

伊豆諸島近海および岩手県沿岸におけるクロムツ個体群
の集団遺伝学的検討

○野口俊輔・糸井史朗・村木俊彦（日大生物資源）
野田勉（水研セ宮古）・湯浅航平・高井則之・吉原喜好
杉田治男（日大生物資源）

【目的】クロムツ *Scombrops gilberti* は伊豆諸島近海から岩手県沿岸にかけての限られた海域に生息していることが明らかにされている。しかしながら、幼魚の大部分が岩手県沿岸でのみ検出されるのに対し、成魚は全て伊豆諸島近海でのみ認められる。そこで本研究では、伊豆諸島近海および岩手県沿岸に生息している個体群の遺伝的多様性を比較し、個体群間の関係を明らかにすることを目的とした。

【方法】伊豆諸島近海および岩手県沿岸で採取されたクロムツのそれぞれ30個体から全DNAを抽出し、mtDNAのチトクロムb遺伝子領域をPCR法により増幅した。増幅されたDNA断片をサイクルシーケンス法により配列を決定し、ハプロタイプの検出を行った。また、コンピュータソフト Arlequin および TCS プログラムを用いて遺伝的集団構造の解析を行った。

【結果】伊豆諸島近海および岩手県沿岸の各海域より採取した試料のチトクロムb遺伝子領域(1141 bp)を比較した結果、伊豆諸島近海の個体群では19、岩手県沿岸の個体群では18のハプロタイプが検出された。また、これらの配列をもとにして構築したTCSネットワーク樹では、主要なハプロタイプおよびそこから分岐する多数のハプロタイプから構成されていた。Arlequinを用いた集団遺伝学的解析では、両個体群共にハプロタイプ多様度が極めて高いのに対し、塩基多様度は極めて低かった。また、 F_{st} 値が0.00048と低い値を示していた。以上の結果から、伊豆諸島近海および岩手県沿岸のクロムツの両個体群間に遺伝的な差は認められず、成長に伴って両海域を大規模に回遊していることが示唆された。