

遺伝的に著しく異なるドンコ2グループの高津川水系 およびその近隣河川における分布

酒井治己¹・田中善樹¹・辻井浩志¹・岩田明久²・池田至¹

¹〒759-6595 山口県下関市永田本町2-7-1 水産大学校生物生産学科
(電子メール sakaih@fish-u.ac.jp)

²〒606-8501 京都市左京区吉田下阿達町46 京都大学大学院アジア・アフリカ地域研究研究科
(電子メール aiwata@cseas.kyoto-u.ac.jp)

(1998年6月30日受付；1998年12月5日改訂；1998年12月18日受理)

キーワード：*Odontobutis*, アロザイム, 遺伝子移入, 流路変更

魚類学雑誌 Japanese Journal of Ichthyology

© The Ichthyological Society of Japan 1999

Harumi Sakai*, Yoshiki Tanaka, Hiroshi Tsujii, Akihisa Iwata and Itaru Ikeda.
1999. Distribution pattern of two genetically different groups of *Odontobutis obscura* in the Takatsu River and its vicinity. *Japan. J. Ichthyol.*, 46(2): 109–114.

Abstract Distribution pattern and introgression of two groups of *Odontobutis obscura*, West Seto and Hikimi Groups, around the Takatsu River were surveyed utilizing six diagnostic allozyme markers. West Seto Group fish were distributed to the middle to lower reaches of the Takatsu River and the upper reaches of the Abu River, while Hikimi Group fish occurred in the upper reaches of the Takatsu River, the Tama River and the Masuda River. West Seto Group population must have invaded the Takatsu River from the Abu River through presumed tributary exchanges between the upper reaches of the Abu River and the Tsuwano River, a tributary of the Takatsu River. Slight accidental introgressions were recognized in two localities from Hikimi to West Seto Group populations. However, these two groups were distributed parapatrically and well isolated each other in the Takatsu River basin.

*Corresponding author: Harumi Sakai, Department of Applied Aquabiology,
National Fisheries University, 2-7-1 Nagata-honmachi, Shimonoseki 759-6595,
Japan (e-mail: sakaih@fish-u.ac.jp)

西日本に分布する淡水魚ドンコ *Odontobutis obscura* は、アロザイム遺伝子組成の違いによって、西九州、西瀬戸、東瀬戸、山陰・琵琶・伊勢、および匹見の5地理グループに分けられる (Sakai et al., 1998). それらのうち、西瀬戸および匹見グループのドンコが、島根県高津川の同一水系内に生息していると推測された (Sakai et al., 1998). 前者は、瀬戸内海西部沿岸にそぞぐ河川に広く分布し、後者は高津川水系周辺にのみ出現する特異なグループで、両グループ間には6遺伝子座に対立遺伝子置換が認められている (Sakai et al., 1996, 1998). 遺伝的に大きく異なったこれらの

2グループのドンコが、同一水系内にもかかわらず、それぞれ独立した集団として存在しているのかどうかは、ドンコの集団分化を考える上で非常に興味深い問題である。この度、両グループのドンコの高津川水系内および近隣河川における分布パターンとその成立過程および遺伝子移入の有無を、アロザイム対立遺伝子をマーカーとして検討したので報告する。

材料と方法

合計165個体のドンコを1992–1993年にかけて採集し、実験に供するまで–70°Cで保存した。採

集地点は、高津川本流水系10地点 (Fig. 1 および Table 1 の中の地点番号 3-白上川, 4-上黒谷川, 5-佐々山川, 6-後益川, 7-二俣川, 8-添谷川, 9-程彼川, 10-津和野川, 11-福川川, 12-高尻川), 高津川支流匹見川水系3地点 (13-石谷川, 14-能登川, 15-匹見川), 阿武川(1), 田万川(2) および益田川(16) それぞれ1地点の合計16地点である (Fig. 1).

