

ナミウズムシのDNA解析

埼玉県立松山高校 生物部2年 松本陽彩 松井海璃

野外で採取したナミウズムシのミトコンドリア CO1 領域の塩基配列を解析したところ、埼玉県内で採取した個体同士であっても配列が大きく異なっていることが分かった。また、外部形態がナミウズムシと同定された個体の中で、ミトコンドリア CO1 領域はアメリカツノウズムシの塩基配列となった個体が出現した。そこで日本におけるナミウズムシには遺伝的多様性があり、さらにナミウズムシの中には外来種由来の DNA を持つ個体が一定数いるのではないかと考え本研究を始めた。研究結果は以下の通りである。

① CO1 領域の分子系統樹 (図1) は、6つのクレードに分かれ、遺伝的多様性があることが分かった。*Dugesia umbonata* と *Dugesia japonica* (新潟県五泉市産) の CO1 領域の遺伝的距離は 4.9% だったが、この数字を基準にして種分化が判定できるとしたら、6つのクレードの集団は全て上回る。したがって、日本のナミウズムシは1種とされているが、6種程度の種分化が起きている可能性がある。

② 在来種と外来種の2種が混在している場所の形態でナミウズムシと同定した個体を選別した結果、外来種由来の遺伝子を核、またはミトコンドリアに持つ個体が27個体存在した。この外来種が混在していた出現率は、埼玉県寄居町赤浜が23%、寄居町天沼川が39%、埼玉県皆野町三沢が75%、神奈川県逗子市池子が50%であった。

③ 外来種由来の遺伝子の由来を明らかにするために在来種のナミウズムシに外来種を摂食させ DNA がどのくらい残存しているのかを調べた (図2)。摂食により取り込んだ DNA は約14日で完全に消化されていた。したがって、摂食により取り込んだ DNA を PCR で増幅して検出した可能性は否定され、有性生殖により外来種

の遺伝子を取り込んだ可能性が高い。

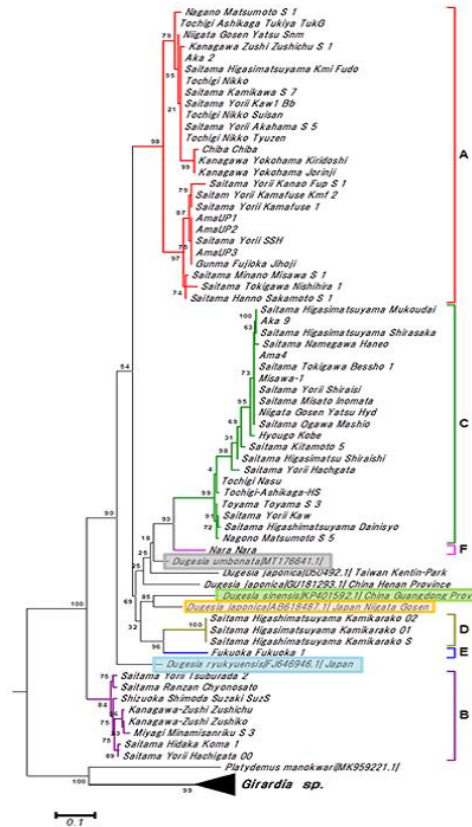


図1 ミトコンドリアCO1 領域に基づいた系統樹

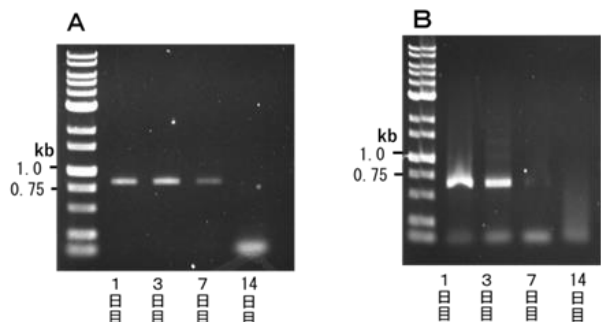


図2 ナミウズムシがアメリカツノウズムシを摂食した後の外来種のDNAの消失

A: CO1領域の外来種用プライマー

B: 28s領域の外来種用プライマー