

日本周辺におけるタナカゲンゲ *Lycodes tanakae* の遺伝的集団構造

佐久間 啓・小島茂明（東京大学大気海洋研究所）

【諸言】

適切な資源管理には、対象となる魚種の資源構造の把握が不可欠である。近年の研究から、大規模な産卵回遊を行う魚種が少なくないことが示され、海洋生物の集団構造が予想を超えて複雑であることが明らかになってきた。

タナカゲンゲ *Lycodes tanakae* は日本海およびオホーツク海に生息する大型の底生魚類で、日本海深海域の優占魚種である。本種は底びき網にて漁獲され、近年は首都圏にも出荷されているが、持続可能な資源利用に必要とされる生態的知見は不十分である。そこで本研究では分子生物学的手法を用いてタナカゲンゲの集団構造把握を試みた。

【材料・方法】

日本海産のサンプルは2011年5月から6月にかけて但州丸（兵庫県立香住高校）にて採集されたものを、オホーツク海産のサンプルは北海道区水産研究所により採集されたものを、それぞれ用いた。集団構造解析には、ミトコンドリアDNA（mtDNA）のなかで最も変異速度の速い「調節領域」の塩基配列を用いた。

【結果と考察】

日本海、オホーツク海において採集されたタナカゲンゲから得られた mtDNA 調節領域(513bp)の塩基配列をもとに解析を行ったところ、2つの海域間で遺伝的な分化は見られず、ごく最近まで海域間の遺伝的交流があった（もしくは現在も交流がある）ことが示唆された。日本海とオホーツク海は最終氷期最寒冷期（30,000年～15,000年前）には陸橋によって完全に隔離されていたことが示唆されている。タナカゲンゲと同所的に生息するゲンゲ類であるノロゲンゲ *Bothrocara hollandi* については、オホーツク海と日本海の遺伝的集団が少なくとも70,000年以上前に分化したとの推定がなされており（Kojima *et al.* 2011）、今回の結果はタナカゲンゲが日本海・オホーツク海間を隔てる浅い海峡（間宮海峡；水深10m、宗谷海峡；水深60m）を越えて分散している（もしくは過去に分散した）可能性を示唆している。日本海で生息するゲンゲ科魚類の中でも、タナカゲンゲは1. 特に大型に成長する 2. 分布が沿岸域に限られる 3. 抱卵数が非常に多い、という3点において特異的であり（Okiyama 2004）、生活史のどの段階で大規模に分散するのか今後確認する必要がある。