

## 山口県産カワムツ 2種 (A型, B型) の核型分析

永田洋子<sup>\*1, \*2</sup>・永田昭広<sup>\*3, \*4</sup>・藤岡 豊<sup>\*1, \*5</sup>・  
酒井治己<sup>\*3</sup>

A Karyotype Study on Two Species of *Zacco* (Type A, Type B)  
(Pisces, Cyprinidae) from Yamaguchi Prefecture

Yoko Nagata<sup>\*1, \*2</sup>, Akihiro Nagata<sup>\*3, \*4</sup>,  
Yutaka Fujioka<sup>\*1, \*5</sup>, and Harumi Sakai<sup>\*3</sup>

Karyotypes were analyzed on two species of *Zacco* (types A and B, formerly falling within *Z. temminckii*). *Z.* sp. type A had 48 chromosomes with 22 metacentric (M), 20 submetacentric (SM), and 6 subtelocentric chromosomes (ST · A), arm number (NF) 90, and new arm number (NAN) 52. *Z.* sp. type B had 48 chromosomes with 18 M, 18 SM, 12 ST · A, 84 NF, and 52 NAN. Differences in composition and relative length of chromosomes between these two species are presumed to originate from the pericentric inversion, centric shift, unequal reciprocal translocation and/or whole arm exchange, with the karyotype of type B as a proto-karyotype.

### 1 緒 言

従来、カワムツ *Zacco temminckii* (Temminck et Schlegel) とされていた魚類は、形態学、生態学および遺伝学的に異なる2種(仮称A型、B型)からなることが明らかとなりつつある<sup>1), 2)</sup>。酒井ら<sup>3)</sup>は、山口県におけるオイカワ属魚類の分布を調査し、本県にもこれら2種が分布すること、およびカワムツA型とオイカワ *Z. platypus* (Temminck et Schlegel)との交雑魚は出現するものの、カワムツ2種間の交雑魚が発見されないことを報告した。

本研究は、カワムツ2種の核型を調査し、両種の遺伝学

的差異についての基礎的知見を得ることを目的とした。

### 2 材料および方法

供試魚として、カワムツA型については山口市潟上の南若川で採集した体長83.0-130.0mmの雌3個体および雄4個体を、B型については山口市仁保岩倉の仁保川で採集した体長80.0-200.0mmの雌18個体および雄16個体を用いた。いずれも1990年3月から10月にかけて採集したものである。なお、A型およびB型の識別は、酒井ら<sup>3)</sup>の方法に従った。

染色体標本の作製は、腎臓を用いて常法の空気乾燥法<sup>4)</sup>によった。各標本を検鏡し、良好な核板から頻度分布を求

水産大学校研究業績 第1481号、1994年7月15日受付。

Contribution from Shimonoseki University of Fisheries, No. 1481. Received July 15, 1994.

\*1 山口大学教育学部 (Department of Education, Yamaguchi University).

\*2 旧姓: 坪根 (née Tsubone). 現住所: 西宮市大屋町32-6-603 (Ohyamachi 32-6-603, Nishinomiya City).

\*3 水産大学校増殖学科水産増殖学第一講座 (Laboratory of Reproductive and Genetic Biology, Department of Biology and Aquaculture, Shimonoseki University of Fisheries).

\*4 現所属: (株) 日本海洋生物研究所 (Marine Biological Research Institute of Japan Co., Ltd).

\*5 現住所: 防府市牟礼 (Mure, Houfu City).

め、最頻値をその種の染色体数とした。染色体の分類は Levan<sup>5)</sup> の方法に従った。腕数 (NF) は、中部着糸型 (M: metacentric) および次中部着糸型染色体 (SM : submetacentric) を 2 腕、次端部着糸型 (ST : subtelocentric) および端部着糸型染色体 (A : acrocentric) を単

腕として数えた。新腕数 (NAN) の計数は、Arai and Nagaiwa<sup>6)</sup> の方法に従った。

染色体相対長は、全染色体合計長に対する個々の染色体の百分率で表した。

Table 1. Frequency distributions of diploid chromosome counts in *Zacco* sp. types A and B

Species	41	42	43	44	45	46	47	48	49	Total
Type A	2	6	8	9	10	12	8	52	1	107
Type B	2	1	4	6	7	7	49	1	77	

