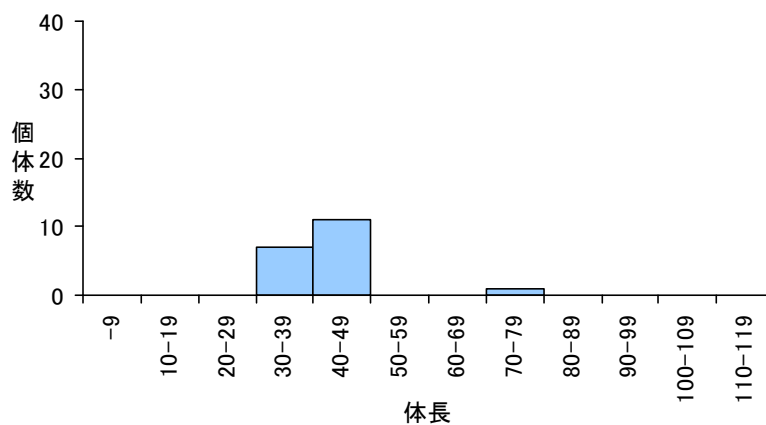


図 1-13 カラドジョウの体長分布

ウ（図 1-12）の塩基配列と同じクレードに分かれた。ヨーロッパ近縁系については、ハプロタイプは多様ではないが、どの外群種とも近縁でないこと（小出水ら，2009），カラドジョウと異なり離れた複数地点（表 1-4）に分布したことから現時点では在来個体群と判断した。

(3) ホトケドジョウ

ホトケドジョウの mtDNA・D-loop 領域の解析を行い，4 塩基サイトの挿入・欠失を含む 1022bp の塩基配列を得た。これらの配列から 14 のハプロタイプが検出された（表 1-5）。なお，ハプロタイプ頻度には統計的に有意な差が認められた（カイ二乗検定， $P < 0.05$ ）。

作成した系統樹では，全てのハプロタイプが南関東集団（Saka et al., 2003; Mihara et al., 2005）に属し，その中では東京都多摩川水系の浅川産，あるいは隣接する水系である神奈川県鶴見川産と近縁であった（図 1-14）。本種は，食用として利用されることはほとんどなく，また，本種の生息域はアユやヤマメ，コイ等の水産上有用種と異なるため，これらとの混合採集・放流に混じることは極めて稀であると考えられる。したがって，本研究で解析したホトケドジョウは，いずれも在来個体群である可能性が極めて高いと考えられた。

表 1-5 各地点におけるハプロタイプの出現と配列の塩基置換，挿入・欠失状況

ハプロタイプ	解析個体数						配列番号																	
	谷津		ワンド・小河川																					
	A (9)	B (2)	1 (3)	2 (11)	3 (12)	4 (15)	5 (19)	8	5	1	1	2	3	4	5	5	6	6	8	8	8	9	9	
1								G	A	A	A	G	A	-	T	G	G	G	-	-	C	C		
2	9			3	1		3	A	.	.	.	.	.	.	-	.	A	.	.	-	-	T	.	.
3								.	.	.	.	.	.	.	-	C	A	.	.	-	-	.	.	.
4					1			.	.	.	.	.	.	T	.	A	.	-	-	-	-	.	.	.
5						1		.	G	.	.	.	.	.	.	A	.	.	-	-	-	.	.	.
6			2	7	5	10	1	.	.	.	.	.	.	.	-	.	A	.	.	-	-	.	.	.
7			1		4			.	.	.	.	.	.	.	-	.	A	.	.	A	T	.	.	.
8							2	.	.	.	.	.	.	.	-	.	A	A	.	-	-	.	.	T
9				1	1			.	.	T	.	.	.	.	-	.	A	A	.	-	-	.	.	.
10		2						.	.	.	.	T	A	.	-	.	A	A	.	A	T	.	.	.
11							5	.	.	.	T	A	.	.	-	.	A	.	.	-	-	.	.	.
12							1	.	.	.	T	A	G	.	-	.	A	.	.	-	-	.	.	.
13							4	.	.	.	T	.	.	.	-	.	A	.	.	-	-	.	.	.
14							3	.	.	.	T	.	.	-	.	.	A	.	.	A	T	.	.	.

