

異なったメバチ系群を判別する遺伝子マーカーの発見と系群間の混合率推定						
[要約]大西洋とインド-太平洋のメバチ2系群を判別できるミトコンドリア DNA マーカーを発見した。南アフリカ周辺の漁場で収集したメバチ標本を分析したところ、2系群からの個体が時期と海域によってさまざまな割合で混合していることが明らかになった。						
遠洋水産研究所・浮魚資源部・熱帯性まぐろ研究室				連絡先	0543-36-6045	
推進会議	遠洋漁業関係試験研究推進会議	専門	資源生態	対象	まぐろ	分類 研究

[背景・ねらい]

高度回遊性魚類における遺伝的系群解析は非常に困難であることが予想されるため、高度に多型のな遺伝子マーカーの利用が必須であると考えられてきた。しかし、実際にはできるかぎり単純なマーカーの方が系群判別や混合率推定に対しては実用的である。

[成果の内容・特徴]

- ・メバチのミトコンドリア DNA 遺伝子型分析を行ったところ、全世界のメバチは大きく2タイプ(α と β)に分けられることが分かった(図1)。
- ・大西洋の4標本244個体中では α タイプが178個体出現したが、インド-太平洋の4標本195個体中では α タイプが1個体しかみられなかった(図2)。
- ・大洋標本間では遺伝子型頻度が極端に異なること及び各大洋内の標本間では差がないことから、大西洋とインド-太平洋のメバチ個体群間には遺伝的交流がないと考えられた。高度回遊性魚類でこのような極端な差異を示す遺伝子マーカーが発見された前例はない。
- ・本マーカーを利用して南アフリカケープ沖漁場で漁獲されたメバチ標本を分析したところ、時期と海域によって大西洋系群の混合率が標本ごとに数%から100%まで大きくばらついた(図2)。すなわちこの海域では両系群が混合/棲み分けしていることが示唆された。

[成果の活用面・留意点]

本研究で発見された非常に単純な遺伝子マーカーを用いれば、メバチ2系群の混合率がかなり正確に推定できる。南アフリカ周辺海域では明らかに大西洋とインド洋のメバチ系群が混合しており、本マーカーは、それぞれの系群からのメバチがどれくらい漁獲されているかを推定する指標になりうる。また、標本を時空間的にさらに細かく収集し分析することにより、海洋環境の変動と系群の動態との関連を明らかにできるものと考えられる。

[その他]

研究課題名：DNA を利用したまぐろ・かじき類の種判別法の簡便迅速化及び系群解析のための遺伝子マーカーの開発

予算区分：経常

研究期間：平成11年度(平成10～14年度)

研究担当者：張 成年・岡本浩明・宮部尚純・竹内幸夫

発表論文等：Chow, S., Okamoto, H., Miyabe, N., Hiramatsu, K. and Barut, N. (2000): Genetic divergence between Atlantic and Indo-Pacific stocks of bigeye tuna (*Thunnus obesus*) and admixture around South Africa. *Molecular Ecology* 9: 221-228.

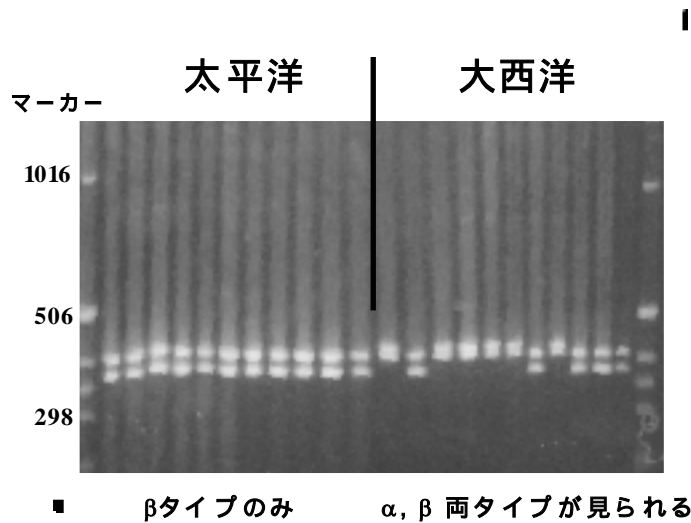


図1. メバチのミトコンドリアDNAのATPase遺伝子における制限酵素切断片長多型(RFLP)

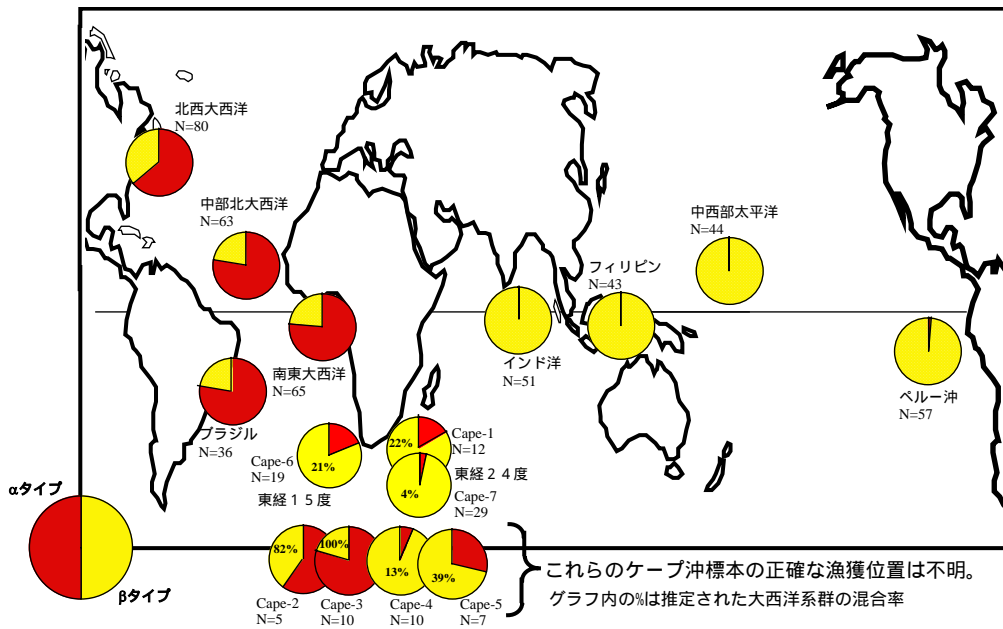


図2. メバチ標本のミトコンドリアDNA遺伝子型頻度