

Notice on Plankton Seminar

#04001

9:00-11:00, 22 Apr. (Thu.), 2004. at Room #N406

Schizas, N. V., B. C. Coull, and G. T. Chandler (2002)

Sympatry of distinct mitochondrial DNA lineages in a copepod inhabiting estuarine creeks in southeastern USA

Mar. Biol. **140**: 585-594

アメリカ南東部の河口域に生息するカイアシ類の異なるミトコンドリア DNA 系統の同所性

ハルパチクス目カイアシ類 *Microarthridion littorale* は全世界に広く分布し、アメリカ南西部の河口域では底棲性カイアシ類群集中で卓越する。また、本種は河口域に汚染に対して敏感に反応することでも知られている。著者らのこれまでの研究により、アメリカ南西部(サウスカロライナ州、ジョージア州、フロリダ州、ルイジアナ州)に生息する本種個体群は、3つの単系統群に分かれるが、地理的に近接しているサウスカロライナとジョージアの個体群は遺伝的にも近いことが報告されている。そこで本研究では、より狭い地理範囲内での本種個体群の遺伝的多様性を評価するために、「河口域では潮流の影響を受けて個体群が拡散するため、遺伝的浮動が生じ、近接域内での遺伝的多様性が低い」という仮説を立て、それを検証した。また、遺伝的距離と地理的距離の関係、および遺伝的多様性と環境要因(河口域の汚染度)との関係についても考察した。

M. littorale はアメリカのサウス・ノースカロライナ、ジョージア州の河口域で1997年7月から1998年の9月にかけて、約5m²の堆積物中(表層1cm)から採集した。検体からDNA抽出を行い、これを鋳型にしてシトクロムのアポ酵素bの遺伝子領域(シトクロムb)について、プライマー151Fと270Rを用いPCR増幅を行い、そのPCR産物をもとに塩基配列決定を行った。また、別の検体のPCR産物については、5'-GATC-3'の塩基配列を認識し切断するDNA制限酵素の*Mbo*を用いて反応させRFLPを行った。そのDNA断片は2%アガロースゲルで電気泳動を行い、EtBrで染色しUV下で励起させ写真を撮影した。塩基配列データに関してネットワーク解析、nucleotide diversity (π)、gene diversity (h)とTajima's D について統計解析を行った。

塩基配列決定を行った198検体中に45のハプロタイプが出現した。これらのハプロタイプはネットワーク解析により3つの単系統群に分類できた。さらにRFLPによって、これらの単系統群を識別できた。これらのことから仮説と異なり、本調査域における*M. littorale*の遺伝的多様性が予想以上に高いことが明らかとなった。この理由にmtDNAの変異速度が速いだけでなく、隠蔽種が存在している可能性が挙げられる。また、これらの単系統群は同所的に存在していた。採集地点ごとの各単系統群の出現頻度について解析したところ、遺伝的距離と地理的距離の関係について関連は見出せなかった。また海域の汚染度と出現した単系統群に関連は明らかにできなかった。

立花 静華