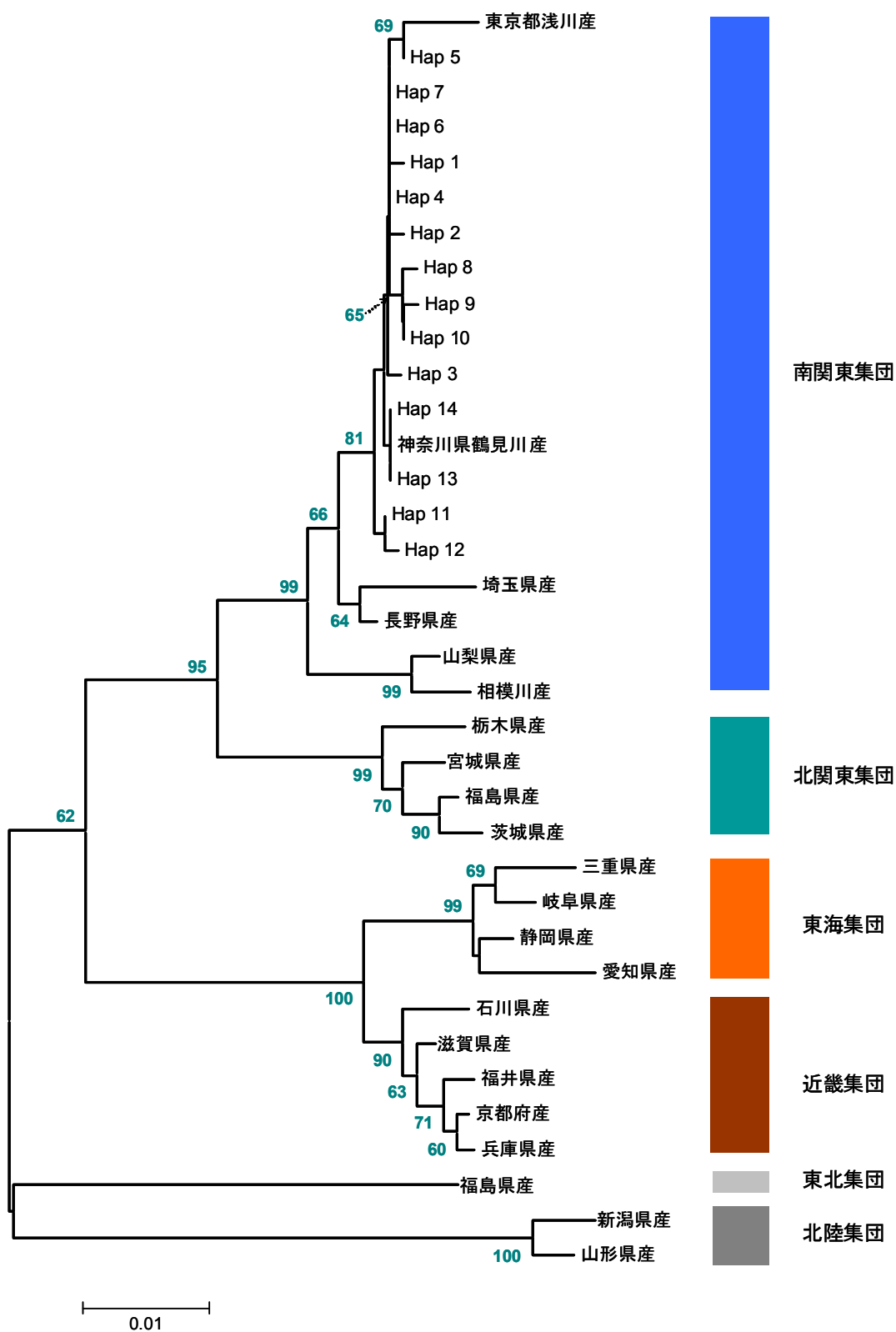


図 1-14 NJ法によるホトケドジョウのハプロタイプの系統樹  
(数字はブートストラップ分岐確率 (%), 60%以上を表示した.)

## 2-4 まとめ

多摩川においては、アユ等の放流に伴って移入したと考えられるカワムツ等の魚類が確認されており、東京都等の調査によってタカハヤも確認されている（東京都環境局環境評価部，2003）。また、荒川水系の落合川からの確認も報告されているが（大塚ら，2006a，2006b），移殖された流域内における本種の分布域は明らかではなかった。また、カラドジョウの移入も、筆者らが参加した東京都実施の田んぼの生き物調査（東京都産業労働局農林水産部，2008）以外での報告はなく、遺伝子情報も合わせて記録した資料は存在していなかった。

本研究によって多摩川本流の秋川合流点付近（T6～7の間）より上流では、ほとんどがタカハヤであるという驚くべき実態が明らかとなった。両種が生息する河川では、タカハヤが上流に、アブラハヤが下流に住み分ける（接触異所性分布（Smith, 1955））ことが指摘されている（板井，2001）。したがって、多摩川上流では、アユの放流等に伴って移入したタカハヤがアブラハヤを競争排除し、定着した結果として両種の自然分布河川と同様のことが起こっている可能性がある。また、両種の分布重複域では自然交雑することも示唆されている（樋口・渡辺，2005）。接触異所性分布を示す種間の分布域の重複を妨げている要因の一つとして、再生産干渉（近縁種間の交配による不妊の交雑個体が分布重複を妨げる）があげられており（Bull, 1991），T7においてはこのようなことが起こっていた可能性がある。したがって、T7より下流では、アブラハヤ個体群が残存する可能性が高いと考えられる。

多摩川から移入が可能な小河川に位置するC6, 8では本流と同様にタカハヤに置き換わっていたが、一方で、移入不可能なI1ではアブラハヤが残存していた。以上のことから、タカハヤの移入が懸念される水域（多摩川ではT6～7の間から上流）では、魚道などの設置は避けて分断された状況を保っておく必要がある。I1と同様に移入可能なI2でタカハヤが確認された原因は不明であるが、人による移殖が行われたことがあったのかもしれない。

タカハヤの分布域より下流であっても、湧水を水源とする小河川ではタカハヤが確認された。これらの小河川では、同標高の多摩川本流に比べて水温が低く、タカハヤに適した水温環境が形成されていると予想される。そのため降下移入した個体が生息していたと考えられる。ただし、一時的か恒常的な生息かは不明であったがこれらの小河川ではアブラハヤの分布は湧水周辺に限られているため（西田，2009），多摩川本流に比べてこれらの小規模な生息場では、タカハヤが定着した場合にはアブラハヤの生息に強く影響していることが懸念される。なお、降下移入可能な生息場への移入を防ぐことは困難であり、対策は非常に限られる。

