

メジナおよびクロメジナのハイブリッド個体検出法の検討

齊藤高志・大力圭太郎・ 糸井史朗・杉田治男(日大生物資源)

【目的】メジナ *Girella punctata* およびクロメジナ *G. leonina* は、産卵時期および場所に大きな差異がないことから、両種のハイブリッド個体を生じる可能性がある。両種が共存している太平洋沿岸のうち静岡県下田市沿岸では、メジナおよびクロメジナ両種の形態学的特徴を併せもつ個体が観察されている。そのため本研究では、分子生物学的な手法を用いて両種のハイブリッド個体の検出を試みた。

【方法】メジナ属試料は静岡県下田市で採取後、形態学的特徴からメジナとクロメジナに判別し、中間の形質を示した個体をハイブリッド様試料とした。その後、16S rRNA 遺伝子をPCRにより増幅して塩基配列を決定した後、両種およびハイブリッド様試料で比較した。また、ITS2 領域を対象にSSCP分析を行うとともに、当該領域の塩基配列を決定して、両種およびハイブリッド様試料間で比較した。

【結果】得られたメジナ属試料35個体のうち、6個体の側線鱗数が両種の計数形質とは異なっていた。これらハイブリッド様個体の16S rRNA 遺伝子の塩基配列は、両種の側線鱗数以外の形態学的特徴のパターンと一致した。ITS2 領域の増幅産物を対象にSSCP分析を行った結果、泳動パターンはメジナおよびクロメジナでは異なるパターンを示したが、ハイブリッド様個体のパターンは16S rRNA 遺伝子の型にと一致した。また両種のITS2 領域の塩基配列を比較した結果、他の近縁魚種間の当該領域の一致率と比較して非常に高い相同性を示した。