アロザイム検出のための水平ゲル電気泳動法および遺伝子座と対立遺伝子の命名法は、既報 (Sakai et al., 1993, 1996, 1998) の方法と同様である。ドンコの地理グループ属性を識別するため, Sakai et al. (1996, 1998) の報告に従い, グリセロールリン酸脱水素酵素 (EC 1.1.1.8; G3PDH*), グルコースリン酸脱水素酵素 (EC 5.3.1.9; GPI-1*), イソクエン酸脱水素酵素 (EC 1.1.1.42; IDHP-1*, IDHP-2*), リンゴ酸脱水素酵素 (EC 1.1.1.37; MDH-1*), スーパーオキサイドディスクターゼ (EC 1.15.1.1; SOD*) の5酵素6遺伝子座を解析に用いた。

結果と考察

分布パターンと集団侵入

調査した16集団は、対立遺伝子の組成に基づき、西瀬戸グループ (1-阿武川集団, 地点番号4から6および8から10までの高津川本流に注ぐ支流集団), 匹見グループ (2-田万川, 16-益田川集団および地点番号11から15までの高津川上流と支流匹見川の支流集団), および西瀬戸グループの遺伝子組成に匹見グループの遺伝子を若干併せもった2集団 (3-白上川および7-二俣川集団) に分けられた (Table 1)。分布パターンを典型的に示すために, IDHP-2*の対立遺伝子頻度を円グラフにして Fig. 1 に示した。

高津川本流上流部は、阿武川上流部および山口県の錦川上流部と、支流匹見川は広島県の大田川および島根県の周布川上流部と尾根を境に近接している。阿武川と同様に、錦川と大田川には西瀬戸グループのドンコが分布している (Sakai et al., 1998)。周布川は未調査であるが、そのすぐ東の浜田川には、別の山陰・琵琶・伊勢グループのドンコが生息している (Sakai et al., 1998)。すなわち、高津川産西瀬戸グループのドンコに接して分布する西瀬戸グループのドンコは、阿武川上流部のものだけである。

阿武川集団は、高津川の西瀬戸グループ集団と

遺伝的に非常に近く (Nei (1978)による遺伝的距離 0.016), 分岐年代に計算しなおすと約8万年前 (Nei, 1975) あるいは約20万年前 (Nishida, 1997) と推定される。なお、阿武川上流の集団は、高津川の西瀬戸グループ集団で認められたGPI-1*の対立遺伝子*92を持っていなかったが、この対立遺伝子は、他の阿武川支流集団には出現しており (Sakai et al., 1996), この度の集団では偶然検出されなかつたか消失していたものと考えられる。

匹見グループは、高津川水系周辺にしか分布していないこと、他のドンコ属魚類には認められない特殊な形態的特徴を有していること (岩田・酒井, 未発表), さらにその遺伝的変異性の低さや遺伝的系統関係などから判断して、他のグループより古くから成立し、比較的長期間孤立していたと考えられる (Sakai et al., 1998)。このことは、匹見グループのドンコが西瀬戸グループのドンコよりも古くから高津川に生息していたことを示唆している。

阿武川上流域一帯は、以前は北に流れる津和野川の流域であったが、周辺の火山活動により堰止湖 (古徳佐湖、現在の徳佐盆地) となり、流路を変更して南流する阿武川の流域に変わったとされてきた (稻見, 1951; 西村, 1962)。しかし、徳佐盆地と津和野川の鞍部を形成した火山活動は、洪積世終期から沖積世初期 (約10–20万年前) と考えられ、古徳佐湖の成立より新しいことが指摘された (河野・高橋, 1966)。実際、堆積物のコアサンプルから徳佐盆地の堆積開始は70万年前と推定された (竹村ほか, 1991)。過去に、古徳佐湖の成立に伴って古津和野川が阿武川方向に流路を変更したことがあったにせよ、その後の火山活動などにより再び阿武川の上流部が津和野川方向に流路変更したこと也有ったのではなかろうか。先に試算した津和野川産西瀬戸グループのドンコと阿武川産ドンコの分化年代も、徳佐・津和野間の火山活動年代と矛盾しない。