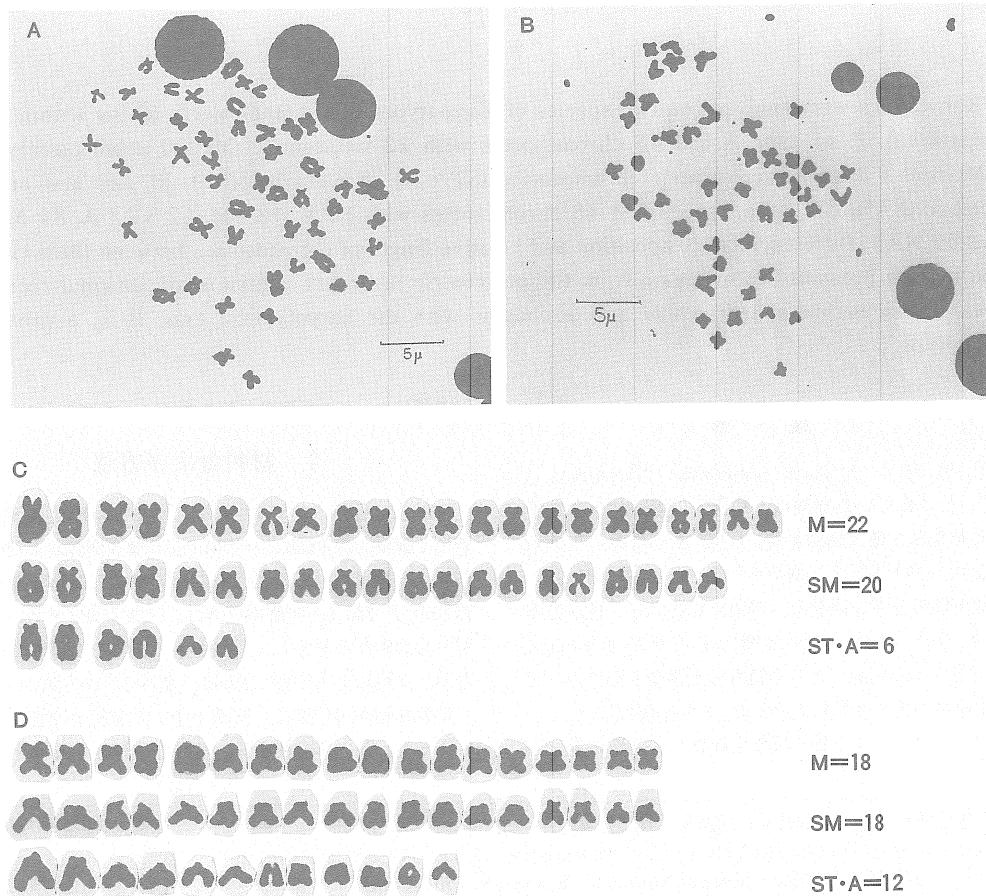


Fig. 1. Mitotic metaphase chromosomes and karyograms of *Zacco* sp. types A and B. A, a metaphase photograph of type A; B, a metapase photograph of type B; C, a karyogram of A ; D, a karyogram of B.

### 3 結 果

両種の染色体数頻度分布を Table 1 に、代表的な核板像を Fig. 1 に示した。

A型については核板数107を、B型については核板数77を計数した結果、いずれも染色体数48に最頻値があったことから、両種の染色体数を48とした (Table 1)。

最も良好な像が得られた3核板について染色体構成を調べた結果、A型では  $M=22$ ,  $SM=20$ ,  $ST+A=6$ , B型では  $M=18$ ,  $SM=18$ ,  $ST+A=12$  であり、両種間の構成に差異がみられた (Fig. 1)。NF は A型が 90, B型が 84, NAN は A, B型ともに 52 であった。なお、両種とも染色体構成に雌雄差はなかった。

同じ 3 核板から染色体相対長を求め、その平均値を Fig. 2 に示した。両種間に共通にみられた特徴は、M で 2 対、SM で 2 対、および ST, A で 1 対の大型染色体がみられたこと、さらに、M および SM では、両種で大きさの似かよった染色体が大型染色体に続いて漸次的配列をしていたことである。

一方、両種の大きな違いは、A型の染色体相対長の最大値と最小値の開きが B型に比べて大きいことであり、その傾向は ST, A において著しかった。また、染色体構成数の差異は、A型において M, SM の小型染色体の数が多いことに起因していた。

### 4 考 察

Ojima ら<sup>7)</sup>は、カワムツとオイカワが同じ染色体構成を示し、染色体数 48,  $M=18$ ,  $SM+ST=11$ ,  $A=8$  であるとしている。著者らの研究とは ST, SM および A の扱いが異なることから、単純に比較することはできないが、少なくとも  $M$  の数を比べると、Ojima ら<sup>7)</sup>の扱ったカワムツは本研究における B 型の可能性が高い。

