

機関番号：11301

研究種目：若手研究(B)

研究期間：2008～2010

課題番号：20780133

研究課題名(和文) マナマコ 2 種の資源管理に対する遺伝育種学的研究

研究課題名(英文) Genetics and breeding study for resource management of Japanese sea cucumber, *Apostichopus japonicus*,

研究代表者 菅野 愛美 (KANNO MANAMI)

東北大学・大学院農学研究科・助教

研究者番号：70419232

研究成果の概要(和文)：

マナマコの色変異 2 種(アカナマコ、アオ・クロナマコ)の系統関係および遺伝的集団構造を解明するため、東アジア 6 地域のマナマコについて mtDNA のシーケンス分析を行った結果、2 種は互いに異なる遺伝的組成を持つものの極めて近い系統関係にあることが示された。また種内の集団構造においては、遺伝的分化のレベルは低いものの、アオ・クロ型では遺伝的組成の異なる地域集団が存在することが示唆された。

研究成果の概要(英文)：

In order to reveal the phylogenetic relationship of the two color variant, Red and Green, and the local population structure within each color type, mtDNA sequencing analysis was carried out. Two color variants shared many haplotypes and were thought to be closely related each other. Small but significant genetic difference was detected only within Green types suggesting the existence of intraspecific subpopulations.

交付決定額

(金額単位：円)

	直接経費	間接経費	合計
2008 年度	1,500,000	450,000	1,950,000
2009 年度	1,600,000	480,000	2,080,000
2010 年度	300,000	90,000	390,000
年度			
年度			
総計	3,400,000	1,020,000	4,420,000

研究分野：水産遺伝育種学

科研費の分科・細目：水産学・水産学一般

キーワード：マナマコ、色変異 2 種、遺伝的集団構造

1. 研究開始当初の背景

(1) マナマコは生態や集団構造について不明な点が多い種である。その背景には、本種の特殊な性質から、生態学的研究や遺伝学的研究科が難しいことが挙げられる。

(2) また本種にはアカ型とアオ・クロ型の色変異型が存在するが、これらの系統学的関係や生殖隔離機構、各々の集団構造については明らかにされていない。

2. 研究の目的

mtDNA マーカーを用い、マナマコ 2 種の東アジアにおける集団構造を調べ、各種内における地方品種の有無や各地域の遺伝的状態(変異性・組成)を把握するとともに、同所的に生息する 2 種の系統関係について明らかにすることを目的とする。

3. 研究の方法

マナマコの mtDNA マーカーを開発し、東アジア 6 地域のアカ型とアオ・クロ型、各々に対して、集団遺伝学的解析を行う。

4. 研究成果

Kerr (2005) を参考に 16SrRNA 領域外側にプライマー (16Sar) を設計するとともに、Uthicke (2003) による *Holothuria atra* の mtDNA-CO1 プライマー (CO1eR) を用い、マナマコの mtDNA 16SrRNA-CO1 領域約 1500bp を増幅することができた。また増幅産物のシーケンスにあたり、上記二種類のプライマーに加え、中央付近に別のオリジナルプライマーを設計し、16SrRNA 領域 693bp および CO1 領域 723bp の配列決定に成功した。

そこでこれら 2 領域について、東アジア 6 地域 (北海道、青森、宮城、大分、韓国釜山、中国青島) のアカ型およびアオ・クロ型計 340 個体についてシーケンス分析を行った (図 1)。

表 1 mtDNA 分析に用いたプライマー

Primer	Sequence(5' - 3')	
16Sar	GGACTGTTTACCAAAAACAT	Kerr(2005)
16Scr	GCGACCTCGATGTTGGATT	
CO1eR	GCTCGTGTGCTACATCCAT	Uthicke2003

