

日本海ハタハタの遺伝的分化 -ミトコンドリアDNA調節領域の観察から-

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: 白井, 滋 メールアドレス: 所属:
URL	https://fra.repo.nii.ac.jp/records/2013306

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



日本海ハタハタの遺伝的分化 — ミトコンドリア DNA 調節領域の観察から —

白井 滋(日本海区水産研究所)

【目的】

日本海におけるハタハタの資源評価は、北部・西部の2系群に分けて行われている。この系群分けの根拠は沖山(1970)による形態調査で、両者の境界は能登半島(富山県と石川県)に設定されている。しかし、近年の漁獲情報や藤野・網田(1984)のアイソザイムによる研究は、このことを必ずしも支持していない。

生物種は、その地理的な分布が一様ではなく、いくつかの集団に分かれることが多い。ハタハタの場合は、産卵回遊を行う習性から、分集団化の現象を遺伝的な視点から認識できるのではないかと考えている。ここで紹介するのは、これまで行ってきたミトコンドリアDNA(mtDNA)調節領域についての観察結果である。

【材料・方法】

今回の発表用にとりまとめた観察個体は、計21サンプル群577個体である(サンプル群:一回の調査で採集された一まとまりの標本。20個体以上)。採集時期は、99年11月から03年7月までの期間である。

ハタハタのmtDNA調節領域は917bp前後のサイズを持っている。この領域の5'-端(先頭側)部分にある繰り返し配列及びほとんど変異の見られない後半部約300bpを除いた501塩基対を調査した。PCRによって、必要箇所を増幅し、直接塩基決定法によって配列を読みとり解析に供した。



【結果・考察】

得られた塩基配列データの概要は、以下のとおりだった。

- 501bp中、37の配列位置(サイト)で塩基置換が見られた(変異サイトの割合7.4%)。
 - ハプロタイプは110個検出された。出現頻度の高いハプロタイプはごく少数で、その他は全サンプル中に1〜数個しか検出できなかった。
 - ハプロタイプの分布表を作ってみると、日本海のサンプル群には、海域ごとにまとまるような傾向は見られず、かといって組成が全域で一様であるようにも思われなかった。
- このデータに対し、統計的な解析を加えたところ、次のような海域性を見ることができた。
- 道東、道南のサンプル群は、互いに、またその他すべての日本海のものと有意に異なっていた。
 - 日本海の中では、いくつかのサンプル群間の違いに有意性が検出された。しかし、その結果を海域間の違いとして拡大解釈することはできない。

表 ハタハタの mtDNA 調節領域前半部で観察された海域ごとの遺伝的特徴

海 域	若狭以西	能登周辺	佐渡以北	北海道西	道 南	道 東
サンプル群数	8	6	4	1	1	1
サンプル数	209	190	103	25	30	20
遺伝子多様度(h : 平均)	0.811	0.797	0.670	0.854	0.880	0.900
ハプロタイプ群の頻度(%)						
a グループ	79.4	75.8	89.3	72.0	3.3	15.0
b グループ	18.7	15.8	8.7	24.0	70.0	35.0
c グループ	-	-	-	-	26.7	50.0
d グループ	1.9	8.4	1.9	4.0	-	-

以上のような結果をどう解釈するかが、今日の話題である。得られたデータを子細にながめてみると、以下のような事がらを読みとることができた。

●日本周辺のサンプル全体には、大きく4つに区分できるハプロタイプのグループがある(仮にa、b、c及びdグループと呼ぶことにする)。cとdのグループは、それぞれもっとも近いと思われるaグループのハプロタイプと7つ以上の塩基で異なっていた。

●道東、道南のサンプル群を特徴づけているのは、このうちのcグループである。cグループはこれらの海域に特異的に現れ、その出現頻度も高かった。

●dグループは日本海にだけ分布する。その出現頻度は決して高くなかったが、その分布は一様でなく、能登半島の周辺(金沢沖-能生)に偏在していた。

●遺伝的な変異の程度を示す尺度である「遺伝子多様度」(gene diversity: h)を見ると、佐渡以北(粟島沖及び秋田県沖)のサンプル群でやや低い傾向が認められた。同時に、これらのサンプル群では個体当たりのハプロタイプ数も少なかった。秋田県沿岸に産卵回帰する北部日本海の集団は、1970年代後半にその集団サイズを極端に減少させており、これによって多くのマイナーな遺伝型がこの海域から消失した(びん首効果)ことが予想される。こうした低めの指標値は、隣接する海域では観察されなかった。

以上の観察結果から、日本海における遺伝集団の存在を考えてみた(少々大胆な作業仮説ではあるが)。まず、dグループのハプロタイプで特徴づけられる「能登周辺」(1)、回復過程にあるのだろうが現在でもやや多様性の低い「佐渡以北」(2)をあげることができる。若狭湾付近は、漁業情報などから山陰集団とこれより北に広がる集団の境界があることが知られており、今回の「若狭以西」(3)のサンプル群は上記2集団とは別の遺伝的なまとまりと考えられる。「北海道西」(4)は、渡島半島の西側で日本海北部(佐渡以北)の集団とは(漁場形成などからも)途絶されているようで、独立した一集団を作るものとみなされる。

【今後】

日本海における集団分化を解明するには、新たなDNAマーカーの探索が欠かせない。同時に、より効果的な実験を組むためには、それぞれの海域を代表するようなサンプル群を同時に収集すること(できれば、産卵期と夏季の2回)が必要と考えている。その際には、朝鮮半島東岸のサンプルも。各サンプル群としては、海域の特徴を知るために(mtDNA調節領域の場合)50個体程度を観察するべきだろう。