カラドジョウは、中国や朝鮮半島等の原産地から食用や餌魚として輸入された個体が野外に逸出したと考えられており、東京都以外にも複数県での確認がある（斉藤，2001；金

尾・上野，2005)。また，加納ら（2007）は，本種の夏季生息場と餌資源がドジョウと重複していることを報告している。したがって，多摩川流域に従来から生息していたドジョウの生息に影響を及ぼす可能性が考えられる。多摩川流域では幸い1地点のみ確認されただけであったが，今後はこの地点におけるドジョウ個体群への影響や，他水域への逸出の有無などを明らかにする必要がある。

ホトケドジョウは，直接利用されることが少なく，水産上有用な魚種と同所的に生息しないため，他水域に放流されることはほとんどないと考えられる。そのため，本流域産と考えられるハプロタイプのみが確認されたと考えられる。しかし，絶滅危惧種に指定されているため，安易に個体数を増加させる方法として他地域産の個体を採集して放流することが今後行われなくても限らない。他地域産の放流の事例として，東京都内のゲンジボタルでは，西日本や中部地方のハプロタイプが確認されており，人為的に他地域産の放流と定着の可能性が指摘されている（内藤，2003）。また，メダカでも関東地方において西日本からの個体が多く持ち込まれていることが指摘されている（Takehana et al., 2003）。

本研究結果から得られたような魚類の遺伝的構造は，日本列島の形成過程とともに成立してきたことが指摘されている（渡辺・高橋，2010），ホトケドジョウだけでなく一般に雑魚とされる淡水魚であっても，地史的な時間スケールを経て形成されてきた貴重なものであることを強調しておきたい。



## 第3章

# アブラハヤ, ドジョウ, ホトケドジョウの 遺传的構造・多様性の把握



### 3-1 はじめに

本章では、遺伝子解析によって得られる遺伝的分化指数 ( $F_{st}$ ) と各個体群の位置および分断との関係や、各個体群間の遺伝的多様性を把握することによって、多摩川流域内における魚類の遺伝的構造を把握する。これらと多摩川流域における魚類の分布実態を総合して、当該流域における魚類の個体群構造および移出入実態の推定を行う。

### 3-2 研究方法

タカハヤまたはアブラハヤとの交雑個体、カラドジョウと判断された個体を除外し、第2章で得られた mtDNA の塩基配列を元にアブラハヤ、ドジョウ、ホトケドジョウの各個体群のハプロタイプ多様度 (小池・松井, 2003) を算出した。ハプロタイプ多様度は、0~1 の値をとり、1 に近いほど多様性が高いと判断される。また、DNASP ver.5.1 によって任意の2つの個体群間における遺伝的分化指数  $F_{st}$  (小池・松井, 2003) を算出し、この値を元に MEGA ver.4 によって系統樹を作成した。ただし、 $F_{st}$  が負の値を算出した組み合わせについては除外した。負の値となったことはサンプルサイズと遺伝子頻度の違いの小ささに起因すると考えられる。通常、 $F_{st}$  は0~1 の値をとる遺伝的分化の尺度であり、0 に近いほど遺伝的交流があり、逆に1 に近いほど交流が少ないと判断される。

なお、ドジョウでは、各系を混合した場合と解析個体数の多かった中国近縁系の場合についての2パターンを算出した。ホトケドジョウでは解析個体数の少なかった個体群 B, 1 を除外して算出した。

### 3-3 結果と考察

#### (1) アブラハヤ

$F_{st}$  による系統樹では、本流の個体群 (T5, 6, 7) と C3 は同一クレードに分かれた。これらに比べて I1, 2, C4 は独立していた (図 2-1)。

ハプロタイプ多様度は、本流の T5 や T7 で 0 を示し、それ以外の地点でも高い値を示すことはなかった (図 2-2)。なお、これらの地点ではハプロタイプ (A) を有する個体が卓越していた (第2章)。一方、多摩川に流入する小河川や多摩川から取水する農業水路と接続する小河川では、本流から距離の近い C3 を除けば、比較的高いハプロタイプ多様度 (0.27~0.53) を示した。なお、これらの地点の個体は、本流と異なる共通したハプロタイプ (G, H) を有していた (第2章)。

以上のように、本流では遺伝的にほぼ同質であり、また周辺の小河川において共通したハプロタイプが検出される傾向にあったことから、前述のような流域内のハプロタイプの分布実態は、多摩川中上流および周辺の小河川に生息するアブラハヤの遺伝的構造を表していたと考えられる。

したがって、本流の個体群とともに、本流から分断されるか、ある程度距離の離れた小

河川等における個体群を保全することが、本種の遺伝的多様性を保全することに繋がると考えられる。ただし、以下のドジョウ、ホトケドジョウの結果で述べるように、分断によって遺伝的交流が大幅に制限され、かつ小集団化が起きた個体群では遺伝的浮動の影響が大きくなり、本来の遺伝的多様性が失われることに留意する必要がある。

