



Title	アジア太平洋域に分布するハマグリ類の分子遺伝学的手法を用いた系統解析
Author(s)	矢敷, 彩子; 今井, 秀行; 山口, 正士
Citation	琉球大学21世紀プログラム「サンゴ礁島嶼系の生物多様性の総合解析」平成17年度成果発表会
Issue Date	2006-03-06
URL	http://hdl.handle.net/20.500.12000/813
Rights	

アジア太平洋域に分布するハマグリ類の
分子遺伝学的手法を用いた系統解析矢敷彩子¹⁾・今井秀行²⁾・山口正士²⁾¹⁾ 琉球大学理工学研究科、²⁾ 琉球大学理学部

琉球列島は、海洋生物地理的には熱帯性の海生生物が分布するインド・西太平洋区に属し、生物多様性が非常に高い。その砂浜や干潟の潮間帯には、食用種である二枚貝類が多数生息している。これまで、食用として身近なハマグリ類 (Genus *Meretrix*) は、中国大陸・日本・台湾および東南アジアには広く分布しているが、琉球列島には生息しないと考えられてきた。しかし近年、西表島からハマグリ類 1 種 (*Meretrix* sp. 1) の生貝が発見されたこと、沖縄島の貝塚からハマグリ類の貝殻が相次いで出土していることから、ハマグリ類は沖縄にも広く分布していたと考えられた。またハマグリ類は、インド太平洋域の熱帯から温帯にかけて約 9 種生息していると言われていたが、殻の模様や形態による種の判別が難しく、種の識別が混乱している状況である。本研究では、分子遺伝学的手法を用いて、アジア太平洋域に生息するハマグリ類の遺伝的変異を把握し、琉球列島に生息する *Meretrix* sp. の系統的な位置付けを試みることを目的とした。

ハマグリ類の遺伝的変異と系統関係を把握するために、アロザイム分析および RAPD-PCR 分析を実施した。アロザイム分析では、13 酵素 13 遺伝子座について実験をおこなった。使用したサンプルは 6 種 12 集団で、ハマグリ *M. lusoria* (青森・福岡・韓国・台湾)、チョウセンハマグリ *M. lamarckii* (宮城・島根)、シナハマグリ *M. petechialis* (中国・韓国)、ミスハマグリ *M. lyrata* (中国)、*Meretrix* sp. 1 (西表島)、*Meretrix* sp. 2 (タイ・モザンビーク) であった。アロザイム分析により得られた遺伝距離に基づいて系統樹を作成した結果、西表島の *Meretrix* sp. 1 は、外部形態ではチョウセンハマグリによく似ているが、遺伝的には非常に離れていることがわかった。さらに、台湾のハマグリ *M. lusoria* と日本(青森・柳川)のハマグリ *M. lusoria* の遺伝距離は種間レベルの値を示したため、台湾のハマグリは、遺伝的には異なっている隠蔽種である可能性が示唆された。RAPD-PCR 分析では、アロザイム分析に用いた集団に 2 種 2 集団、*M. meretrix* (インド)、*M. casta* (インド) を加え、計 8 種 14 集団について実験をおこなった。分析には 18 プライマー使用し、総断片数に占める共有断片数の割合を求めて遺伝的類縁図を作成した。得られた図は、アロザイム分析で得られた系統樹と概ね一致した結果となり、西表島の *Meretrix* sp. 1 は既存のどの種とも異なっていると思われた。