染色体相対長比較において A, B 型で共通にみられた大型染色体や、漸次的配列をしていた大きさの似かよった染色体は、両種で相同であると考えられる。

一方、一部の染色体長や染色体構成に差異がみられたが、それらは一般的に染色体の切断と再結合によると考えられている。室伏<sup>8)</sup>によれば、本研究の結果のように染色体数に差異がない場合は、全腕転座や縦列融合、ロバートソン型融合などが起こっていないことを示している。染色体長の変化をもたらす変異として、不均等相互転座があるが、それをカワムツ A, B 型に当てはめれば、その変異はおもに ST, A 染色体に起こったものと考えられる。また、染色体構成数に変化をもたらすものとして、両腕間逆位や動原体転移があるが、カワムツの場合、それは小型染色体で起こったものと考えられる。

Okazaki ら<sup>2)</sup>は、カワムツのアイソザイム分析と地理的分布パターンから、カワムツ A 型は B 型から派生したと推論した。それに従えば、上記のような染色体構造変化は、

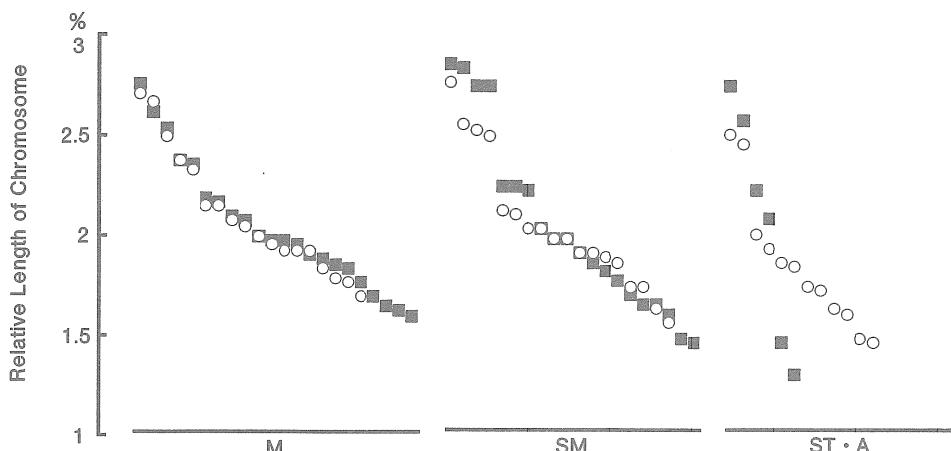


Fig. 2. Relative length of chromosomes (%) of *Zacco* sp. type A (closed square) and type B (open circle). M, metacentric; SM, submeta-centric; ST · A, subtelocentric and acrocentric chromosomes.

B型からA型方向に起こったことになる。このことは、カワムツ両種の共通の親類（外群<sup>9)</sup>）であるオイカワがB型と同じ核型を示し<sup>7)</sup>、それが共有祖先形質<sup>10)</sup>と考えられることからも支持される。

### 謝 辞

供試魚の採集にご協力いただいた当時水産大学校学生の宇野 郁、猪野秀樹および米花正三の各氏に厚くお礼申し上げる。

### 文 献

- 1) 片野 修：カワムツ，“日本の淡水魚”（川那部浩哉・水野信彦編），山と渓谷社，東京，1989，pp.239-243.
- 2) T. Okazaki, M. Watababe, K. Mizuguchi, and K. Hosoya : *Japan. J. Ichthyol.*, **38**, 133-140 (1991).
- 3) 酒井治己・永田昭広・藤岡 豊：水産大研報, **40**, 75-82 (1992).
- 4) 井田 斎：魚類の核型分析，“現代の魚類学”（上野輝彌・沖山宗雄編），朝倉書店，東京，1988，pp.202-217.
- 5) A. Levan, K. Fredga, and A. A. Sandberg : *Hereditas*, **52** : 201-220 (1964).
- 6) R. Arai and K. Nagaiwa : *Bull. Natn. Sci. Mus., Tokyo*, (A), **2**, 59-72 (1976).
- 7) Y. Ojima, M. Hayashi, and K. Ueno : *Japan. J. Genet.*, **47**, 431-440 (1972).
- 8) 室伏 誠：日大生活科研報, **9**, 95-157 (1986).
- 9) T. P. Maslin : *Syst. Zool.*, **1**, 49-70 (1952).
- 10) W. Hennig : *Phylogenetic Systematics*, Univ. Illinois Press, Urbana, 1966, pp. 70-196.