

# 日本海と太平洋の沿岸生物系群の分化

横川浩治 (香川県多度津町)

日本の沿岸には日本海と太平洋に共通して分布する海洋生物が多いが、従来、単一種とみられていたものが実は両海域間で高度に分化している事例を報告する。

カタクチイワシは重要な水産資源のひとつだが、多獲性魚類にしばしばみられる地方系群の問題については感覚的な通説があるにすぎず、それを科学的に実証した知見は皆無に等しい。そこで、日本各地に生息するカタクチイワシを入手し、アイソザイム分析による集団遺伝学的解析を行なって地方系群の存在の有無を明らかにすることを試みた。

調べたサンプルは、陸奥湾、石川、香住、響灘、長崎、八代海、錦江湾、宮崎、広島湾、宇和島、土佐湾、徳島、那智勝浦、遠州灘、外房、宮城の計 17 集団と、香川県沿岸海域から得られた数集団である。実験の結果、15 酵素 1 非酵素タンパクを検出し、計 33 遺伝子座を推定したが、このうち 32 遺伝子座の存在が推定された MDH-3\* 遺伝子座を除く 32 遺伝子座を解析に用いた。

本種の場合、いずれの集団とも遺伝的多様性がかなり高く、多くの遺伝子座において高い変異性を示した。中でも PROT3\* 遺伝子座が特徴的であり、集団ごとにかなり独特な遺伝子組成を示した。この遺伝子座では、日本海の集団とその他の地域の集団間で主対立遺伝子が置換しており、遺伝的距離によるこれら 2 群の遺伝的相違の程度は亜種間に近い水準に達していた。このことから、日本近海のカタクチイワシは瀬戸内海を含む太平洋系群と、東シナ海・日本海系群のふたつに大別される可能性が考えられた。

アオリイカも重要な漁業資源のひとつだが、地方系群についての知見は乏しいため、日本各地に生息するアオリイカを入手し、アイソザイム分析による集団遺伝学的解析を行なって、地域群間の遺伝的類縁性について調べた。

アオリイカには、生物学的に別種と考えられる遺伝的に高度に分化した 3 型(シロイカ、アカイカ、クアイカ)の存在が知られているが (Izuka et al., 1994), 今回は、石川、京都、佐賀、鹿児島、宮崎、徳島(牟岐、北灘)、三重、静岡、千葉産の計 10 集団の“シロイカ”と、沖縄産の“アカイカ”集団の合計 11 集団について調べた。

実験の結果、21 酵素 1 非酵素タンパクを検出し、計 34 遺伝子座を推定した。“アカイカ”と“シロイカ”グループの間では 5 遺伝子座で対立遺伝子が完全置換しており、両者の遺伝的距離の平均値は 0.2 に近く、Izuka et al. (1994) によって報告された“アカイカ”の遺伝的独立性が再確認された。また“シロイカ”のグループ中では LDH4\* 遺伝子座が特徴的で、日本海の集団とその他の地域の集団間で対立遺伝子が完全置換しており、遺伝的距離によるこれら 2 群の遺伝的相違の程度は亜種間に近い水準に達していた。このことから、日本本土近海のアオリイカ(シロイカ)は日本海系群と太平洋系群のふたつに大別される可能性が考えられた。

これら 2 例以外にも、日本海と太平洋の系群で形態的あるいは遺伝的に異なる事例が、サザエ、ツクシトビウオ、カサゴなどの海洋生物で知られている。これらはおそらく同様のメカニズムで分化したものと考えられ、日本列島近海を流れる海流や、氷河期における朝鮮海峡の閉塞などの地理的要因の可能性が考えられた。これらと同様に、他の海洋生物でも同じメカニズムで分化をしている可能性が強く、その解明に向けて多くの種について今後の研究が期待される。