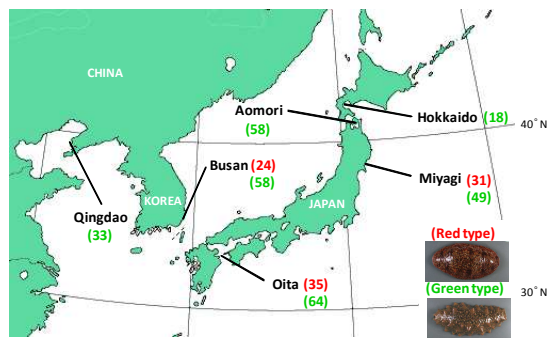


図 1 マナマコのサンプリング地域

その結果、16SrRNA 領域においては計 180 ハプロタイプ、CO1 領域においては計 142 ハプロタイプという極めて多くの変異が検出された (表 2-1, 表 2-2)。2 領域の遺伝的変異性はハプロタイプ多様度で $h=0.968$ (16SrRNA), $h=0.959$ (CO1) という高い値を示した (表 3)。またいずれの領域においてもアカ型とアオ・クロ型間で、主要ハプロタイプの共有がみられた (表 1-1, 表 1-2)。

表 2-1 16SrRNA 領域における各サンプルロットのハプロタイプ頻度表

Spec	Hokkaido (18)	Aomori (58)	Busan (24)	Miyagi (31)	Utsunomiya (18)	Utsunomiya (18)	Korea (24)	Korea (24)	Utsunomiya (18)	Utsunomiya (18)
Hs01	0.222	0.111	0.102	0.229	0.125	0.057	0.224	0.242	0.149	0.049
Hs02	0.000	0.002	0.006	0.016	0.016	0.296	0.031	0.167	0.040	0.049
Hs03	0.056	0.000	0.002	0.016	0.016	0.016	0.031	0.031	0.031	0.041
Hs04	0.000	0.041	0.000	0.078	0.000	0.000	0.034	0.000	0.041	0.041
Hs05	0.000	0.000	0.000	0.016	0.029	0.000	0.000	0.000	0.040	0.040
Hs06	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.017	0.000	0.000	0.000
Hs07	0.000	0.000	0.000	0.078	0.000	0.000	0.034	0.000	0.030	0.032
Hs08	0.000	0.041	0.000	0.016	0.016	0.000	0.034	0.000	0.041	0.041
Hs09	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.011	0.011
Hs10	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.011	0.011
Hs11	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.011	0.011
Hs12	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.011	0.011
Hs13	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.011	0.011
Hs14	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.011	0.011
Hs15	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.011	0.011
Hs16	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.011	0.011
Hs17	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.011	0.011
Hs18	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.011	0.011
Hs19	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.011	0.011
Hs20	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.011	0.011
Hs21	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.011	0.011
Hs22	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.011	0.011
Hs23	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.011	0.011
Hs24	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.011	0.011
Hs25	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.011	0.011
Hs26	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.011	0.011
Hs27	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.011	0.011
Hs28	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.011	0.011
Hs29	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.011	0.011
Hs30	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.011	0.011
Hs31	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.011	0.011
Hs32	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.011	0.011
Hs33	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.011	0.011
Hs34	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.011	0.011
Hs35	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.011	0.011
Hs36	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.011	0.011
Hs37	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.011	0.011
Hs38	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.011	0.011
Hs39	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.011	0.011
Hs40	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.011	0.011
Hs41	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.011	0.011
Hs42	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.011	0.011
Hs43	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.011	0.011
Hs44	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.011	0.011
Hs45	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.011	0.011
Hs46	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.011	0.011
Hs47	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.011	0.011
Hs48	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.011	0.011
Hs49	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.011	0.011
Hs50	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.011	0.011
Hs51	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.011	0.011
Hs52	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.011	0.011
Hs53	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.011	0.011
Hs54	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.011	0.011
Hs55	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.011	0.011
Hs56	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.011	0.011
Hs57	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.011	0.011
Hs58	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.011	0.011
Hs59	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.011	0.011
Hs60	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.011	0.011
Hs61	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.011	0.011
Hs62	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.011	0.011
Hs63	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.011	0.011
Hs64	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.011	0.011
Hs65	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.011	0.011
Hs66	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.011	0.011
Hs67	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.011	0.011
Hs68	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.011	0.011
Hs69	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.011	0.011
Hs70	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.011	0.011
Hs71	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.011	0.011
Hs72	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.011	0.011
Hs73	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.011	0.011
Hs74	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.011	0.011
Hs75	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.011	0.011
Hs76	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.011	0.011
Hs77	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.011	0.011
Hs78	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.011	0.011
Hs79	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.011	0.011
Hs80	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.011	0.011

