

## タカベは他島や他県の群れと交流するか？

伊豆諸島の重要な漁業資源であるタカベについて、遺伝子（ミトコンドリア DNA D-Loop 領域の RFLP）解析を行いました。その結果、伊豆諸島北部海域の各島間および伊豆諸島と愛媛県のタカベ間には、遺伝的な違いが小さいことがわかりました。

実施機関	資源管理部	事業名	漁業資源調査
------	-------	-----	--------

### 背景・ねらい

タカベは千葉県より南の太平洋岸、特に伊豆沿岸から伊豆諸島海域に分布する魚で、伊豆諸島では、大島から八丈島にかけて生息し、三宅島以北では重要な漁業対象種となっています。これまで当水産試験場がおこなった標識放流の結果では、成魚の島間の移動は確認されていませんが、卵や稚仔魚は海流によって移動している可能性があります。そこで、各島や他県のタカベの群れに交流があるかどうか、遺伝子（ミトコンドリア DNA）を調べることによって検討しました。

### 成果の内容・特徴

大島・神津島・利島・式根島の伊豆諸島北部海域のタカベ（各島 50～60 尾）と愛媛のタカベ（60 尾）をサンプルとしました。

タカベの筋肉より DNA を抽出し、その中に含まれるミトコンドリア DNA の D-loop 領域を PCR 法によって増幅しました。増幅した DNA を、7 種類の制限酵素によって消化（切断）し、2%アガロースゲル電気泳動を行い切断型の検出を行いました。

7 種類の制限酵素で切断した結果、Alw44 をのぞく 6 つの制限酵素で切断型に変異が見られました。各制限酵素における切断型を組み合わせさせた結果、19 種類のハプロタイプが得られました。ハプロタイプ多様度は 0.58～0.75 でした。

AMOVA によってハプロタイプの分析を行った結果、各島および愛媛のタカベの集団間に統計的有意差は認められませんでした。

### 成果の活用と反映

今回の調査結果から、伊豆諸島北部海域の各島タカベ間、および伊豆諸島と愛媛産タカベ間には遺伝的交流があることが示唆されました。当水産試験場では伊豆諸島海域におけるタカベの資源管理手法の検討を進めているところですが、今回の結果をその中に反映させていきたいと考えています。

（澤崎 昌子）



図1 タカベ  
(*Labracoglossa argenteventris*)

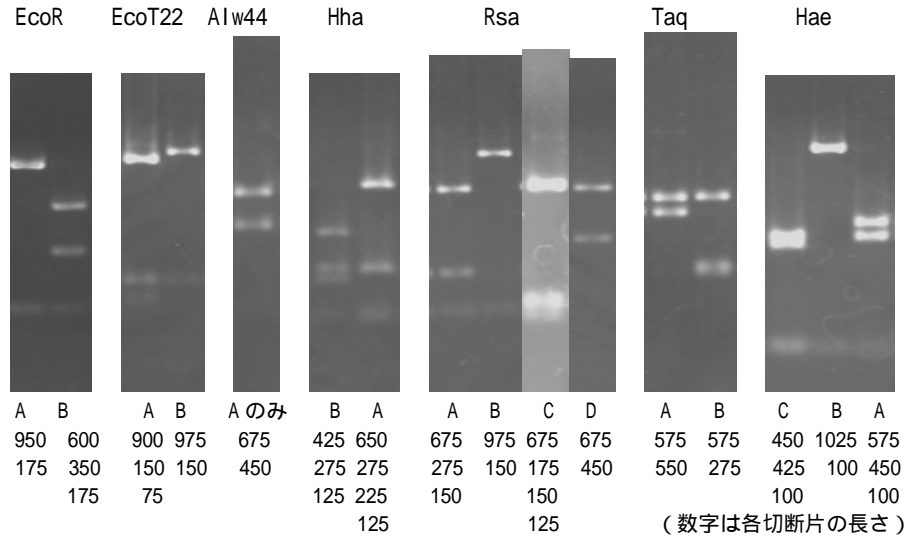


図4 検出された各制限酵素の切断長(多型)の画像

表1 ハプロタイプと海域別個体数

NO	ハプロタイプ	伊豆諸島海域				計	本州域 愛媛県
		大島	神津島	利島	式根島		
1	AAAAAAA	10	15	16	15	56	15
2	AAAAAAB	2	3	8	3	16	2
3	AAAAABA	0	0	2	0	2	0
4	AAAABAA	2	0	2	1	5	2
5	AAAABAC	0	0	0	1	1	0
6	AAAACAA	1	0	0	0	1	0
7	ABAAAAA	1	0	0	0	1	1
8	ABABAAA	1	0	1	0	2	1
9	BAAAAAA	25	23	24	32	104	23
10	BAAAAAB	3	2	6	2	13	9
11	BAAAAAC	1	0	0	0	1	0
12	BAAAAABA	0	0	0	0	0	1
13	BAAABAA	1	2	0	0	3	0
14	BAAABAB	0	0	0	0	0	1
15	BAAACAA	0	0	0	1	1	1
16	BAAADAA	0	0	1	0	1	0
17	BAAADAB	0	1	0	0	1	1
18	BBAAAAA	0	2	0	0	2	1
19	BBAAAAAB	1	0	0	0	1	0
計		48	48	60	55	211	58

表2 ハプロタイプ出現数および多様度

	解析個体数	ハプロタイプ数	ハプロタイプ多様度
大島	48	11	0.682
神津島	48	7	0.670
利島	60	8	0.745
式根島	55	7	0.587
伊豆諸島合計	211	17	0.677
愛媛県	58	12	0.753

サンプルより筋肉組織を切りだし、70%アルコールで保存



筋肉組織よりプロテナーゼk/フェノール抽出法により全DNAを抽出



PCR法によりミトコンドリアDNAのD-loop領域を増幅



増幅したDNAを制限酵素を用いて消化(切断)



2%アガロースゲル電気泳動によって切断型の検出

図2 実験のフロー



図3 遺伝子増幅装置