

Machida, R. J., M. U. Miya, M. Nishida and S. Nishida (2006).
Molecular phylogeny and evolution of the pelagic copepod genus
Neocalanus (Crustacea: Copepoda)
Mar. Biol. **148**: 1071–1079

外洋性カイアシ類 *Neocalanus* 属の分子系統発生と進化

Neocalanus 属カイアシ類は北半球の亜寒帯域から南半球の亜寒帯域に広く分布しており、その中で *Neocalanus cristatus*, *N. flemingeri*, *N. plumchrus* は北太平洋に、*N. tonsus* は南半球の亜寒帯域に、*N. gracilis*, *N. robustior* は熱帯から亜熱帯域にそれぞれ分布している。これらの種の摂餌生態、生活史、その他生物学的な特性について様々な研究がなされてきており、近年では、西部北太平洋に分布する *N. flemingeri* の体サイズ変異と種内変異の関係についての研究が進行中である。また、最近、カイアシ類のミトコンドリアの COI 遺伝子配列(639bp)の資料から詳細な系統解析が Bucklin *et al.* (2003)によりなされたが、*Neocalanus* 属については十分な結果を出すまでに至らなかった。この理由として解析に用いた遺伝子の塩基配列が短いことが考えられる。そこで本研究ではミトコンドリアの遺伝子 COI, ND4L, ND6, srRNA, IrRNA のより長い塩基配列(約4,000bp)を用いて、*Neocalanus* 属の系統発生関係を明らかにすることを目的として実施した。

試料は *Neocalanus* 属6種と *N. flemingeri* の大型個体を用い、日本近海、グアム近海、そして南太平洋から採集した。アウトグループとして *Eucalanus bungii* を用いた。試料は採集後ただちにエタノール保存した。陸上実験室で、試料の脱エタノールとDNA抽出を行い、PCRでDNAを増幅後、シーケンスを行い、塩基配列を決定した。それを基にベイズ法、最尤法、最大節約法、近隣結合法の4つの方法を併用して系統樹を作成し、検証を行った。

ベイズ法から得た事後確率と3つの方法から得た系統樹のブーツストラップ値は全てほぼ100%を示し、得られた系統樹の正当性が証明された。系統樹の枝は最初に暖水性種(*N. gracilis*, *N. robustior*)と冷水性種(*N. tonsus*, *N. cristatus*, *N. plumchrus*, *N. flemingeri*)の間で分かれ、冷水性種内では *N. tonsus* と残りの種(*N. cristatus*, *N. flemingeri*, *N. plumchrus*)の間で分かれ、さらに残りの種内では *N. cristatus* と *N. flemingeri*・*N. plumchrus* の間で分かれた。また体サイズが異なる2種類の *N. flemingeri* 間の変異差は0.10%と非常に小さく、過去の研究における変異差(4%)と著しく異なった。

Neocalanus 属の地理的距離と遺伝的距離が必ずしも一致しない点について、その分布のメカニズムを検討し、氷河期にあった東部太平洋の湧昇流にその原因があることが考えられた。即ち湧昇流が低温であったため暖水性種が南北への回避行動をとった結果、現在のような地理的分布が成立したと考えた。また海域の広さは北太平洋より南半球亜寒帯域の方が広いにもかかわらず、南半球の亜寒帯域(1種)より北太平洋(3種)で多くの種が分布している。この理由として半閉鎖環境である縁辺海が *Neocalanus* 種の発生と分岐を促したという仮説が立てられた。この仮説の検証には現在オホーツク海に分布する体サイズが異なる2種類の *N. flemingeri* の研究の進展が重要である。

江頭 琢

次回(9/11)のゼミは市川君と神尾君にお願いしています。