表 2-1 CO1 領域における各サンプルロットのハプロタイプ頻度表

Hap.	Hokkaido (18)	Aomori (58)	Miyagi (49)	Miyagi (31)	Oita (35)	Oita (24)	Busan (33)	Qingdao (24)	Total (370)	
Hs01	0.056	0.207	0.102	0.047	0.414	0.152	0.226	0.114	0.125	0.173
Hs02	-	0.017	0.020	0.047	0.017	0.121	0.097	0.171	0.063	0.057
Hs03	-	-	-	-	-	-	0.355	-	0.208	0.043
Hs04	-	-	-	-	-	-	0.097	-	0.042	0.035
Hs05	0.056	0.052	0.082	0.016	-	-	-	0.042	0.032	0.030
Hs06	0.222	0.017	0.081	0.031	0.017	-	-	-	0.125	0.030
Hs07	0.111	0.052	0.041	0.031	-	-	-	-	0.042	0.027
Hs08	-	0.191	-	-	-	-	-	-	-	0.034
Hs09	-	-	0.031	0.052	0.061	-	0.029	-	-	0.022
Hs10	0.056	-	0.020	-	-	0.065	0.029	0.063	0.019	0.019
Hs11	-	0.034	0.020	-	0.017	0.030	-	0.042	0.016	0.016
Hs12	-	-	0.041	-	0.034	-	-	-	0.042	0.014
Hs13	-	0.034	0.020	-	0.017	0.030	-	-	-	0.014
Hs14	-	0.017	-	-	-	0.061	0.029	-	-	0.011
Hs15	-	-	-	-	-	0.032	-	0.125	0.011	0.011
Hs16	0.056	-	0.061	-	-	-	-	-	-	0.011
Hs17	-	0.017	-	-	0.052	-	-	-	-	0.011
Hs18	-	-	-	-	-	0.129	-	-	-	0.011
Hs19	-	-	-	0.031	-	-	0.029	-	-	0.008
Hs20	0.056	-	0.041	-	-	-	-	-	-	0.008
Hs21	-	0.034	0.020	-	-	-	-	-	-	0.008
Hs22	-	0.052	-	-	-	-	-	-	-	0.008
Hs23	-	0.034	-	-	0.030	-	-	-	-	0.008
Hs24	-	0.034	-	-	0.030	-	-	-	-	0.008
Hs25	-	-	0.020	-	-	-	0.057	-	-	0.008
Hs26	-	-	-	0.016	0.017	0.030	-	-	-	0.008
Hs27	-	-	-	-	0.052	-	-	-	-	0.008
Hs28	-	-	-	-	0.017	-	0.065	-	-	0.008
Hs29	-	-	-	-	-	-	0.097	-	-	0.008
Hs30	-	-	0.016	-	0.030	-	-	-	-	0.005
Hs31	-	-	-	0.017	-	0.032	-	-	-	0.005
Hs32	-	0.017	-	0.016	-	-	-	-	-	0.005
Hs33	-	0.017	0.020	-	-	-	-	-	-	0.005
Hs34	-	0.017	-	-	0.017	-	-	-	-	0.005
Hs35	-	0.017	-	-	-	0.030	-	-	-	0.005
Hs36	-	0.017	0.020	-	-	-	-	-	-	0.005
Hs37	-	-	0.020	-	-	0.032	-	-	-	0.005
Hs38	-	-	-	0.031	-	-	-	-	-	0.005
Hs39	-	-	0.016	-	0.030	-	-	-	-	0.005
