

Title	有明海産スズキ個体群の起源に関する分子遺伝学的研究(Abstract_要旨)
Author(s)	中山, 耕至
Citation	Kyoto University (京都大学)
Issue Date	2000-05-23
URL	http://hdl.handle.net/2433/151585
Right	
Type	Thesis or Dissertation
Textversion	none

氏 名	なか やま こう じ 中 山 耕 至
学位(専攻分野)	博 士 (農 学)
学位記番号	農 博 第 1139 号
学位授与の日付	平成 12 年 5 月 23 日
学位授与の要件	学位規則第 4 条第 1 項該当
研究科・専攻	農学研究科応用生物科学専攻
学位論文題目	有明海産スズキ個体群の起源に関する分子遺伝学的研究

論文調査委員 (主 査) 教授 田 中 克 教授 坂 本 亘 教授 中 坊 徹 次

論 文 内 容 の 要 旨

スズキ属 *Lateolabrax* は東アジアに広く分布する広塩性の海産沿岸魚であり、そのうちのスズキ *L. japonicus* は日本沿岸と朝鮮半島南岸に、タイリクスズキ *L. sp.* は朝鮮半島西岸から中国沿岸にかけて側所的に分布する。タイリクスズキは体側に多数の黒点を持つが、スズキは持たないなど両者は形態的に異なり、またアロザイムなど遺伝的な特徴でも識別される。しかし、スズキの分布範囲内の九州有明海には、体側に小黒点を持つなどタイリクスズキ的な形態学的特徴を示す個体群の存在が知られていた。

有明海のスズキ個体群は、個体発生初期に集団的に河川淡水域に遡上するなど、日本沿岸の普通のスズキとは生態的にも異なる性質を持つ。この個体群の由来については、スズキである、タイリクスズキである、およびタイリクスズキの遺伝的影響を受けたスズキである、という三つの仮説が提示されてきたが、詳細は不明であった。この点を解明することは、スズキ資源を利用・管理する上で、またスズキ亜目魚類における河川遡上生活史の進化過程を推察する上で重要と考えられる。本論文では、この有明海のスズキの由来を明らかにすることを目的とし、スズキ、タイリクスズキおよび有明海のスズキの 3 者について、個体発生初期における形態学的研究、ミトコンドリア DNA 調節領域の塩基配列分析、および AFLP 法による核ゲノムのフィンガープリント分析を行った。

まず、形態学的研究では、スズキとタイリクスズキの間で仔稚魚期の形態的特徴に大きな差異があることが明らかとなった。有明海のスズキは、色素胞の分布様式については基本的にスズキと同様であったが、一部の計数形質においてはスズキともタイリクスズキとも有意に異なった。しかし、この結果のみでは有明海のスズキの由来を明らかにすることはできず、次に分子遺伝学的手法による研究を行った。

ミトコンドリア DNA 調節領域の塩基配列に基づく遺伝子系統樹分析の結果では、スズキとタイリクスズキはそれぞれ独立したハプロタイプグループを形成し、互いに明瞭に識別された。しかし、有明海のスズキには、スズキ型のハプロタイプを持つ個体とタイリクスズキ型のハプロタイプを持つ個体の両方が含まれた。AFLP 法による核ゲノムの分析では、まず、スズキとタイリクスズキの間の識別マーカーとなる DNA 断片、すなわちスズキには出現するが、タイリクスズキには出現しない、またはその反対となる DNA 断片を捜し、計 26 本のマーカーを得た。これらを用いて有明海産スズキのゲノムを調べたところ、有明海のスズキの各個体は、その個体が持つミトコンドリア DNA のタイプにかかわらず、スズキ特異的な DNA 断片とタイリクスズキ特異的な DNA 断片の両方を様々な割合で持っており、ゲノムの構成はモザイク状であった。これらの結果は、有明海のスズキには、スズキ由来のゲノム要素とタイリクスズキ由来のゲノム要素とが様々な割合で組み換えられて混在していることを示しており、有明海のスズキは両種が遺伝的に混合した交雑由来の個体群であることが明白となった。

