

アゲマキの生態— XI

— 国内産と韓国産との集団遺伝学的な比較 —

古川泰久・夏苺 豊・吉本宗央

Ecological Study of Jack Knife Clam, *Sinonovacula constricta*- XI Population Genetic Comparison of Jack Knife Clam from Japan and Korea

Yasuhisa FURUKAWA, Yutaka NATSUKARI
and Muneo YOSHIMOTO

まえがき

アゲマキガイ *Sinonovacula constricta* (以下, アゲマキと呼ぶ) は, 有明海をはじめ中国や韓国にも分布するとされているが¹⁾, 各地域間の遺伝的な相違についてはまだ検討されていない。前報²⁾で筆者らはアゲマキのアイソザイムを23酵素を用いて検索し, そのうち7酵素から11遺伝子座44対立遺伝子が集団遺伝学的解析に利用できることを明らかにした。本報ではその結果をもとに国内産は有明海産および八代海産, 国外産は韓国産のアゲマキの集団遺伝学的解析を行った。本報告は前報と同様, 長崎大学水産学部資源生物学研究室で実施した受託研究の報告に基づいている。

材料及び方法

1. 供試標本

供試したアゲマキは, 前報²⁾の遺伝解析の検討に供試したと同じ標本群である。

2. 集団遺伝学的解析方法

遺伝子座と対立遺伝子の命名法は Shaklee *et al.*³⁾に従った。それぞれの遺伝子座の対立遺伝子頻度を集団間で比較するとともに, この遺伝子頻度データに基づき, 多型的遺伝子座の割合, 平均ヘテロ接合体率, 遺伝距離 (D)⁴⁾を算出した。また, 得られた (D) の値から, 平均距離法⁵⁾によってデンドログラムを作成した。

結果及び考察

1. 遺伝的変異

各標本群のそれぞれの遺伝子座における多型の有無および多型的遺伝子座の割合を表1に, 遺伝子頻度と平均ヘテロ接合体率を表2に示す。

表1によると国内産3標本群では7酵素11遺伝子座のうち5酵素8遺伝子座に多型が認められた。このうち変異性が高い遺伝子座 (最大対立遺伝子頻度が0.95未満) は $MDH-1^*$, $IDH-2^*$, $EST-2^*$, $LAP-1^*$, $LAP-2^*$, $GPI-1^*$ の6遺伝子座であった。

韓国産2標本群では国内産と同じ5酵素8遺伝子座に多型が認められた。このうち変異性が高い遺伝子座は国内産にみられた6遺伝子座に $IDH-1^*$ が加わり7遺伝子座であった。表2によると韓国産 (st.2) の $IDH-1^*$ の対立遺伝子cの頻度は0.944で変異性が高い遺伝子座に含まれるが数値的には国内産の標本群とそう差はない。

最大対立遺伝子頻度が0.95未満の多型遺伝子座の割合 (P^*) は, 韓国産 (st.2) では0.636, 八代海産では0.546, 早津江川産2群と韓国産 (st.1) の計3群では, いずれも0.455である。低頻度の多型遺伝子座の割合 (P) は国内産の3群ではいずれにおいても, 0.182, 韓国産 (st.1) では0.273, 韓国産 (st.2) では0であった。多型のみられた遺伝子座の割合 ($P+P^*$) は早津江川産 (大) と (小), 韓国産 (st.2) ではともに0.636, 八代海産および韓国産 (st.1) ではともに0.727であった。

観測値から求めた平均ヘテロ接合体率 (以下, 観測値: H_o と略す) また, 遺伝子頻度から求めた平均ヘテロ接合

* 長崎大学水産学部

表1 アゲマキの遺伝的変異性

酵素	組織	遺伝子座	韓国 (st.1)	韓国 (st.2)	早津江 (大)	早津江 (小)	八代海
MDH	斧足	<i>MDH-1*</i>	P*	P*	P*	P*	P*
		<i>MDH-2*</i>	M	M	M	M	M
		<i>MDH-3*</i>	M	M	M	M	M
ME	斧足	<i>ME-2*</i>	M	M	M	M	M
IDH	斧足	<i>IDH-1*</i>	P	P*	P	P	P
		<i>IDH-2*</i>	P*	P*	P*	P*	P*
AAT	斧足	<i>AAT*</i>	P	M	M	M	P
EST	中腸腺	<i>EST-2*</i>	P*	P*	P*	P*	P*
LAP	斧足	<i>LAP-1*</i>	P	P*	P	P	P*
		<i>LAP-2*</i>	P*	P*	P*	P*	P*
GPI	斧足	<i>GPI-1*</i>	P*	P*	P*	P*	P*
P*			0.455	0.636	0.455	0.455	0.546
P			0.273	0	0.182	0.182	0.182
P + P*			0.727	0.636	0.636	0.636	0.727

M : 変異が見られないもの
P* : 多型的遺伝子座の割合 (最大対立遺伝子頻度0.95未満)
P : 多型的遺伝子座の割合 (最大対立遺伝子頻度0.95以上)
P + P* : 多型的遺伝子座の割合

