

日本海の深海性バイ類の分類と地理的分布

メタデータ	言語: Japanese 出版者: 公開日: 2025-02-18 キーワード (Ja): キーワード (En): 作成者: 廣瀬, 太郎, 養松, 郁子, 後藤, 常夫, 木暮, 陽一 メールアドレス: 所属:
URL	https://fra.repo.nii.ac.jp/records/2013304

This work is licensed under a Creative Commons Attribution 4.0 International License.



日本海の深海性バイ類の分類と地理的分布

白井 滋・廣瀬太郎・養松郁子・後藤常夫・木暮陽一（日本海区水産研究所）

【目的】

日本海（北海道を除く）の水深 200m 以深に分布する有用なエゾバイ科貝類の分類を、分子ツールを使用して再検討した。また、その地理的分布概略についても考察した。

【材料・方法】

資源評価調査で実施しているズワイガニ資源調査による着底トロール網（水深 200～460m）、ベニズワイ生態調査による桁網調査（水深 200～2000m）、山形・新潟両県にお願いしているズワイガニカゴ調査（水深 250～500m）等によって、なるべく多くの深海性バイ類を収集した（>2500 個体）。形態による同定ののち、一部の個体について、その腹足部の筋肉を一定量採取し、常法により全 DNA を抽出した（>1500 個体）。PCR 増幅により、mtDNA の 16SrDNA の部分配列約 530bp を増幅し、塩基配列を決定した。観察されたハプロタイプを整理し、形態との対応および地理的な分布を検討した。

【結果・考察】

採集した深海性エゾバイ科貝類のうち、水産上有用種を含む 2 つの属、エゾボラ属(*Neptunea*) とエゾバイ属(*Buccinum*) には、それぞれ 8 個、21 個のハプロタイプが検出された。これらの系統的な関係は以下のように推定され（図）、5 つの群（ハプロタイプグループ）が認められた。この 5 群は、おおむね形態による同定に一致した。

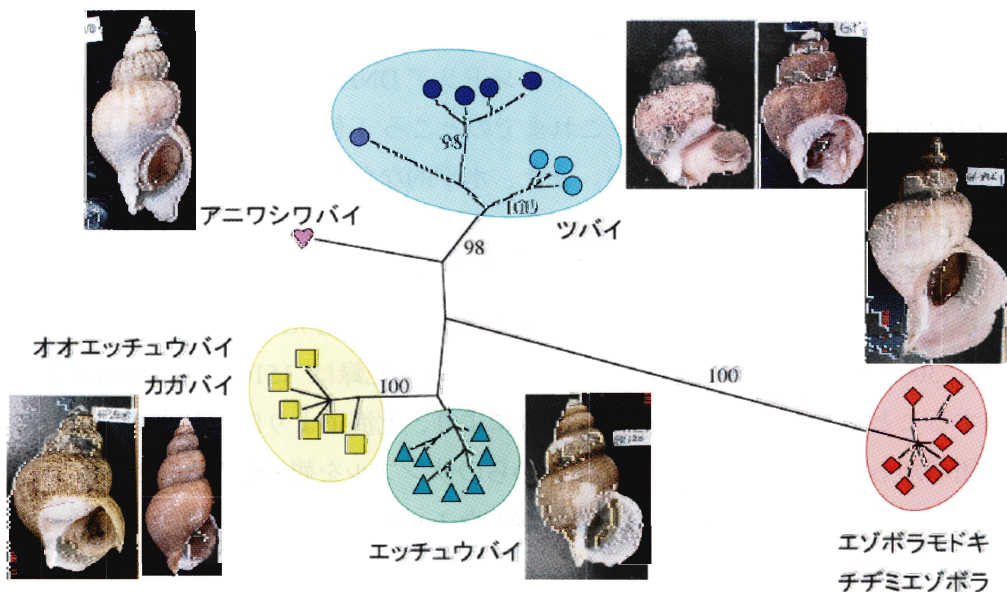


図. 得られたハプロタイプ間の系統関係（ベイズ法による：数字は、信頼のおける枝の事後確率）

エゾボラ属では、日本海に分布する重要種として、螺肋の強いエゾボラモドキと殻表が弱い縮み状を呈するチヂミエゾボラが知られる。螺肋の強弱で両者は区別できず、さらに前管溝や殻口の形態、色彩、外唇部分の反りなどで様々な形態が認められた。各海域・水深帯から検出された 8 個のハプロタイプは互いに数塩基で異なる程度であり、一つのハプロタイプグループをなした。また、水平・垂直的な分布は広く、秋田以南の各海域で水深 200m（以浅）から 1400m に及んでいて、海域や水深による形態変化は明瞭ではなかった。これらのことから、両既知種は形態変異の大きい同一種の可能性が高いと思われる。

エゾバイ属には、遺伝型から大きく 4 つの種群が認められた。形態的な特徴から、それぞれオオエッチュウバイ、エッチュウバイ、ツバイおよびアニワシワバイ(?)に相当すると考えられた。このうち、水産上重要種である前 3 者で明らかになったことは以下のとおりである。

- ・オオエッチュウバイに相当する遺伝型は、水深 200m 台から 1900m にまで、広く日本海に見られた。形態的にはエッチュウバイとの区別が難しいが、殻が薄く、殻幅があり、ずんぐりした印象がある。しかし、水深 400m 台以浅では、異なる形態を持つ個体にこのオオエッチュウバイの遺伝型が見られた。すなわち：

- 富山湾以北で漁獲されるカガバイは、エッチュウバイとの種の異同が問題になってきた種類である。しかし、観察したカガバイ 50 個体すべてがオオエッチュウバイの遺伝型を持っていた。形態的には両者は明らかに異なり、棲息水深も異なる（カガバイは 400m より浅く、オオエッチュウバイの形態的特徴を持つ個体は 500m 以深）。今回の結果は、カガバイとオオエッチュウバイが同種と考えるより、両者の間に遺伝子浸透(introgression)を仮定すると理解しやすい。
- 能登沖以西の水深 200～400m において、エッチュウバイとの間に、形態と遺伝型が一致しない個体が見られた（形態では、しばしば同定できない個体もあった）。こうした形態-遺伝型の不一致は能登半島以西の海域で広く見られたが、これまでのところ若狭沖において高頻度に検出されている。その原因は、種間交雑にあるかもしれない。

[ただし、遺伝子浸透、交雑ともに、ミトコンドリア DNA の観察だけでは結論はでない。]

- ・エッチュウバイは、遺伝型としては、これまでのところ 1 個体を除き 400m よりも浅い海域に現れていた（資源の主体は 250m 以浅）。また、水平的な分布は能登沖以西に限られていた。若狭沖（おそらく能登半島にかけて）では、上述したように、オオエッチュウバイとの遺伝的な関係がやや乱れていることが考えられる。今後、核 DNA の観察も加えて、オオエッチュウバイとの関係、さらにカガバイの分類的な扱いについて検討していきたい。
- ・ツバイは、300m 以深で分布密度が多い。調査での最深記録は 1510m で、1000m 以深でも高密度に分布することも確認された。Iguchi (2004) により、北海道より南の日本海に 3 つの異なる遺伝的な集団が知られる。今回は、様々な水深からのサンプルを観察したが、浅深による遺伝型の違いは確認できず、海域による集団区分を示唆した Iguchi 仮説は支持された（山形ー富山／大和堆／山陰沖）。

Iguchi A, Ueno M, Maeda T, Minami T, Hayashi I. 2004. Genetic population structure of the deep-sea whelk *Buccinum tsubai* in the Japan Sea. Fish. Sci. 70, 569-572.