Hs40	-	-	-	-	0.034	-	-	-	-	0.005
Hs41	-	-	-	-	0.034	-	-	-	-	0.005
Hs42	-	-	-	-	0.034	-	-	-	-	0.005
Hs43	-	-	-	-	-	-	0.065	-	-	0.005
Hs44	-	-	-	-	-	-	0.032	0.042	0.005	0.005
Hs45	-	-	-	-	0.032	-	-	0.042	0.005	0.005
Hs46	-	-	-	-	-	-	-	0.063	0.005	0.005
Hs47	0.056	-	-	-	-	-	-	-	-	0.003
Hs48	0.056	-	-	-	-	-	-	-	-	0.003
Hs49	0.056	-	-	-	-	-	-	-	-	0.003
Hs50	0.056	-	-	-	-	-	-	-	-	0.003
Hs51	0.056	-	-	-	-	-	-	-	-	0.003
Hs52	0.056	-	-	-	-	-	-	-	-	0.003
Hs53	-	0.017	-	-	-	-	-	-	-	0.003
Hs54	-	0.017	-	-	-	-	-	-	-	0.003
Hs55	-	0.017	-	-	-	-	-	-	-	0.003
Hs56	-	0.017	-	-	-	-	-	-	-	0.003
Hs57	-	0.017	-	-	-	-	-	-	-	0.003
Hs58	-	0.017	-	-	-	-	-	-	-	0.003
Hs59	-	0.017	-	-	-	-	-	-	-	0.003
Hs60	-	0.017	-	-	-	-	-	-	-	0.003
Hs61	-	0.017	-	-	-	-	-	-	-	0.003
Hs62	-	0.017	-	-	-	-	-	-	-	0.003
Hs63	-	-	0.020	-	-	-	-	-	-	0.003
Hs64	-	-	0.020	-	-	-	-	-	-	0.003
Hs65	-	-	0.020	-	-	-	-	-	-	0.003
Hs66	-	-	0.020	-	-	-	-	-	-	0.003
Hs67	-	-	0.020	-	-	-	-	-	-	0.003
Hs68	-	-	0.020	-	-	-	-	-	-	0.003
Hs69	-	-	0.020	-	-	-	-	-	-	0.003
Hs70	-	-	0.020	-	-	-	-	-	-	0.003
Hs71	-	-	0.020	-	-	-	-	-	-	0.003
Hs72	-	-	0.020	-	-	-	-	-	-	0.003
Hs73	-	-	0.020	-	-	-	-	-	-	0.003
Hs74	-	-	0.020	-	-	-	-	-	-	0.003
Hs75	-	-	0.020	-	-	-	-	-	-	0.003
Hs76	-	-	0.020	-	-	-	-	-	-	0.003
Hs77	-	-	0.020	-	-	-	-	-	-	0.003
Hs78	-	-	0.016	-	-	-	-	-	-	0.003
Hs79	-	-	0.016	-	-	-	-	-	-	0.003
Hs80	-	-	0.016	-	-	-	-	-	-	0.003
Hs81	-	-	0.016	-	-	-	-	-	-	0.003
Hs82	-	-	0.016	-	-	-	-	-	-	0.003
Hs83	-	-	0.016	-	-	-	-	-	-	0.003
Hs84	-	-	0.016	-	-	-	-	-	-	0.003
Hs85	-	-	0.016	-	-	-	-	-	-	0.003
Hs86	-	-	0.016	-	-	-	-	-	-	0.003
Hs87	-	-	0.016	-	-	-	-	-	-	0.003
Hs88	-	-	-	0.017	-	-	-	-	-	0.003
Hs89	-	-	-	0.017	-	-	-	-	-	0.003
Hs90	-	-	-	0.017	-	-	-	-	-	0.003
Hs91	-	-	-	0.017	-	-	-	-	-	0.003