体率(以下、期待値: H_e と略す)を表2に示す。観測値: H_o と期待値: H_e を比較すると、いずれの標本群でも両者に大きな差はみられなかったが、韓国産アゲマキは国内産のものに比べて、観測値: H_o と期待値: H_e のいずれも高い。また、韓国産(st.1)を除いた4群では、観測値: H_o より期待値: H_e のほうが高く、ホモ過剰傾向が認められた。

ホモ型過剰の傾向の原因については、近親交配の他に遺伝的に異なる小集団が存在し、その混合による場合

(ワーランド効果) とホモ型の適応値が高い場合とがある⁵⁾。実際、天然アゲマキの集団構造は、地域ごとに小集団を形成していると報告されている⁷⁾。

期待値: H_e は、国内産では0.245~0.248、韓国産では0.265~0.274であった。Fujio *et al.*⁸⁾ は2種の巻貝類を含む11科25種の貝類の遺伝的変異性について、期待値: H_e の平均値を0.147と報告した。したがって、本研究で得られたアゲマキの遺伝的変異性は一般的な貝類の値よりは高い。

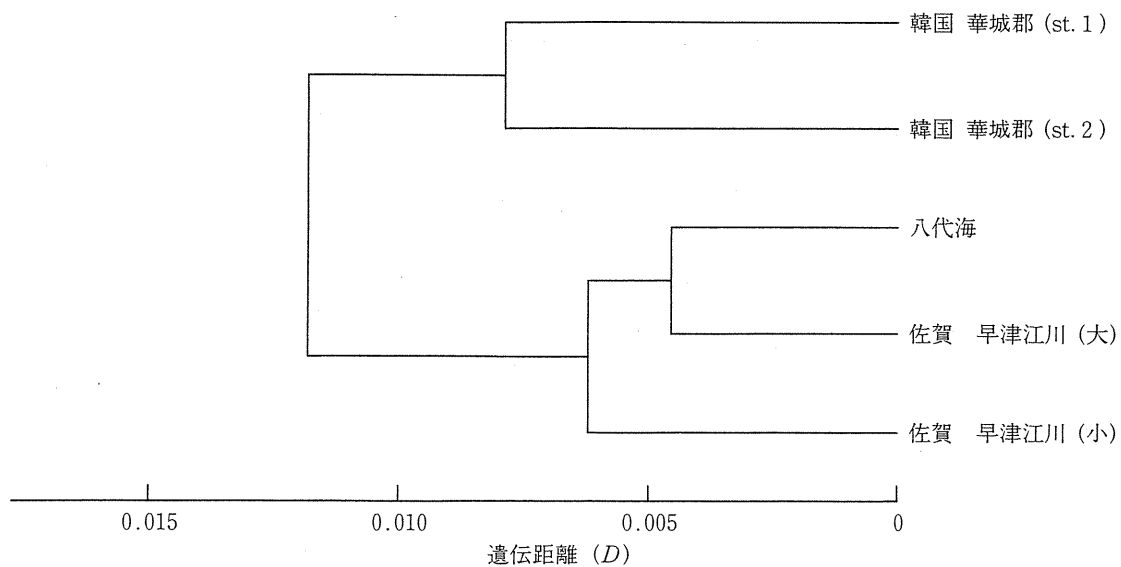


図1 アゲマキ5標本群間の遺伝的類縁関係

表2 アゲマキの遺伝子頻度と平均ヘテロ接合体率

遺伝子座	対立 遺伝子	韓国 (st.1)	韓国 (st.2)	早津江 (大)	早津江 (小)	八代海
MDH-1*	N	33	27	20	20	55
	*a	0.030	0	0	0	0.009
	*b	0.167	0.296	0.200	0.200	0.273
	*c	0.788	0.704	0.800	0.800	0.718
	*d	0.015	0	0	0	0
MDH-2*	N	34	27	20	20	55
	*a	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000
MDH-3*	N	34	27	20	20	55
	*a	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000
ME-2*	N	34	27	20	20	55
	*a	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000
IDH-1*	N	33	27	20	20	55
	*a	0.015	0	0	0	0
	*b	0	0.037	0.050	0	0.027
	*c	0.985	0.944	0.950	0.975	0.964
	*d	0	0.019	0	0	0
	*e	0	0	0	0	0.009
	*f	0	0	0	0.025	0
IDH-2*	N	34	26	18	17	53
	*a	0	0.019	0	0	0
	*b	0.029	0.135	0.056	0.118	0.094
	*c	0.647	0.615	0.833	0.853	0.802
	*d	0.324	0.231	0.111	0.029	0.104
AAT*	N	31	22	17	19	54
	*a	0.016	0	0	0	0
	*b	0.984	1.000	1.000	1.000	0.991
	*c	0	0	0	0	0.009
EST-2*	N	32	27	19	20	55
	*a	0.016	0	0	0	0
	*b	0.563	0.722	0.526	0.525	0.673
	*c	0.344	0.241	0.368	0.350	0.264
	*d	0.078	0.037	0.105	0.125	0.064
LAP-1*	N	34	27	20	20	55
	*a	0.015	0.037	0	0	0
	*b	0.956	0.926	0.950	0.975	0.946
	*c	0.029	0.019	0.050	0.025	0.055
	*d	0	0.019	0	0	0
LAP-2*	N	34	27	20	20	55
	*a	0.206	0.130	0.175	0.075	0.191
	*b	0.118	0.093	0.150	0.075	0.091
	*c	0.015	0.056	0.025	0	0.009
	*d	0.250	0.352	0.200	0.125	0.264
	*e	0.029	0.056	0.050	0.025	0.018
	*f	0	0	0	0.025	0
	*g	0.250	0.130	0.300	0.450	0.282
	*h	0.074	0.093	0.075	0.200	0.118
	*i	0.015	0.056	0	0	0.009
	*j	0.044	0.037	0.025	0.025	0.018
GPI-1*	N	34	27	20	20	55
	*a	0.103	0.056	0.050	0.025	0.046
	*b	0.618	0.630	0.650	0.675	0.600
	*c	0	0	0.025	0	0
	*d	0.206	0.259	0.225	0.300	0.336
	*e	0.059	0.056	0.025	0	0
	*f	0.015	0	0.025	0	0.018
Ho		0.283	0.251	0.220	0.185	0.214
He		0.265	0.274	0.248	0.245	0.248