以上のことから、上記のような流路の交換 (Fig. 1 に、水玉模様として場所を示した) により、阿武川上流部から西瀬戸グループのドンコが津和野川に侵入し、それより下流域の匹見グループのドンコに入れ替わるように拡散したと考えられる。

遺伝子移入

地点番号3-白上川集団では調査した6遺伝子座すべてに、7-二俣川集団では3遺伝子座に、匹見

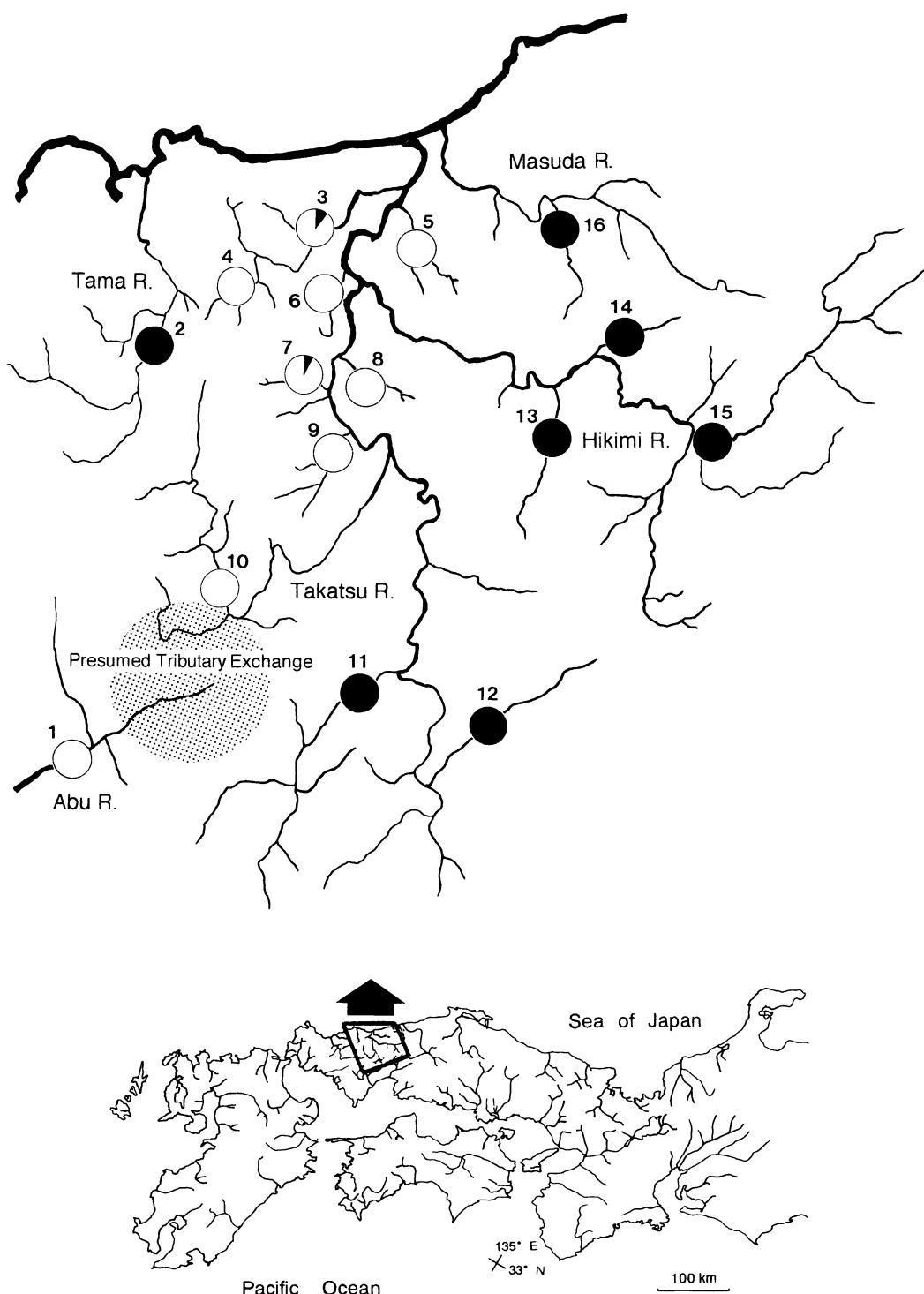


Fig. 1. Map showing the Takatsu River and its vicinity where *Odontobutis obscura* specimens were collected: Abu (1), Tama (2), Shirakami (3), Kamikurotani (4), Sasayama (5), Atomasu (6), Futamata (7), Soetani (8), Hodokare (9), Tsuwano (10), Fukukawa (11), Takajiri (12), Ishitani (13), Noto (14), Hikimi (15), and Masuda (16) Rivers. White and black circles indicate allelic frequencies of *IDHP-2, *100 (specific for West Seto Group) and *114 (specific for Hikimi Group), respectively. Dotted circle indicates the site where presumed tributary exchange had occurred.

Table 1. Allelic frequencies at six loci differentiated between West Seto and Hikimi Groups of *Odontobutis obscura* in 16 populations from the Takatsu River and its vicinity

Population	Abu R.		Tama R.		Basin of Takatsu R.								Basin of Hikimi R.				Masuda R.
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	
Sample size	15	9	14	16	12	5	14	10	6	13	3	5	10	16	16	1	
<i>G3PDH*</i>																	
*100	1.000		.964	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000							
*76		1.000	.036								1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	
<i>GPI-1*</i>																	
*105		1.000	.071								1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	