Hs92	-	-	-	0.017	-	-	-	-	-	0.003
Hs93	-	-	-	0.017	-	-	-	-	-	0.003
Hs94	-	-	-	0.017	-	-	-	-	-	0.003
Hs95	-	-	-	0.017	-	-	-	-	-	0.003
Hs96	-	-	-	0.017	-	-	-	-	-	0.003
Hs97	-	-	-	0.017	-	-	-	-	-	0.003
Hs98	-	-	-	0.017	-	-	-	-	-	0.003
Hs99	-	-	-	0.017	-	-	-	-	-	0.003
Hs100	-	-	-	0.017	-	-	-	-	-	0.003
Hs101	-	-	-	-	0.030	-	-	-	-	0.003
Hs102	-	-	-	-	0.030	-	-	-	-	0.003
Hs103	-	-	-	-	0.030	-	-	-	-	0.003
Hs104	-	-	-	-	0.030	-	-	-	-	0.003
Hs105	-	-	-	-	0.030	-	-	-	-	0.003
Hs106	-	-	-	-	0.030	-	-	-	-	0.003
Hs107	-	-	-	-	0.030	-	-	-	-	0.003
Hs108	-	-	-	-	0.030	-	-	-	-	0.003
Hs109	-	-	-	-	0.030	-	-	-	-	0.003
Hs110	-	-	-	-	0.030	-	-	-	-	0.003
Hs111	-	-	-	-	0.030	-	-	-	-	0.003
Hs112	-	-	-	-	0.030	-	-	-	-	0.003
Hs113	-	-	-	-	0.030	-	-	-	-	0.003
Hs114	-	-	-	-	0.030	-	-	-	-	0.003
Hs115	-	-	-	-	0.032	-	-	-	-	0.003
Hs116	-	-	-	-	0.032	-	-	-	-	0.003
Hs117	-	-	-	-	0.032	-	-	-	-	0.003
Hs118	-	-	-	-	0.032	-	-	-	-	0.003
Hs119	-	-	-	-	0.032	-	-	-	-	0.003
Hs120	-	-	-	-	0.032	-	-	-	-	0.003
Hs121	-	-	-	-	0.032	-	-	-	-	0.003
Hs122	-	-	-	-	0.032	-	-	-	-	0.003
Hs123	-	-	-	-	0.032	-	-	-	-	0.003
Hs124	-	-	-	-	0.032	-	-	-	-	0.003
Hs125	-	-	-	-	0.032	-	-	-	-	0.003
Hs126	-	-	-	-	0.032	-	-	-	-	0.003
Hs127	-	-	-	-	0.032	-	-	-	-	0.003
Hs128	-	-	-	-	0.032	-	-	-	-	0.003
Hs129	-	-	-	-	0.029	-	-	-	-	0.003
Hs130	-	-	-	-	0.029	-	-	-	-	0.003
Hs131	-	-	-	-	0.029	-	-	-	-	0.003
Hs132	-	-	-	-	0.029	-	-	-	-	0.003
Hs133	-	-	-	-	0.029	-	-	-	-	0.003
Hs134	-	-	-	-	0.029	-	-	-	-	0.003
Hs135	-	-	-	-	0.029	-	-	-	-	0.003
Hs136	-	-	-	-	0.029	-	-	-	-	0.003
Hs137	-	-	-	-	-	-	0.042	-	-	0.003
Hs138	-	-	-	-	-	-	0.042	-	-	0.003
Hs139	-	-	-	-	-	-	0.042	-	-	0.003
Hs140	-	-	-	-	-	-	0.042	-	-	0.003
Hs141	-	-	-	-	-	-	0.042	-	-	0.003
Hs142	-	-	-	-	-	-	0.042	-	-	0.003

