

## サケビクニン類の遺伝的変異と分類学的扱い

甲斐嘉晃（京都大学フィールド研）

### 【背景と目的】

クサウオ科のサケビクニン *Careproctus rastrinus* は日本海・東北太平洋沖からオホーツク海、ベーリング海を経てアラスカ湾まで北太平洋に広く分布している。しかし、近縁種であるザラビクニン *C. trachysoma* など数種との区別が困難であり、分類学的に混乱している。本研究では、サケビクニンとその近縁種を対象とし、遺伝的分析手法を用いることで、これらの分類学的混乱を解消するとともに、サケビクニン類の種分化について考察することを目的とした。

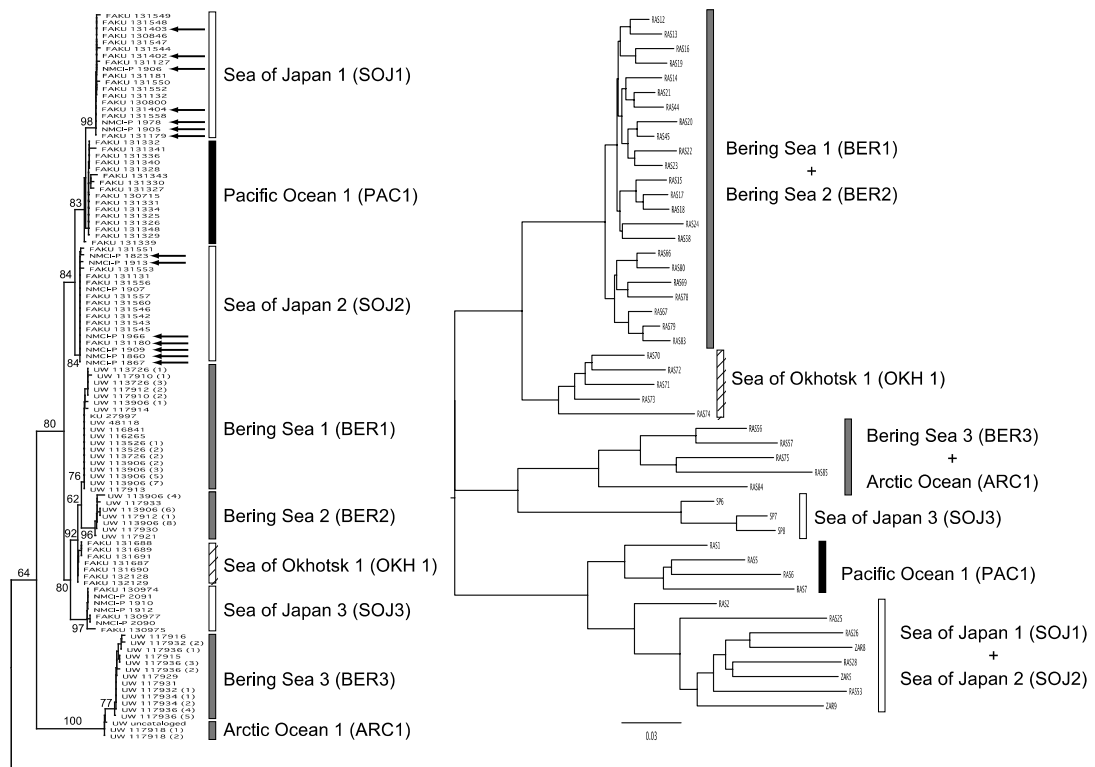
### 【材料と方法】

標本は、サケビクニン類の分布を網羅した日本海、オホーツク海、東北太平洋沖、ベーリング海、北極海、アラスカ湾から得た。これらについて、まずミトコンドリア DNA(mtDNA)のチトクローム *b* 遺伝子、CO I 遺伝子領域の部分塩基配列約 1200 塩基対を決定し、系統樹を推定した。また、AFLP（増幅断片長多型解析）法を用いた核 DNA の分析も併せて行った。

### 【結果と考察】

mtDNA を用いて系統樹を推定したところ、サケビクニン類には各海域に対応した 9 系統が含まれることが明らかとなった（Kai et al. 2011）。日本海には 3 系統、ベーリング海（アラスカ湾）にも 3 系統が分布し、オホーツク海、東北太平洋、北極海には各 1 系統が分布していた。色彩の違いで同定したサケビクニンとザラビクニンは、遺伝的には区別できず、色彩の違いは種同定には不適切であると考えられた。一方、AFLP 法を用いた核ゲノムの分析では 6 系統が確認された。mtDNA の 8 系統のうち、日本海の 2 系統、ベーリング海の 2 系統、ベーリング海の 1 系統と北極海の 1 系統、それぞれのペアは、核 DNA の分析では分化が確認できなかった。残りの 3 系統（日本海、オホーツク海、東北太平洋のそれぞれ 1 系統）は mtDNA の系統と一致した。mtDNA と核 DNA で結果が一部一致しなかったが、これはサケビクニン類が複雑に集団分化と交雑（二次的接触）を繰り返した結果で、mtDNA は必ずしも現在の遺伝的分化を表せていないと考えられる。

以上の分析から、サケビクニン類には海域ごとに分化した少なくとも 6 種が含まれ、日本海には 2 種のサケビクニン類が分布することが明らかとなった。1 種は、日本海に普通に見られ、ザラビクニン *C. trachysoma* と同定するのが妥当である。この種には、体色が黒っぽいものから淡赤色のものまで幅広い変異が認められる。もう 1 種は、分布が限られており、現在のところ能登半島西岸沖でのみ採集されている。この種は小型で全長 10cm 程度にしかならず、胸鰭下部の軟条がザラビクニンほど伸長しないと言うことで区別可能である。



【図】 ミトコンドリア DNA (左) と核 DNA (右) から推定した系統樹

【引用文献】

Kai Y, Orr JW, Sakai K, Nakabo T (2011) Genetic and morphological evidence for cryptic diversity in the *Careproctus rastrinus* species complex (Liparidae) of the North Pacific. Ichthyol Res 58:143–154