

日本近海から得られたアバチャンの遺伝的集団構造

東海林 明（京都大学大学院農学研究科）・甲斐嘉晃（京都大学フィールド研）

上田祐司（日本海区水産研究所）・濱津友紀（北海道区水産研究所）

伊藤正木（東北区水産研究所）・中坊徹次（京都大学総合博物館）

[目的]

アバチャンは西部北太平洋の深海域に生息するクサウオ科魚類の一種であり、我々の研究によって、2 色彩型（黄色斑紋型・赤色斑紋型）の存在が明らかとなっている。日本海本州沖には黄色斑紋型が、日本海北海道沖、オホーツク海、太平洋には赤色斑紋型がそれぞれ分布しており、色彩型間には形態的差異が認められる。赤色斑紋型は複数海域にまたがって分布しており、弱いながらも海域間の形態的差異が認められている。そこで本研究では、2 色彩型間の遺伝的關係に加え、海域間での比較を行い、アバチャン種内の遺伝的集団構造について調べた。

[方法]

日本海本州沖 58 個体、日本海北海道沖 1 個体、オホーツク海 42 個体、太平洋 39 個体のアバチャンをそれぞれ用いた。ミトコンドリア DNA(mtDNA)の Cyt *b* と COI 遺伝子領域の部分塩基配列からネットワーク図を推定し、ハプロタイプ間の遺伝的関係を、そして Φ_{ST} 値の検定から集団間の遺伝子流動の有無を調べた。さらに、全ゲノムを対象とする AFLP 法により得られた多型データを用い、主座標分析によって遺伝的集団構造の推定を行った。

[結果と考察]

日本海、オホーツク海、太平洋から得られた個体の mtDNA のハプロタイプはそのネットワーク図において、黄色斑紋型（日本海本州沖）と赤色斑紋型（オホーツク海・太平洋・日本海北海道沖）がまとまって配置され、さらに赤色斑紋型内において、海域ごとにまとまる傾向が認められた。 Φ_{ST} 値の検定においても、日本海本州沖、オホーツク海、太平洋の全ての組み合わせにおいて遺伝子流動が制限されているという結果が得られた。また、AFLP 法の結果に基づく主座標分析においても、各海域の個体がまとまってプロットされる傾向が認められた。これらの結果は本種が色彩型間だけでなく、海域ごとでも遺伝的に分化し、集団構造を形成していることを表している。

海産魚類は卵や仔魚期に海流の影響などによって大きく分散するものが多く、一般に集団構造を形成しにくいとされている。しかし、アバチャンを含め、クサウオ科魚類は大型の沈性卵を産出し、分散能力が低いと考えられている。そのため、日本海、オホーツク海、太平洋の間にある狭い海峡が本種の分散を妨げる障壁として機能することで、海域間での遺伝的分化が生じたものと考えられるが、本種の分布水深は 35–700 m であり、それらの海峡の最浅部よりも浅い水深にも分布している。これは本種にとって、単に水深が物理障

壁となっているのではなく、海流や水塊構造が障壁として機能している可能性を示唆している。今後はより密なサンプリング等により、さらに詳細な遺伝的集団構造を推定する必要がある。

・アバチャン2色彩型



赤色斑紋型

FAKU131192, 99.2mmSL 太平洋東北地方沖



黄色斑紋型

FAKU98908, 117.6mmSL 日本海京都沖

・ハプロタイプネットワーク