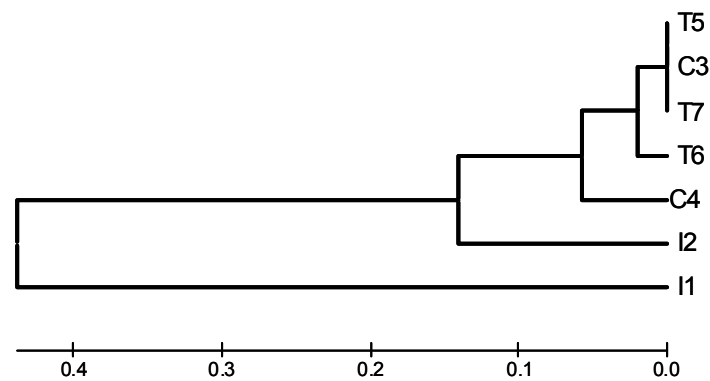


図 2-1 2つの個体群間の Fst によるアブラハヤの系統樹 (NJ 法)

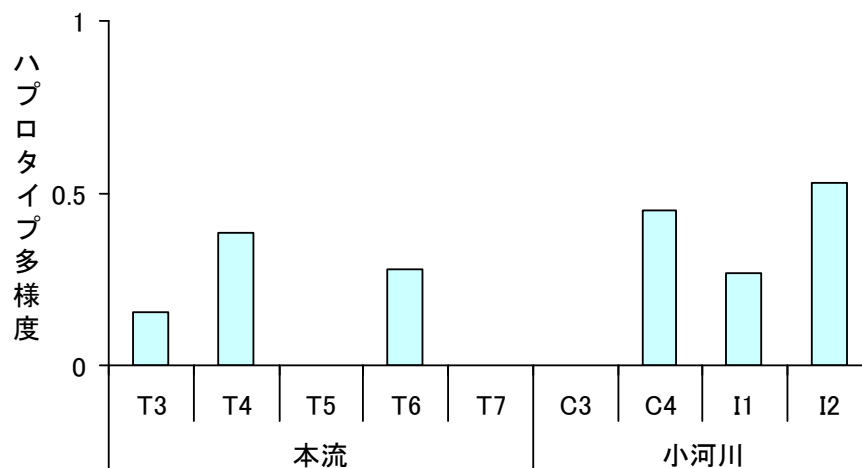


図 2-2 アブラハヤの各個体群のハプロタイプ多様度

## (2) ドジョウ

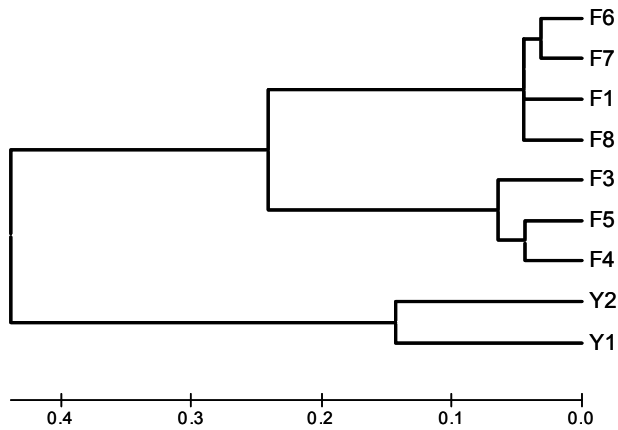
在来系，中国近縁系，ヨーロッパ近縁系を分けずに解析して得られた結果では，単純に比較して遺伝的構造を把握することは難しい．しかし， $F_{st}$  による系統樹では，まずは谷津と低平地の個体群に分かれた（図 2-3 (a)）．現在は分断されている谷津の個体群 Y1, 2 では， $F_{st}$  は低平地の個体群間に比べてそれほど大きくはなく，西田（2009）が指摘するように流入する河川の改修によって分断される前は個体の移出入による遺伝的交流があった可能性がある．また，低平地の個体群では，明確ではないものの下流の個体群（F3～5），および，F1 を除けば上流の個体群（F6～8）が同じクレードに分かれる傾向にあった．低平地の水路間では個体群間の移出入が可能である．したがって，これらのグループで遺伝的交流があると推察される．

ヨーロッパ近縁系のみが分布しており（第 2 章），分断によって移入不可能な谷津に存在する個体群のうち Y2 では，ハプロタイプ多様度が 0 であった（図 2-4 (a)）．このことから，谷津では個体群が分断されており，谷津の水路のように生息場が大きくないために，個体群の状況によっては遺伝的多様性が失われている場合があると考えられる．Yamamoto et al.（2004）は，砂防ダム上流に隔離されたイワナの遺伝的多様性（ヘテロ接合度）がダム下流の個体群に比べて低いことを明らかにしている．また，Hirota et al.（2004）は，多摩地域において分断された緑地のアカネズミのハプロタイプ多様度は，連続する緑地の個体群に比べて低いことを明らかにしている．本研究結果はこれらの報告とほぼ一致する．

また，個体数の多かった中国近縁系のみを分けて解析した場合， $F_{st}$  による系統樹では，下流の個体群（F1, 2, 4）と，上流の個体群（F6～7）のそれぞれが同じクレードに分かれる傾向にあった（図 2-3 (b)）．

また，ハプロタイプ多様度は上流に向かって高くなる傾向にあったが，最上流の F8 で高い値を示した（図 2-4 (b)）．F8 で高い値を示したことの理由は不明であるが，下流の個体群ほど，上流からの個体の供給を受けやすいことによってハプロタイプ多様度が高くなったと推察される．なお，このことは西田（2009）が AFLP 法（Vos et al., 1995）を用いて，ドジョウの遺伝子多様度を比較した結果とほぼ一致する．