*100	1.000		.750	.656	.875	1.000	.500	.700	1.000	.654							
*92			.179	.344	.125		.500	.300		.346							
<i>IDHP-1*</i>																	
*109		1.000	.071				.071				1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	
*100	1.000		.929	1.000	1.000	1.000	.929	1.000	1.000	1.000							
<i>IDHP-2*</i>																	
*114		1.000	.107				.071				1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	
*100	1.000		.893	1.000	1.000	1.000	.929	1.000	1.000	1.000							
<i>MDH-1*</i>																	
*116	.333		.107	.125	.208	.100	.393	.350	.333	.154							
*100	.667		.786	.875	.792	.900	.571	.650	.667	.846							
*80		1.000	.107				.036				1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	
<i>SOD*</i>																	
*124		1.000	.071								1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	
*100	1.000		.929	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000							

グループに特異的な対立遺伝子を3.6–10.7%有していた(Table 1)。それは、白上川においては4個体で同一個体中2, 3,あるいは5遺伝子座に、二俣川においては5個体でそれぞれ1遺伝子座に、匹見グループの対立遺伝子をヘテロ接合体として保有していたことによる(Table 2)。

白上川のドンコでは、同一個体が複数の匹見グループ遺伝子をヘテロ接合体として持っていたため、ごく最近の遺伝子移入によるものと考えられる。交配の無作為性を仮定して遺伝子頻度(Table 1)から計算すると、複数遺伝子座がヘテロ接合体となる確率は、白上川の1番の個体(Table 2)で0.5%、2番で0.3%、3番で2.5%、4番で 3×10^{-4} %ときわめて低い。一方、匹見グループと西瀬戸グループのドンコが交雑をし、その第一代が西瀬戸グループのドンコと戻し交配をしたと仮定すると、6遺伝子座のうち平均3遺伝子座がヘテロ接合体になると期待され、このたびの白上川での検出結果(平均3.25)と非常に近い値である。すなわち、白上川では、最近侵入した匹見グループの個体が交雑し、その第二代が4個体検出された可能性が高いと考えられる。二俣川のドンコに認められた匹見グループの遺伝子は、それぞれ別の個体につづつ保有されており、そのような判断はできなかつた。

