

## 日本生物地理学会

### 日本に生息するカジカ属魚類 *Cottus* の分子遺伝学的・形態学的研究

○松本達也(鹿児島大学総合研究博物館)・半澤直人(山形大学理学部)  
・本村浩之(鹿児島大学総合研究博物館)

カジカ科カジカ属 *Cottus* Linnaeus 1758 は北半球の寒帯から温帯にかけて広く分布する小型魚類であり、日本国内では降海型の生活史をもつ種もいるものの、主に河川や湖沼などの淡水域に生息している。国内のカジカ属については、包括的な分類学的研究がなされておらず、生態学的特徴により他種と識別されるカジカ中卵型 *Cottus* sp. (和名・学名ともに未決定)の存在が知られるほか、各種の形態的特徴や分布についてもいまだ不明な点が多い。

本研究では国内に生息する *Cottus* の分類学的研究を実施するための予備的解析として、ミトコンドリア DNA (Cyt b 領域) と核ゲノム (RAG1 領域) を用いた分子遺伝学的解析を行った。その結果、北海道・東北地方に分布するハナカジカ *C. nozawae* Snyder 1911 は生息地(北海道・岩手・秋田・山形)ごとに明瞭な遺伝的分化を遂げていることが明らかになった。また、現在有効種とみなされているエゾハナカジカ *C. amblystomopsis* Schmidt 1904 は、ハナカジカのクレードに内包されることも判明した。さらに、今回の研究で用いたカジカ *C. pollux* Günther 1873, カジカ中卵型, ウツセミカジカ *C. reinii* Hilgendorf 1879 のサンプルは、ミトコンドリア DNA においてはそれぞれ他種と大きく分化した独立のクレードを形成していたものの、核ゲノムにおいては明瞭なクレードを形成していなかった。この要因として、一部のサンプルにおいて種間または集団間の交雑の影響が示唆されるが、その原因を明らかにするためにはより詳細かつ大規模な分子遺伝学的解析が必要である。

分子遺伝学的解析の結果を踏まえ、ハナカジカとエゾハナカジカの形態学的比較解析を行ったところ、従来別種として扱われてきた両種は背椎骨数により明瞭に識別されることが本研究においても確認された。さらに、ハナカジカを地域集団ごとに比較した結果、鰭条数や鰓耙数において各集団は傾向的に識別されることが明らかとなった。

ハナカジカでこのような地域的分化が生じた要因として、本種は特に分布南限である本州において、河川源流部など低水温の水域のみに生息することから、地理的隔離が生じやすいことが考えられる。一方、カジカ、カジカ中卵型、ウツセミカジカは生息地が重複する場合も多く、種間または集団間の交雑が比較的生じやすいと考えられる。日本産カジカ属については、各種に適用される学名の再検討も求められるため、今後さらに分類学的研究を進める必要がある。