(a) 各系を混合した場合



(b) 中国近縁ドジョウのみの場合

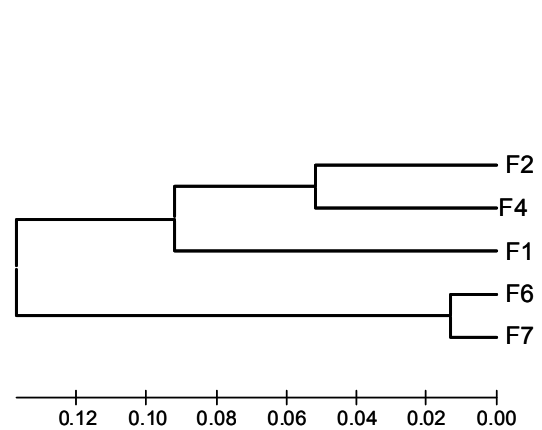
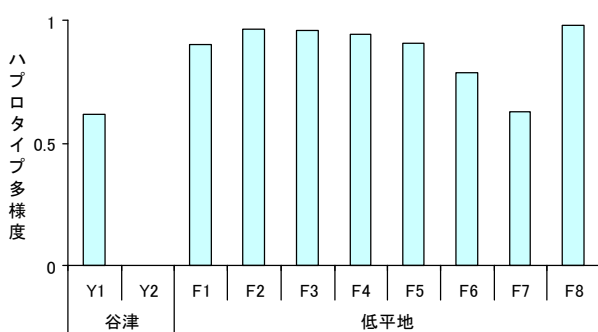


図 2-3 2つの個体群間の Fst によるドジョウの系統樹 (NJ 法)

(a) 各系を混合した場合



(b) 中国近縁ドジョウのみの場合

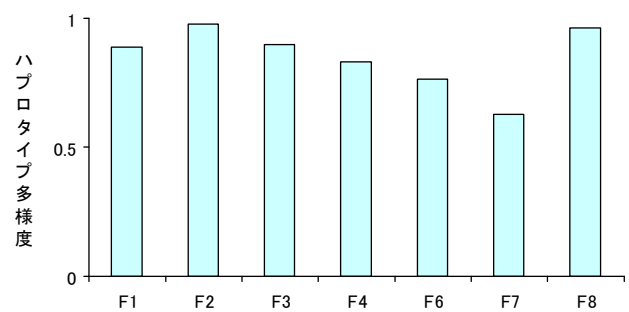


図 2-4 ドジョウの各個体群のハプロタイプ多様度

(3) ホトケドジョウ

Fst による系統樹では、谷津 (A) とワンド・小河川の個体群 (2~5) に分かれた (図 2-5)。これ以降ではワンド・小河川の個体群では、上流に離れている 5 がそれ以外の個体群 (2~4) から分岐した。ただし、解析に用いた個体群の数が少なく、傾向を得るには至っていないと判断している。

他水域からの移出入があると予想されるワンド・小河川の個体群が 0.32~0.77 を示すのに対して、分断によって移入不可能な谷津に存在する A では、ハプロタイプ多様度が 0 であった (図 2-6)。このことは、ドジョウと同様に谷津では他の個体群との間の個体の移出入に伴う遺伝的交流が失われていることの表れであると考えられる。

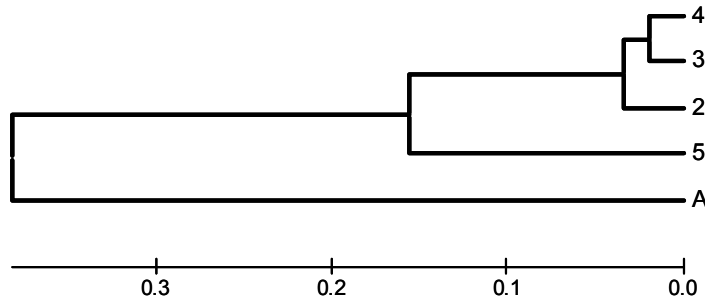


図 2-5 2つの個体群間の Fst によるホトケドジョウの系統樹 (NJ 法)

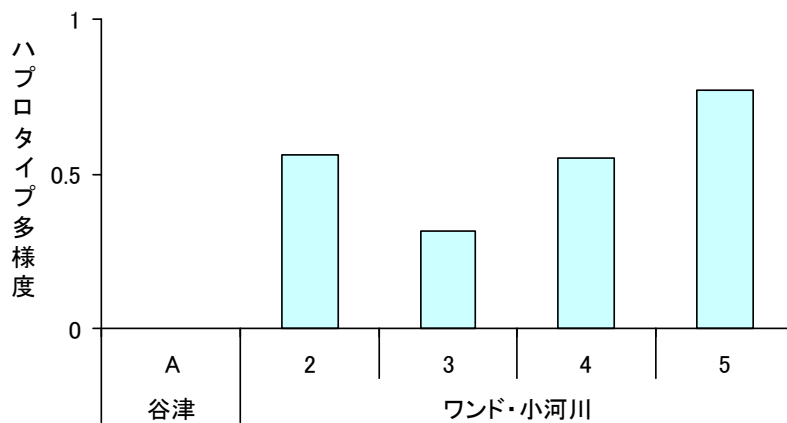


図 2-6 ホトケドジョウの各個体群のハプロタイプ多様度

### 3-4 まとめ

片野(1998)は、河川と複数の農業水路がそれぞれ魚類の局所個体群の生息場となっており、その両方を利用することによりメタ個体群(各局所個体群が適度な移出入によって結びついている状態)構造を保っていたが、近年の農業地帯の改変によって存続の危機に陥っていると論じている。しかし、これらを実証する研究は、近年に小出水ら(2006, 2008)が、谷津水路間においてドジョウとホトケドジョウについて、遺伝的な類縁関係を示した以外には極めて少なかった。本研究結果から、アブラハヤ、ドジョウといった一般に雑魚といわれるような小型淡水魚についても、流域における位置や水域ネットワークの状態を反映した遺伝的構造を有していることが明らかとなった。

