

## 近畿産チチブ類の遺伝的集団構造

菊川渚奈子・濱口湧・佐久間宣彰・植村連音・魚谷聡樹・瀬戸瑛介・牧野拓音・坂井晴希・佐野洸太・山田優樹・西谷太希・村川輝・坂井梨乃・神山佳容子・大嶺歩夢  
(兵庫県立尼崎小田高校 科学研究部生物班)

### 【背景・目的】

チチブ *Tridentiger obscurus* とヌマチチブ *Tridentiger brevispinis* は形態的に酷似しており、現在は交雑実験、形態観察、アロザイム解析などによって別種とされている。両種はミトコンドリアを共有しており、雑種を生じることも報告されているが、論文上での雑種の報告は涸沼での一例のみとなっている。チチブとヌマチチブが共有する3つのハプロタイプサブグループが太平洋・西日本・日本海から本州の3地域に分布することが示されている(図1)。

私たちは近畿地方でのより詳細な両種の分布を解明、近畿各地の両種の遺伝子プールの分布を解明、両種の雑種の有無を解明することの3つを研究目的に設定した。

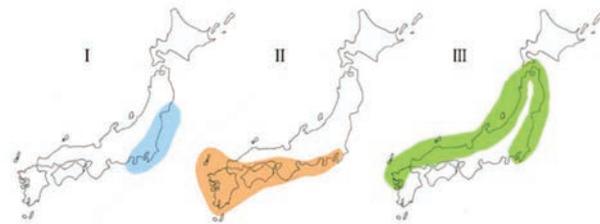


図1) チチブとヌマチチブが共有する3つのハプロタイプサブグループ

### 【材料・方法】

近畿各地の11地点で採集した。合計451個体を解析した。種判別では、核DNAの *ryr3* 領域をPCR法によって増幅し、RFLP法により種を判別した。データ解析では、ミトコンドリアDNAの *cytb* 領域の塩基配列を読み取り、ペアワイズ FST と、ネットワーク図を作成した。

### 【結果・考察】

近畿地方でヌマチチブ内では2個、チチブ内では4個の有意に分化する遺伝子プールを推定することができた(図2)。また、向井・西田の先行研究より正確な近畿地方のハプロタイプグループを推定することができた。そして、播磨灘沿岸の千種川において、雑種の可能性のある個体を確認した(図3)。



図3) 雑種の可能性のある個体 (H)

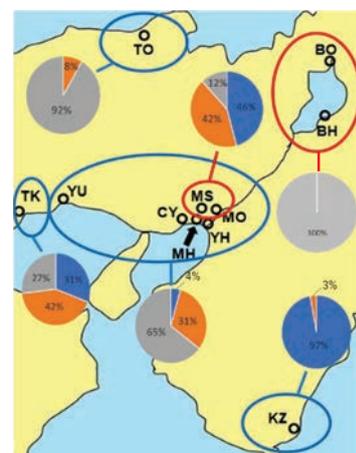


図2) 推定された遺伝子プール