

旧品井沼周辺ため池群に生息するゼニタナゴの遺伝子分析 -復元された桂沢ため池個体群の遺伝的多様性評価-

池田 実（東北大学・女川フィールドセンター）

【これまでの経緯】 絶滅危惧種であるゼニタナゴの生息地復元と絶滅回避を目指して、旧品井沼周辺で唯一残っていた生息地である桂沢ため池から他のため池に移殖導入が図られるようになり、複数のため池では定着と再生産が確認されている。これらの個体群の存続可能性について検討するためには、個体群内の遺伝的多様性について経時的なモニタリングを実施する必要がある。これまでに私たちは、定着に成功した 3 箇所のため池（A～C 池）の個体群の遺伝的多様性について、核のマイクロサテライト DNA と核外のミトコンドリア DNA をマーカーとして 2012 年より経時的なモニタリングを行ってきた。その結果、いずれのため池においても同程度の遺伝的多様性が世代を越えて保たれていることを確認できた。このことは、導入時あるいは世代交代時の遺伝的浮動がそれほど大きなものではなかったことを意味しており、安定した再生産が各個体群で行われていることやソースとなった桂沢ため池個体群の遺伝的多様性をよく引き継いでいることを示唆している。一方、ソースとなった桂沢ため池では 2006 年以降ゼニタナゴが捕獲されなくなり、絶滅したとみなされるようになった。桂沢ため池個体群の復元を目指して C 池から 2014 年と 2015 年に 500 尾ずつ（計 1,000 尾）が移殖放流され、現在では定着している。この復元された桂沢個体群の遺伝的多様性について調べたので報告する。

【結果】 2016 年 9 月 17 日に桂沢ため池で採集されたゼニタナゴの成魚 48 個体をサンプルとした。DNA 分析は、マイクロサテライト DNA 5 ローカスとミトコンドリア DNA 調節領域前半部の塩基配列（525 塩基）を調べた。その結果、マイクロサテライト DNA およびミトコンドリア DNA 分析のどちらの場合においても、これまでに調べた桂沢ため池由来の個体群と全く同じアレルおよびハプロタイプが検出され、その頻度についても有意な違いは認められなかった。以上の結果から、桂沢ため池個体群の復元の試みは、単に生息地や個体数といった表面的な復元にとどまらず、その内容（＝遺伝的多様性）も含めて成功していると考えられた。