アブラハヤでは、本流の大集団と周辺の小河川における小集団の両方が遺伝的構造を形成していることが明らかとなった。したがって、遺伝的多様性保全の観点からは、単に本流の大集団だけでなく、周辺の小河川における小集団の保全も検討する必要がある。なお、このような遺伝的構造は、河川と周辺の小河川・農業水路の両方に生息するオイカワやカマツカといった魚類にも共通するかもしれない。

ドジョウでは第2章で示したように、mtDNA・チトクローム *b* 領域の塩基配列から、遺伝的に異なる3系のドジョウが確認され、これらの分布は異なる傾向を示していた。例えばヨーロッパ近縁系はそのほとんどが谷津で、ごく少数が上流で確認されていた。したがって、これらの遺伝的構造を維持するためには、谷津および河川上・中・下流に位置する農業水路の小集団のそれぞれの保全を検討する必要があると考えられる。なお、以上のことは小出水ら(2010)の栃木県における結果と類似しており、関東地方の河川におけるドジョウ個体群の遺伝的構造の一端を表している可能性がある。

ドジョウにおける *F<sub>st</sub>* による系統樹では、低平地における近隣の個体群が同一のクレードに分かれ、また下流の個体群のハプロタイプ多様度が高くなる傾向にあったことから、これらの個体群間において個体の移出入による遺伝的な交流があると考えられる。西田(2009)は河川から取水口を通過して農業水路へ降下移入する個体を確認しており、この個体が他の農業水路やワンドなどの他の個体群からの移入個体である可能性がある。したがって、農業水路の取水口は、魚類の移出入可能な形状に維持しておくことが本種の遺伝的多様性保全に貢献すると考えられる。ホトケドジョウについてもハプロタイプ多様度や系統樹から、ドジョウと同様の個体群構造を有していることが予想される。

なお、ドジョウとホトケドジョウでは、谷津において遺伝的多様性(ハプロタイプ)が低い個体群が存在しており、他の個体群との間の移出入が失われていることの影響が示唆された。一般に遺伝的多様性は、生存率などの適応度形質と関係していることが知られており(Frankham et al., 2007)、遺伝的多様性の減少は絶滅リスクを高めると考えられる。したがって、谷津に分断された個体群の動態を注意深くモニタリングしていく必要がある。これらの結果によっては、将来、遺伝的多様性の回復のために魚道等による水域ネットワ



ークの回復や，遺伝的に近い個体群からの移植を行う必要が生じてくるかもしれない．



# 第 4 章

## 総括



## 第 4 章 総括

### 4-1 研究の成果

「近縁外来魚（タカハヤ・カラドジョウ）の逸出実態の把握」（第 2 章）では，多摩川流域における国内外来種タカハヤの分布をはじめて明らかにした．特にこのことから，多摩川に流入する小河川では水域ネットワークの分断によってタカハヤの移入を防ぐことが必要な場合があることを指摘した．また，カラドジョウでは本流域への移入と分布をはじめて明らかにした．これらの成果は，両種の駆除や管理，拡散の防止を実施する際の基礎情報として重要である．

なお，ドジョウではヨーロッパ近縁系，中国近縁系，在来系の 3 系が本流域に存在している実態を初めて明らかにした．また，ホトケドジョウが南関東集団に属しており，本流域固有の遺伝子を有して個体群が存在していることを確認した．

「アブラハヤ，ドジョウ，ホトケドジョウの遺伝的構造・多様性の把握」（第 3 章）では，本流域における 3 種の遺伝的構造・多様性を明らかにした．本研究では，特に多摩川本流と小河川・農業水路の水域ネットワークのあり方がこれらの遺伝的構造・多様性に影響していることを指摘した．また，把握されたそれぞれの魚種の遺伝的構造・多様性から，近年における個体群構造および移出入実態を推察した．これらの成果は，水域ネットワークの保全する際の情報として活用可能であるが，後述した課題の解明を行っていくことで有益性・実用性をさらに深めていく必要がある．

### 4-2 今後の課題

本研究では母系遺伝する mtDNA の解析を行ったため，タカハヤとアブラハヤの交雑の実態について十分に検討できなかった．今後は核 DNA の解析を行うことによって，交雑の実態を精査することが課題としてあげられる．なお，アブラハヤの移入が認められた多摩川周辺の小河川では，交雑の有無だけでなく両種の種間関係，アブラハヤの個体群動態を解明して，タカハヤの移入がアブラハヤの生息に与える影響を明らかにする必要があると考えられる．