表 3 mtDNA によるマナマコ 2 種の遺伝的変異性

Sample lot	N	16SrRNA			COI		
		K	h	π	K	h	π
Hokkaido-Green	18	15	0.961	0.0079	14	0.954	0.0056
Aomori-Green	58	34	0.965	0.0068	30	0.939	0.0052
Miyagi-Green	49	35	0.979	0.0079	32	0.974	0.0057
Oita-Green	64	37	0.966	0.0065	30	0.856	0.0038
Busan-Green	58	35	0.940	0.0062	29	0.943	0.0064
Qingdao-Green	33	20	0.928	0.0059	20	0.958	0.0051
Miyagi-Red	31	21	0.944	0.0053	22	0.976	0.0053
Oita-Red	35	24	0.921	0.0063	26	0.970	0.0057
Busan-Red	24	21	0.978	0.0066	15	0.920	0.0047
Overall	370	180	0.968	0.0067	142	0.959	0.0055

p<0.01

一方、色彩型間では、主要ハプロタイプを含む多くのハプロタイプが共有されていたが、ハプロタイプ頻度は明確に異なっており (pairwise FST=0.042 to 0.109)、これまでのアロザイムおよびマイクロサテライト DNA 分析の結果を支持するものだった (表 4)。

色彩型内においては、アオ型では地域間で遺伝的差異が検出され (Global FST= 0.014)、分化の程度は小さいものの地域集団の存在が示唆された (図 2)。一方アカ型内においては地理的に離れた宮城と大分間においても遺伝的差異は検出されなかった。

同所的に生息するこれら 2 型間にみられる一貫した遺伝的異質性は、色彩型間に生殖隔離機構が存在することを示している。

またハプロタイプ間の関係を示すネットワーク図は、いずれも極めて複雑な1つの網状クラスターを示し、本種の集団が長い間維持されてきたものであることが示唆された(図2)。

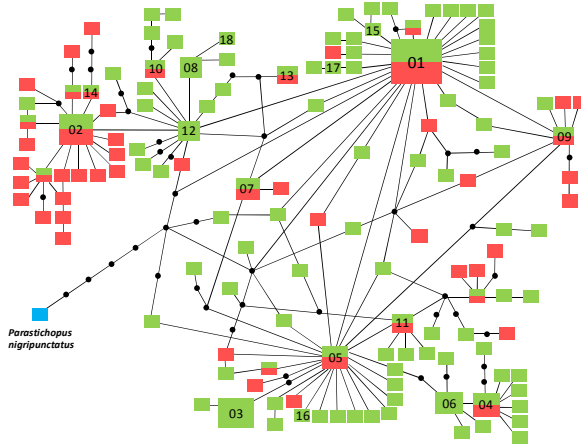


図3 マナマコのアカ型とアオ型におけるハプロタイプのネットワーク構造(C01領域)

頻度は異なるものの、mtDNAを含め多くのマーカー座においてアカ型とアオ・クロ型間でハプロタイプの共有が見られるという事実と、本研究でみられた複雑な網状ハプロタイプネットワークは、マナマコ2型の生殖隔離が、ごく近年、明確な地理的隔離やそれに伴う集団の縮小等を経験せずに生じ、本種が今現在、種分化の途上にあることを示唆している。

5. 主な発表論文等

(研究代表者、研究分担者及び連携研究者には下線)

[雑誌論文] (計2件)

- ①菅野愛美、木島明博、マナマコの色変異“アカ”，“アオ”，“クロ”の遺伝的類縁関係、生物の科学「遺伝」2009年5月号 いきもの不思議(査読なし)、2009、75-79
- ②菅野愛美、木島明博、遺伝マーカーによるマナマコの集団構造解析-色変異と地域集団-、日本水産学会誌(懇話会ニュース)(査読なし)、76(1)、117-118、2009

[学会発表] (計4件)

- ①菅野愛美、木島明博、遺伝マーカーによるマナマコの集団構造解析-色変異型と地域集団-、平成21年度日本水産学会秋季大会・第一回日本水産学会水産増殖懇話会講演

会「ナマコ増養殖の現状と将来～持続可能な生産方法の確立を目指して」、いわて県民情報交流センターアイーナ、平成21年9月30日

②Manami KANNO and Akihiro KIJIMA, Taxonomic and phylogenetic relationship of the two color variants of Japanese sea cucumber, *Apostichopus japonicus*, inferred from mitochondrial DNA analysis, The 10th International Symposium on Genetics in Aquaculture, Bangkok Convention Centre & Sofitel Centara Grand Hotel Bangkok, Bangkok, THAILAND、講演要旨集 P.209(No.PP107)、2009年6月22-26日

③Manami KANNO and Akihiro KIJIMA Population genetic approaches for stock identification and genetic management of echinoderms, 5th World Fisheries Congress, パシフィコ横浜、講演要旨集 No.7c-1-5、2008年10月20-25日

④Manami KANNO and Akihiro KIJIMA, Population genetic approaches for stock identification of echinoderms, International Workshop on Healthy Aquaculture 2008, Qingdao, 中国海洋大学(中国、青島)、講演要旨集 p.37、2008年5月25日

6. 研究組織

(1) 研究代表者

菅野 愛美 (KANNO MANAMI)
 東北大学・大学院農学研究科・助教
 研究者番号：70419232