

## 背景

二次的接触とは、異所的に隔離された共通祖先に由来する遺伝的に異なる2系統が地理的に重複することである。なかでも二次的接触により生じる交雑帯において集団間の生殖的隔離の実態を把握することは、正確な分類学的地位を決定するために必要不可欠である。しかし集団間の生殖的隔離が不安定であれば、地域によって二次的接触帯の遺伝的集団構造が異なる可能性がある。つまり、単一の二次的接触帯のみに着目していると、種としての関係性を正しく把握できないと考えられる。したがって、複数の二次的接触帯を比較することが重要である。

メダカ種群 *Oryzias latipes* species complex は、ダツ目メダカ科に属する小型の淡水魚で、水田などの氾濫原環境を主な生息場所とする。国内に生息するメダカ種群は、キタノメダカ *Oryzias sakaizumii* とミナミメダカ *Oryzias latipes* (以下、総称をメダカ2種とする)に分けられる。両種は近年まで単一種である“メダカ”として扱われてきたが、遺伝学的・形態学的・生態学的な差異をもとに生殖的隔離があるという前提で別種記載された。しかしながら、少なくともメダカ2種は飼育環境下で容易に交雑し、正常な個体を産することが知られている。そのため、キタノメダカとミナミメダカを別種として取り扱うことに異議を唱える報告もある。

メダカ2種は基本的に水系レベルで分布を異にするが、(1)京都府の日本海側を流れる由良川水系、(2)長野県から新潟県にかけて日本海側に流れる信濃川水系、(3)丹後・但馬地方の日本海側を流れる不連続な複数水系において、メダカ2種が二次的に接触している可能性が報告されている。また様々な地域において、(4)人為的な放流を起因としてメダカ2種が二次的に接触している。このように、メダカ2種は自然のおよび人為的な要因によって日本各地で二次的に接触している。

これまで、日本各地で形成されている二次的接触帯を対象として、さまざまな研究が行われてきた。しかしながらそれぞれの研究は、個別の地域を対象としており、メダカ2種の二次的接触帯において推定された交雑実態が水系や場所によって異なる。その要因として、解析手法が異なることや、解析個体数・地点数が少ないことが挙げられる。したがって本研究では、2種間の生殖的隔離の実態を把握することを目的として、解析手法を統一し、解析個体数・地点数を増加したうえで、日本各地の二次的接触帯における遺伝的集団構造を比較し、メダカ2種の関係性について検討した。

## 材料と方法

本研究では、メダカ 2 種が二次的に接触している可能性のある上記の 4 集団(1)(2)(3)(4)から採集した個体を解析に用いた。各集団より採集した個体から全 DNA を抽出した後、各個体が持つ mtDNA がどちらの種に由来するのかを明らかにするために、mtDNA の *cytb* 領域を対象とした PCR-RFLP 分析を行った。核 DNA 分析には、メダカ 2 種のそれぞれの種に由来する対立遺伝子を PCR 増幅断片長により容易に特定可能な M-marker 2003 を用いて、異なる染色体上に位置する 10 遺伝子座を分析した。核 DNA 分析の結果をもとに、各集団の各遺伝子座における対立遺伝子頻度、各集団におけるヘテロ接合度、 $F_{IS}$  やハイブリッドインデックスの値を求めた。

## 結果と考察

mtDNA 分析および核 DNA 分析の結果、各集団の交雑実態および生殖的隔離の実態が以下のように明らかとなった、

### (1) 京都府の由良川水系

下流域には 2 種の交雑帯、上流域にはミナミメダカのみからなる集団が確認された。また集団遺伝学的統計解析の結果、交雑帯では、2 種が自由交配していることが明らかになったものの、すべての交雑集団でキタノメダカの遺伝子頻度が非常に高かった。

### (2) 長野県・新潟県の信濃川水系

下流域にはキタノメダカのみからなる集団、上流域にはミナミメダカのみからなる集団が確認され、2 種の二次的接触は生じていなかった。キタノメダカ集団の分布の上限からミナミメダカ集団の分布の下限の区間は、メダカの生息が不可能な環境であるため、物理的環境要因によって 2 種の接触が妨げられていると考えられる。

### (3) 丹後・但馬地方の複数水系

解析した全ての水系でメダカ 2 種のヘテロ接合体が確認された。また集団遺伝学的統計解析の結果、全ての水系で 2 種が自由交配していることが明らかとなった。いずれの水系もキタノメダカの遺伝子頻度が非常に高く、また水系間の遺伝子構成が極めて類似していた。

### (4) 人為的な放流により形成された日本各地の二次的接触集団

人為的な放流により形成された様々な系統に由来する 2 種の二次的接触集団を解

析したところ、すべての集団において、メダカ 2 種は自由交配していることが明らかとなった。

以上のように、物理的環境要因によって 2 種の二次的接触そのものが妨げられていた(2)長野県・新潟県の信濃川水系をのぞき、(1)京都府の由良川水系、(3)丹後・但馬地方の複数水系、(4)人為的な放流により形成された日本各地の二次的接触集団の全てにおいて、メダカ 2 種が自由交配していることが明らかとなった。したがって、メダカ 2 種はいかなる環境や系統においても、接触すれば必ず自由交配することが示唆された。

その一方で、(1)由良川水系では、上流域からミナミメダカが長期にわたりキタノメダカの分布域まで流下することで 2 種の交雑帯が形成されているにもかかわらず、ミナミメダカの遺伝子頻度よりも、キタノメダカの遺伝子頻度が高いまま維持されていた。同様に(3)丹後・但馬地方の複数水系の集団は、2 種の過去の交雑により生じた集団であるにもかかわらず、キタノメダカの遺伝子頻度が高いまま維持されていた。以上の結果から、メダカ 2 種は接触すれば必ず交雑するものの、それぞれが自らのゲノムセットを維持しようとする作用を持ち、さらにミナミメダカよりもキタノメダカの方がゲノムセットを維持しようとする作用が強く働いている可能性が考えられた。物理的環境要因によって 2 種の二次的接触が妨げられている(2)信濃川水系においても、上述の仮説との矛盾は確認されなかった。

本研究における集団遺伝学的解析により、メダカ 2 種は、接触すれば必ず自由交配することが示唆された。もっとも一般的な種概念である生物学的種概念にのっとれば、野外で自由交配が確認されたメダカ 2 種は同種であるという解釈になる。しかしながら本研究では、メダカ 2 種は交雑しながらもキタノメダカのゲノムセットが高く維持されるという現象が確認された。そこで本研究では、一見混ざるものの、完全に融合することはないため、元々のゲノムセットを維持しようとする作用を持つ集団を「種」として認識することを提案する。つまりこれまでの生物学的種概念のように交雑する前や直後に注目するのではなく、混ざったあとの動向に着目することが重要である。この認識にあてはめれば、メダカ 2 種も別種として判断するに値すると考えられる。

現在、本研究で提唱された可能性を検証するため、交配実験を実施している。本研究において確認された現象が、異なる環境下においても再現され、2 種間に普遍的なものであれば、上述した認識を新たな種概念として提案できると期待している。