ドジョウでは，遺伝子解析によって 3 つの系が確認され，その結果としてサンプル数が十分ではなくなったため，各系の個体群構造や移出入実態を十分に把握できなかった．今回得られた各系の分布実態を参考に十分なサンプル数を得て，再解析を行う必要がある．

絶滅危惧種であるホトケドジョウでは谷津の個体群のハプロタイプ多様度が低かった．いくつかの絶滅危惧種では遺伝的多様性の低下とこれに関係した適応度の低下が指摘されている (Frankham et al., 2007)．したがって，谷津個体群についての遺伝子解析を進める必要がある．また，個体群動態および生息環境調査も行い，遺伝的状态との関係を把握

することも、個体群を保全する上で重要である。

以上のことに加えて、河川本流に生息する定着性が強く、移動能力に低い水生生物を新たに対象とすることで、本研究では言及できなかった本流内の堰や落差工の影響を評価することも課題としてあげられる。

## 引用文献

- Bull, C.M.(1991)Ecology of parapatric distributions, Annual Review Of Ecology And Systematics, 22, 19-36.
- Frankham, R., Ballou, J.D., Briscoe, D. A. (2007) 保全遺伝学入門, 西田睦監訳, 文一総合出版.
- 樋口文夫・渡辺勝敏 (2005) 横浜市を流れる河川におけるアブラハヤの遺伝的多様性と交雑, 魚類学雑誌, 52(1), 41-46.
- Hirota, T., Hirohata, T., Mashima, H., Satoh, T., Obara, Y. (2004) Population structure of the large Japanese field mouse, *Apodemus speciosus* (Rodentia: Muridae) in suburban landscape, based on mitochondrial D-loop sequences. *Molecular Ecology*, 13(11), 3275-3282.
- 細谷和海 (2001) 「タモロコ」, 日本の淡水魚, 川那部浩哉・水野信彦・細谷和海編, 山と溪谷社, 298-299.
- 板井隆彦 (1977) 奈良県高見川のアブラハヤ属 (*Phoxinus*) 魚類の 2 型—その形態的生態的特徴について—, 静岡女子大学研究紀要, 10, 201-220.
- 板井隆彦 (2001) 「タカハヤ」, 日本の淡水魚, 川那部浩哉・水野信彦・細谷和海編, 山と溪谷社, 274-277.
- 環境省 (2007) 哺乳類、汽水・淡水魚類, 昆虫類, 貝類, 植物 I 及び植物 II のレッドリストの見直しについて, 報道記者発表.
- 金尾滋史・上野世司 (2005) 滋賀県におけるカラドジョウの初記録と定着について, 関西自然保護機構会誌, 27 (2), 59-63.
- 加納光樹・斉藤秀生・瀧上聡子・今村彰伸・今井仁・多紀保彦 (2008) 渡良瀬川水系の農業水路におけるカラドジョウとドジョウの出現様式と食性, 水産増殖, 55 (1), 109-114.
- 片野修 (1998) 「水田・農業水路の魚類群集」, 水辺環境の保全, 江崎保男・田中哲夫編, 朝倉書店, 67-79.
- 小池裕子・松井正文編 (2003) 保全遺伝学, 東京大学出版会.
- 小出水規行・竹村武士・奥島修二・森淳・蛭原周 (2006) DNA 標識を利用した農業水路系における魚類個体群の交流実態の検討—千葉県谷津田域のドジョウ個体群を事例として—, 河川技術論文集, 12, 265-369.
- 小出水規行・竹村武士・渡部恵司・森淳 (2009) ミトコンドリア DNA によるドジョウの遺伝特性—チトクローム *b* 遺伝子の塩基配列による系統解析—, 農業農村工学会論文集, 77 (1), 7-16.
- 小出水規行・森淳・中荃元一・水谷正一・西田一也・竹村武士・渡部恵司・朴明洙 (2010) 栃木県におけるドジョウの遺伝的クレードの解明, 平成 22 年度農業農村工学会大会講演要旨集, 印刷中.
- 小出水規行・渡部恵司・高振麗・水谷正一・森淳・竹村武士 (2008) マイクロサテライト DNA を用いた栃木県小貝川上流域のホトケドジョウ集団の予備遺伝解析, 農業農村工学会論文集, 76(4), 55-61.
- Levins, R. (1969) Some demographic and genetic consequence of environmental heterogeneity for biological control. *Bulletin of Entomological of America*, 15, 237-240.
- Librado, P. and Rozas, J. (2009) DnaSP v5: A software for comprehensive analysis of DNA polymorphism data. *Bioinformatics*, 25, 1451-1452.
- Mihara, M., Sakai, T., Nakano, K., Martins, L. O., Hosoya, K. and Miyazaki, J.(2005)Phylogeography of Loaches of the Genus *Lefua*(Balitoridae, Cypriniformes) inferred from Mitochondrial DNA Sequences, *Zoological Science*, 22, 157-168.
- 守山拓弥・藤咲雅明・水谷正一・後藤章 (2006) 新設された魚道における魚類の遡上が上流の農業用小河川の魚類相におよぼす影響, 農業土木学会論文集, 74 (5) 805-806.

