

2. 淡水真珠対策研究費

1) 琵琶湖南湖産イケチョウガイの遺伝的近交度の推定

西森克浩・小林 徹 (近畿大学農学部)

【目的】

現在、イケチョウガイ(*Hyriopsis schlegeli*)の主な生息域は、琵琶湖南湖草津川以南の水域(約3 k m²)に限られ、その現存量はこの水域でも約5000個体と少ない^{1,2)}。このような狭い水域にわずかな個体数が生息している状況から、高頻度の近親交配とそれによる遺伝的近交度の上昇が懸念される。このことは多様な環境への適応力を低下させ、種を絶滅に導く大きな要因となる。本研究では、本種における遺伝的近交度の推定を試みるとともに、その養殖集団および中国産近縁種であるヒレイケチョウガイ(*Hyriopsis cumingi*)集団との比較を行った。

【方法】

分析に用いたイケチョウガイは、琵琶湖南湖の草津川以南の水域で採捕したもの(野生集団、平成8年2月採捕)および滋賀県真珠母貝漁業協同組合が生産販売している真珠母貝(養殖集団、平成7年6月入手)とした。さらに茨城県の真珠養殖業者から譲受した中国産ヒレイケチョウガイ(中国産近縁種、平成6年3月入手)を加えた3集団間で遺伝的比較を行った。各集団における供試数はそれぞれ12個体とし(表1)、各個体の遺伝的多型の検出はRAPD-PCR法³⁾によった。プライマーは表2に示した4種類を用い、PCR産物のDNA断片長の読み取りはALFexpress DNAシーケンサ(アマシヤムファルマシアバイオテック)を用いて行った。

また、各個体間の遺伝的近交度はBSI($BSI=2 \cdot Nab / (Na+Nb)$; Na, 個体aに検出されたバンド数; Nb, 個体bに検出されたバンド数; Nab, 個体aと個体bとが共有するバンド数)を用いて比較した。

【結果】

各プライマーで検出された断片長多型から計算した各集団の平均BSIを表3に示した。養殖集団のそれがOPA12を除くすべてのプライマーにおいて最も高い値(0.22~0.28)を示し、中国産の近縁種のそれは逆に最低値(0.08~0.15)を示した。イケチョウガイの野生集団はOPA12で最高値を示した以外はこれら両集団の中間の値(0.12~0.30)となった。各プライマーごとに比較すると養殖集団および中国産近縁種の平均BSIはそれぞれ野生集団の129%(89%~176%)および59% (45%~71%)であった。このことから野生集団の遺伝的近交度は、養殖集団のそれより低く、中国で豊富に生息している近縁種のそれより高いと考えられる。

一方、個体間のBSI値が0.5以上である割合は、野生集団が11%、養殖集団が5%、中国産近縁種では0%であり(図1)、また、BSIの最高値は、それぞれ0.75、0.71、0.48であった。これらのことからイケチョウガイ野生集団は、平均的には養殖集団より遺伝的近交度が低い、極度に遺伝的近交度が高い個体が存在し、それを集団中に含む割合は養殖集団よりも高いものと推定された。

以上の結果より、琵琶湖南湖産イケチョウガイは、生息域や生息数が減少するなかで遺伝的近交度を極度に上昇させており、種の存続が危ぶまれる状況にあるといえる。

今後、本種の野生生息群におけるBSI値の変動を継続して追跡するとともに、遺伝的近交度の急激な上昇を回避する方策が必要であろう。

1) 西森・上野・藤岡(1997): 琵琶湖におけるイケチョウガイの生息状況,平成9年度滋賀水試事業報告, 26-27.

2) 西森・上野・藤岡(1999): イケチョウガイ標識放流調査,平成11年度滋賀水試事業報告, 38-39.

3) Williams, J.G.K., A.R. Kubelik, K.J. Livak, J.A. Rafalski, and S.V. Tingey (1990): DNA polymorphisms amplified by arbitrary primers are useful as genetic markers. *Nucleic Acids Research*, **18**, 6531-6535.

表1 イケチョウガイ3集団における殻長組成の比較

集 団	殻長(mm, 平均値±標準偏差)
イケチョウガイ	127.1±21.4
真珠母貝	128.3±11.9
ヒレイケチョウガイ	111.0±10.8

表2 RAPD-PCRに用いたプライマーとその塩基配列

プライマー*	塩基配列
OPA10	5'-GTGATCGCAG-3'
OPA12	5'-TCGGCGATAG-3'
OPA15	5'-TTCCGAACCC-3'
OPA16	5'-AGCCAGCGAA-3'

*, オペロン10mer kit A, OPERON社.

表3 RAPD-PCR分析によって得られた遺伝的多型によるイケチョウガイ3集団における平均BSI (BSI平均値±標準偏差)

プライマー	イケチョウガイ	真珠母貝	ヒレイケチョウガイ
OPA10	0.193±0.183 (100%)	0.278±0.137 (144%)	0.137±0.121 (71%)
OPA12	0.297±0.175 (100%)	0.264±0.142 (89%)	0.133±0.118 (45%)
OPA15	0.260±0.156 (100%)	0.275±0.140 (106%)	0.151±0.111 (58%)
OPA16	0.124±0.175 (100%)	0.218±0.162 (176%)	0.078±0.086 (63%)

※ 括弧内の値は、それぞれのプライマーにおけるイケチョウガイの平均BSIを基準にしたときの各集団平均BSIのパーセンテージ

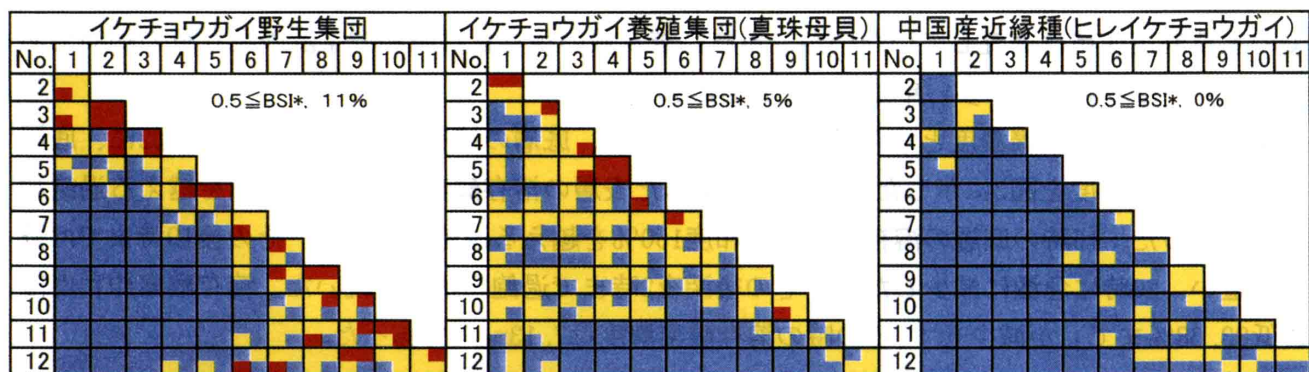


図 1. RAPD分析によるイケチョウガイの野生集団、養殖集団および中国産近縁種の各集団内の個体間BSI値増幅に用いたプライマー: セル内左上, OPA10; 右上, OPA12; 左下, OPA15; 右下, OPA16. 各セル内の色は個体間BSI値のレベルを示す: 青色, BSI<0.25; 黄色, 0.25≤BSI<0.5; 赤色, 0.5≤BSI.

*, 全組み合わせに対する0.5≤BSIである組み合わせの割合