有明海のスズキの中に、スズキとタイリクスズキの雑種第一代と推定されるマーカー組成を有する個体は認められず、また沿岸魚であるタイリクスズキが対馬・朝鮮両海峡を越えて有明海に新規に加入してくることは現在では困難と考えられる。

したがって、有明海のスズキは、側所的に分布する2種の分布域の接点に形成されるいわゆる交雑帯個体群ではなく、過去の種間交雑に起源し、現在では親種から独立的に存続している個体群であると考えられる。

有明海内部および近隣海域の数カ所から得られたサンプルを調べた結果、このような交雑起源の個体群は有明海および八代海にのみ分布し、佐賀県玄界灘側の唐津湾には普通のスズキが分布することが明らかとなった。また、有明海のなかでも、個体発生の初期に河川淡水域を成育場とするものと、海域の砂浜海岸砕波帯を成育場とするものとは、前者の方がミトコンドリアゲノムにおいても核ゲノムにおいてもタイリクスズキの影響を強く受けており、両者間では遺伝学的特徴に著しい差異が認められた。このことは、それらの間にある程度の生殖的隔離が存在する可能性を示唆している。

論文審査の結果の要旨

有明海の干満差は大潮時には最大6mに達し、湾奥部には広大な干潟と河口域が広がる。当海域には多くの特産種や準特産種の存在が知られており、それらは中国大陸沿岸域に共通種や近縁種を持つことより、“大陸遺存種”と考えられてきた。有明海における最も重要な魚類資源であるスズキも、形態・計数形質やアロザイムの分析より異質性が指摘されてきたが、その由来は不明なままであった。本論文は初期個体発生情報ならびにミトコンドリアゲノムと核ゲノム情報より、有明海産スズキの起源に詳細な検討を加えた。評価すべき主な点は以下のとおりである。

1) 中国産タイリクスズキ *Lateolabrax* sp., 日本産スズキ *L. japonicus* 及び有明海産スズキ仔魚を変態完了まで飼育し、いくつかの個体発生初期形質において有明海産スズキは前2者とは異なることを示した。

2) 日本の沿岸各地、朝鮮半島南・西部、香港、台湾などよりタイリクスズキとスズキの標本を集め、ミトコンドリアDNA調節領域の塩基配列を分析した。その結果、有明海以外の全てのスズキはスズキ型ハプロタイプに、全てのタイリクスズキはタイリクスズキ型ハプロタイプに属したが、有明海産スズキには両ハプロタイプが認められた。

3) 核ゲノムを AFLP 法を用いて分析し、タイリクスズキ特異的遺伝子マーカー12個とスズキ特異的遺伝子マーカー14個を得た。有明海産スズキの全ての個体は複数の両遺伝子マーカーを有することより、この個体群はタイリクスズキとスズキの交雑集団であることを確認した。

4) AFLP マーカーは優性マーカーであること、染色体の倍数化やクローン化も生じていないことより、有明海産スズキは交雑由来の有性生殖2倍体個体群として有明海に長く存続してきた極めて特異な集団であることを明らかにした。

5) 有明海湾奥部に流入する筑後川に遡上した稚魚と河口から離れた海域で採集された非遡上稚魚の Hybrid Index を比較したところ、前者はタイリクスズキ寄りであったのに対し、後者はスズキ寄りの値となり、当海域のスズキに特異的に見られる稚魚の河川への遡上はタイリクスズキの遺伝的影響を受けている可能性を示した。

以上のように、本論文は有明海産スズキが中国産スズキと日本産スズキの過去に生じた種間交雑に起源し、有明海の特異な環境に適応して長く存続している極めて特異な集団であることを明らかにするとともに、生活史進化の分子遺伝学的研究への道を開いたものであり、海洋生物分子遺伝学、海洋生態学ならびに魚類分類学の発展に寄与するところが大きい。

よって、本論文は博士（農学）の学位論文として価値あるものと認める。

なお、平成12年3月15日、論文ならびにそれに関連した分野にわたり試問した結果、博士（農学）の学位を授与される学力が十分あるものと認めた。