

## ミトコンドリア DNA 塩基配列に基づくカニ類の 分子集団遺伝学的アプローチ

○ 東 典子 (北大院水)・國廣靖志 (北海道函館水試)・佐々木潤 (北海道函館水試)・  
野澤 靖 (北海道網走水試)・三原栄次 (北海道稚内水試)・三原行雄 (北海道中央水試)・  
安永倫明 (北海道釧路水試)・阿部周一 (北大院水)  
キーワード：ケガニ・ベニズワイガニ・分子遺伝マーカー・集団遺伝

安全で安定した水産食料品の供給システムを構築する上で、水産生物の遺伝的集団構造を把握してその多様性を明らかにすることは、対象種の保全と資源管理による持続的な利用、さらには育種のため不可欠である。このためには有効な DNA マーカーによる個体群動態の把握や系群識別が必要であるが、ほとんどの水産生物ではマーカー作成に必要なゲノム DNA の配列情報がまだ少ない。このような状況下で、本研究は、ケガニ (*Erimacrus isenbeckii*)・ベニズワイガニ(*Chionoecetes japonicus*)などについて多型 DNA マーカーを開発し、集団遺伝学的解析を推進している。

ミトコンドリア DNA は分子進化が速く種内でも塩基配列の多型を示す領域が多いこと、母性遺伝するため系統解析の混乱を避けられることなどから、集団遺伝学的解析に用いられることが多い。ケガニ・ベニズワイのゲノムを鋳型として、ミトコンドリア DNA 遺伝子の中でも種内多型が予想される CO1 遺伝子領域・調節領域・16SrRNA 領域などについて、PCR 増幅・ダイレクトシーケンスに使用可能なプライマー設計を試みたところ、CO1 と 16SrRNA で良好な結果を得られた。このうち 16SrRNA 領域は種内多型が乏しく遺伝マーカーとして適当ではなかったが、CO1 の後半 650bp には十分な多型が見られ、ケガニ (太平洋およびオホーツク海から 8 集団 340 個体) で 17 タイプ、ベニズワイ (日本海から 3 集団 125 個体) で 16 タイプの遺伝子型が見つかった。

ケガニでは、遺伝子型間相互の違いはほとんど同義置換によるもので、最も遺伝的距離が大きい遺伝子型同士では 5 サイトの塩基置換が見られた。集団ごとの遺伝子型頻度を調べると、全ての集団で多く見られる遺伝子型 (Eicom) が存在するが、地域によって頻度の違いがあり、太平洋沿岸とオホーツク海沿岸では異なる傾向が見られた。ベニズワイでも遺伝子型の違いはほとんど同義置換であり、最も遺伝的距離が大きい遺伝子型同士では 4 サイトの塩基置換が見られたが、遺伝子型ネットワーク図は最も多い遺伝子型 (CJcom) を中心に一塩基置換の変異型が放散する星状であった。CJcom 以外の遺伝子型はそれぞれ 1-3 個体程度でしか見つからず、この集団が新しく成立したか、もしくは近い過去に個体数の減少によるボトルネック効果を受けたことを強く示唆している。

今後はこの CO1 領域をマーカーとして、さらに多くの集団・個体を解析することによって集団構造を精査するとともに、マイクロサテライトマーカーの開発によって核 DNA から見た遺伝構造も調べていく予定である。