調査した高津川水系の西瀬戸および匹見グループすべての集団において、互いの集団内に他のグループに属するドンコが一個体も出現せず、両グループは同一水系内で側所的に分布していた。さらに、西瀬戸グループ8集団のうち、2集団のみが

Table 2. Heterozygotic loci of alleles differentiated between West Seto and Hikimi Groups of *Odontobutis obscura* in nine individuals from the Shirakami and Futamata Rivers, tributaries of the Takatsu River

Individual number	Shirakami River				Futamata River				
	1	2	3	4	1	2	3	4	5
<i>G3PDH*</i>				+					
<i>GPI-1*</i>			+	+					
<i>IDHP-1*</i>		+	+				+	+	
<i>IDHP-2*</i>	+	+	+			+	+		
<i>MDH-1*</i>	+	+	+						+
<i>SOD*</i>	+	+							

匹見グループの遺伝子をわずかに有しており、しかも片方がつい最近の遺伝子移入によるということは、両グループ間の交流が低頻度にしか起こっていないことを示唆している。ドンコは定住性が強く、終生同じ生息場所にいるとも言われている(道津・塚原, 1964; 丸山, 1973)。すると、何らかの生殖的隔離機構が存在している可能性に加え、移入したわずかな遺伝子が遺伝的浮動により集団から排除されてしまうことも考えられる。そのようにして、高津川産匹見グループのドンコは、西瀬戸グループのドンコの侵入後、交流することなく独自性を保ってきたものと推測される。

謝 辞

標本採集にご協力いただいた宮内庁生物学御研究所の坂本勝一、池田祐二、三瓶自然館の佐藤仁志、当時、水産大学校学生の高橋俊雄、森本利晃、吉川和男、河原邦昌、寺戸寛史、土川陽子、道山晶子の各氏にお礼申し上げる。

引 用 文 献

- 道津喜衛・塚原 博. 1964. ドンコの生活史. 日本水産学会誌, 30: 335–342.
 稲見悦治. 1951. 本邦における河川争奪の原因と過程. 地理学評論, 24: 337–343.
 河野通弘・高橋英太郎. 1966. 山口県徳佐盆地の第四系と段丘について. 山口大学教育学部論叢, 15: 113–125.
 丸山俊幸. 1973. ドンコの生息密度、活動および定住性について. 九州大学えびの高原野外生物実験室研究業績, (1): 36–43.
 Nei, M. 1975. Molecular population genetics and evolution. North-Holland, Amsterdam, 288 pp.
 Nei, M. 1978. Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals. Genetics, 89: 583–590.
 Nishida, M. 1997. Phylogenetic relationships and evolution of Tanganyikan cichlids: A molecular perspective. Pages 1–23 in H. Kawanabe, M. Hori and M. Nagoshi, eds. Fish communities in Lake Tanganyika. Kyoto Univ. Press, Kyoto.
 西村嘉助. 1962. 中国山地の水系とその発達. 広島大學文学部紀要, (21): 188–206.
 Sakai, H., A. Iwata and S.-R. Jeon. 1993. Genetic evidence supporting the existence of three distinct species in the genus *Odontobutis* (Gobiidae) from Japan and Korea. Japan. J. Ichthyol., 40: 61–64.
 Sakai, H., H. Tsujii, Y. Tanaka, C. Yamamoto and A. Iwata. 1996. Genetic variability and differentiation of a freshwater goby *Odontobutis obscura* in Yamaguchi Prefecture. J. Nat. Fish. Univ., 45: 87–93.
 Sakai, H., C. Yamamoto and A. Iwata. 1998. Genetic diver-

- gence, variation and zoogeography of a freshwater goby
Odontobutis obscura. Ichthyol. Res., 45: 363–376.
竹村恵二・北岡豪一・堀江正治・里村幹夫・横山卓雄.
1991. 山口県徳佐盆地の地下構造と堆積物. 地質学
雑誌, 97: 15–23.