DNA 分析からみた
東北地方における在来ヌマエビ類の多様性

東北大学・女川フィールドセンター
池田 実・槇宗市郎

はじめに

ヌマエビ *Paratya compressa* は日本列島に普通に見られる在来の淡水エビである。これまでの遺伝学的な研究により、本種は単一種ではなく、両側回遊型の南部グループと陸封型の北部－中部グループから構成される種複合体であると考えられている。東北地方においては主に北部－中部グループが分布するが、南部グループも一部の河川に生息している可能性が示唆されていた。本研究は、東北地方における両グループの分布調査を行い、同一河川内で採集された 2 グループ間の遺伝的分岐やグループ内の遺伝的多様性についてミトコンドリア（mt）DNA 分析により検討することを目的とした。

方法

2016 年の 4 月から 9 月にかけて関東以北の 84 河川で分布調査を実施した。2 グループの判別は頭胸甲上の棘の有無により行った。同一河川内で採集された各グループに属する個体について、mtDNA の COI と 16SrRNA の塩基配列を決定し、2 領域を連結した 1119 塩基を用いて集団遺伝学的解析ならびに系統解析を行った。

結果と考察

分布調査の結果、64 河川で本種の生息を確認できた。うち 7 河川では南部のみ、51 河川では北部-中部のみが採集された。太平洋側の 4 河川、日本海側の 1 河川、陸奥湾の 1 河川では両グループの個体を採集でき、各河川での採集個体数は南部が 19-48 個体、北部-中部が 12-35 個体であった。これらの河川内でのハプロタイプ数は、南部が 18-27、北部-中部が 1-9 で、南部の方が明らかに多かった。同一河川内のグループ間で共有されるハプロタイプは全くなく、両者が生殖隔離されていることがあらためて示唆された。全ハプロタイプの系統樹を作成した結果、南部と北部-中部に対応する 2 クレードが形成

された。グループ内の遺伝的分化について検討した結果、南部グループにおける標本集団間の分化は 1.24%で有意な値ではなかった。一方、北部-中部では 93.87%もの値を示し、ほとんど全ての遺伝的変異が標本集団間の違いに起因していることが示された。以上の結果から、東北地方に分布するヌマエビの 2 グループ間には大きな遺伝的分岐が生じており、グループ内の集団構造も生活史の違いに対応して大きく異なることが示された。