

Notice on plankton seminar

#06009

9:30-11:30, 26 June (Mon.), 2006. at Room #N-407

Christopher, C. C. & A. Bucklin (2004)

Molecular phylogeography and evolutionary history of the estuarine copepod, *Acartia tonsa*, on the Northwest Atlantic coast
Hydrobiologia 511: 91-102

北西大西洋沿岸の河口におけるカイアシ類、*Acartia tonsa* の分子系統地理学と分化の由来

Calanoid カイアシ類の一種 *Acartia tonsa* は南北アメリカ大陸の大西洋沿岸、及び北太平洋沿岸、特に汽水域に広く分布する終生プランクトンであり、*A. tonsa* 個体群の分子集団遺伝学的解析は、彼らの分布、分化の由来を検証するのに有効であると考えられる。

本研究は、*A. tonsa* の分子集団遺伝的多様性をミトコンドリアの16S rRNA 遺伝子領域の塩基配列に基づき解析し、本種の遺伝的地理変動を総合的に検討することを目的とした。

分析に用いた *A. tonsa* は、1993-1994 年に大西洋沿岸に位置する Great Bay, Buzzards Bay, Narragansett Bay, Savannah River Estuary とメキシコ湾の Nueces Bay、太平洋沿岸の La Jolla の計6点において、動物プランクトンネット(口径0.25 m または1 m、目合い333 μm、斜行曳き)により採集し、95% エタノールで冷蔵保存した。試料はPCR (ポリメラーゼ連鎖反応) を用いて 16S rDNA を増幅した。得られた PCR 産物についてシーケンスを行い塩基配列の決定を行った。比較試料として Håkoybotn フィヨルド(ノルウェー) から採集した *A. hudsonica* と Narragansett Bay から採集した *A. longiremis* についても分析し、解析にはさらに *A. clausi* の塩基配列のデータも用いた。

地理的に近接している Buzzards Bay と Narragansett Bay 以外のサンプルでは、ミトコンドリア 16S rRNA のハプロタイプ(遺伝子変異型)の出現頻度が異なることから、遺伝子の分化には地理的距離が重要な要因であることが判った。大西洋およびメキシコ湾からの *A. tonsa* のミトコンドリア 16S のハプロタイプは4つのグループに分類された。それぞれのグループ内のハプロタイプでは2%以内の変異が見られたが、グループ間の違いは10-14%に達した。また、*A. clausi*, *A. hudsonica*, *A. longiremis* 間における16S rRNA の塩基配列の変異は18-29%であった。*A. tonsa* と確認されている大西洋、太平洋沿岸のサンプルは共通のハプロタイプを持たず、ハプロタイプ間の相違は18-29%に及び、大西洋、太平洋の本種は遺伝的には異なる種であることが示された。*A. tonsa* の地理的個体群間に見られた分子遺伝的多様性は、北西大西洋沿岸とその汽水域における歴史的な海洋気候変動を大きく反映していると考えた。

江頭 琢