- 村上興正・鷺谷いづみ監修 (2002) 外来種ハンドブック, 日本生態学会編, 地人書館.
- 内藤親彦 (2003) 「日本の昆虫類の遺伝的多様性研究の実例」, 保全遺伝学, 小池裕子・松井正文編, 東京大学出版会, 245-257.
- 西田一也・千賀裕太郎 (2004) 都市近郊における農業水路の環境要因および水田が魚類の生息に及ぼす影響—東京都日野市の農業水路を事例として—, 農業土木学会論文集, 72(5), 477-487.
- 西田一也 (2009) 「河川中流域の田んぼと水路を生息場とする淡水魚と保全」, 春の小川の淡水魚—その生息場と保全, 第3章水谷正一・森淳編, 学報社, 31-62.
- 大塚ちかこ・鬼木圭太・杉尾良基・磯崎剛大・松田宗男・杉松幹夫 (2006a) ヒメハヤ属 *Phoxinus* (コイ科 Cyprinidae) 2種の混生集団における外部形態の多様な個体間変異, —東京都東久留米市の小河川, 落合川における一事例—, 杏林大学研究報告 教養部門, 23, 11-22.
- 大塚ちかこ・佐藤玄・磯崎剛大・杉松幹夫・松田宗男 (2006b) 東京都東久留米市落合川に生息するコイ科ヒメハヤ属のチトクローム *b* 遺伝子多型, 杏林大学研究報告 教養部門, 23, 23-31.
- 斉藤憲治 (2001) 「ドジョウ」, 日本の淡水魚, 川那部浩哉・水野信彦・細谷和海編, 山と溪谷社, 382-385.
- Saka, R., Takehana, Y., Suguro, N., Sakaizumi, M. (2003) Genetic population structure of *Lefua echigonia* inferred from allozymic and mitochondrial cytochrome *b* variations, Ichthyological research, 50, 301-309.
- Sakai, T., Mihara, M., Shitara, H., Yonekawa H., Hosoya K., and Miyazaki J. (2003) Phylogenetic relationships and intraspecific variations of Loaches of the Genus *Lefua* (Balitoridae, Cypriniformes), Zoological Science, 20(4), 501-514.
- 佐久間功・宮本拓海 (2005) 外来水生生物事典, 柏書房.
- Smith, H.M. (1955) The perspective of species, Turtox News, 33, 74-77.
- Takehana, Y., Nagai, N., Matsuda, M., Tsuchiya, K., and Sakaizumi, M. (2003) Geographic Variation and Diversity of the Cytochrome *b* Gene in Japanese Wild Populations of Medaka, *Oryzias latipes*, Zoological Science, 20, 1279-1291.
- Tamura, K., Dudley, J., Nei, M., Kumar, S. (2007) MEGA4: Molecular Evolutionary Genetics Analysis (MEGA) Software Version 4.0 Mol. Biol. Evol. 24:1596-1599.
- Thompson, J. D., Gibson, T. J., Plewniak, F., Jeanmougin, F., and Higgins, D. G. (1997). The CLUSTAL-X windows interface: flexible strategies for multiple sequence alignment aided by quality analysis tools. Nucleic Acids Res. 25: 4876-4882.
- 東京都産業労働局農林水産部 (2008) 「2008 田んぼの生き物調 in 高月用水」,  
<http://www.sangyo-rodo.metro.tokyo.jp/norin/nogyo/tanbo/2008/2008takatuki.html>.
- 東京都環境局環境評価部 (2003) 平成 13 年度水生生物調査結果報告書, 環境資料第 14055 号.
- Vos, P., Hogers, R., Bleeker, M., Reijans, M., Lee, T. V. D., Hornes, M., Frijters, A., Pot, J., Peleman, J., Kuiper, M. and Zabeau, M. (1995) AFLP: a new technique for DNA fingerprinting, Nucleic Acids Research, 23 (21), 4407-4414.
- 鷺谷いづみ・矢原徹一 (1996) 保全生態学入門—遺伝子から景観まで—, 文一総合出版.
- 渡辺勝敏・高橋洋編著 (2010) 淡水魚類地理の自然史, 北海道大学出版.
- Yamamoto S., Morita K., Koizumi I., and Maekawa K. (2004) Genetic differentiation of white-spotted cherr (*Salvelinus leucomaneis*) populations after habitat fragmentation: spatial-temporal changes in gene frequencies, Conservation Genetics, 5, 529-538.



## 謝辞

本研究を実施するにあたり多くの方々にご協力をいただきました。東京都環境局・産業労働局，国立市環境保全課・産業振興課，日野市緑と清流課，羽村市産業活性化推進室，多摩川漁協，秋川漁協，西多摩自然フォーラム，横沢入里山管理市民協議会，連光寺ホテル連絡会の皆様には，現地サンプリングに便宜を図っていただきました。東京農工大学農学部水資源計画学研究室の皆様には現地サンプリングにご協力をいただきました。（独）農業・食品産業総合研究機構・農村工学研究所 生態工学研究室の皆様には，遺伝子解析への技術支援をいただきました。深く感謝いたします。



たまがわりゆういき せいそく ぎよるい いでんしじょうほう もと すいいき ほぜんけいかく  
多摩川流域に生息する魚類の遺伝子情報に基づく水域ネットワークの保全計画

かん けんきゅう  
に関する研究

(研究助成・学術研究VOL. 39—NO. 288)

著者 にしだ かずや  
西田 一也

発行日 2011年3月31日

発行者 公益財団法人 とうきゅう環境財団

〒150-0002

東京都渋谷区渋谷1-16-14 (渋谷地下鉄ビル内)

TEL (03) 3400-9142

FAX (03) 3400-9141

<http://home.q07.itscom.net/tokyuenv/>