N : 個体数

Ho : 平均ヘテロ接合体率 (観察値)

He : 平均ヘテロ接合体率 (期待値)

表3 アゲマキ5集団間の遺伝距離 ($D \times 10^4$)

	韓国 (st.1)	韓国 (st.2)	早津江 (大)	早津江 (小)	八代海
韓国(st.1)	—	81.7	63.6	153	87.9
韓国(st.2)		—	132	219	68.9
早津江(大)			—	50.3	46.8
早津江(小)				—	78.4

2. 5 標本群間の遺伝距離

5 標本群の相互の遺伝距離は表3に、この表の値を用いて描いた遺伝距離のデンドログラムを図1に示す。同図によると、アゲマキ5標本群は、デンドログラムの分岐点 0.012程度で、韓国産のものと国内産のものと大きく二分される。国内産の3標本群についてみると、早津江川産(大)と早津江川産(小)は採集場所がほぼ同じであるので、本来は遺伝距離が最も近いはずであるのに、早津江川産(大)に最も近いのは八代海産のものであり、早津江川産(小)は両群からはやや遠いことが注目される。これは、早津江川産の個体群が激減したため、瓶首効果によって遺伝的浮動が起こり、世代間で遺伝子頻度が異なる結果になったのではないかと考えられる。

一般に、遺伝距離は地方品種間で0.00~0.05、亜種間・種間で約0.05以上とされているが⁹⁾、この基準に照らすと、韓国産と国内産との遺伝距離は、地方品種レベルの差異と考えられる。

要 約

1. 推定された11遺伝子座、44対立遺伝子の遺伝子頻度のデータをもとに、韓国産アゲマキと国内産アゲマキの集団遺伝学的解析を行った。5標本群相互間の遺伝距離からデンドログラムを作成したところ、デンドログラム分岐点0.012程度で韓国産と国内産とが大きく二分された。この結果から韓国産と国内産との差異は地方品種レベルの差異と考えられる。
2. 本研究で得られたアゲマキの遺伝的変異性は0.245~0.274であり一般的な貝類の値よりは高い数値となった。
3. 韓国産(st.1)を除いた4群では、ホモ過剰傾向が認められた。その要因として近親交配やワーランド効果などが考えられる。

文 献

- 1) R. T. Abbott, and S. P. Dance, (波部忠重・奥谷喬司
監訳) 1985: 世界海産貝類大図鑑. 平凡社, 東京, 446
pp.
- 2) 古川泰久・夏苺 豊・吉本宗央 1996: アゲマキの生態—
X アゲマキのアイソザイム. 佐有水研報, (17), 11-14.
- 3) J.B. Shaklee, F.W. Allendorf, D.C. Morizot, and G.S.
Whitt, 1990: Gene nomenclature for protein coding
loci in fish. *Trans. Amer. Fish. Soc.*, 119, 2-15.
- 4) M. Nei 1978: Estimation of average heterozygosity
and genetic distance from a small number of individ-
uals. *Genetics*, 89, 583-590.
- 5) P.H. Sneath and R.R. Sokal 1973: Numerical taxon-
omy. W.H.Freeman & Co., San Francisco. 230-234.
- 6) D.L. Hartl 1981: A primer of population gene-tics.
sinuer associates, Inc. Sunderland, Mass., U.S.A. 向井
輝美・石和貞男 (訳). 1981: 集団遺伝学入門. 196pp,
培風館, 東京.
- 7) 吉本宗央・杠 学・中武敬一 1986: アゲマキの生態—
III 湾奥西岸域における分布の一例と形態, 成熟につい
て. 佐有水試報, (10), 17-34.
- 8) Y. Fujio, R. Yamanaka and J.S Peter 1983: Genetic
variation in marine molluscs. *Bull. Japan Soc. Sci.
Fish.*, 49(12), 1809-1817.
- 9) 根井正利 1990: 分子進化遺伝学. 433pp, 培風館, 東京.