

## 女川（日本）及びボストーク（ロシア極東）におけるチヂミボラの遺伝的差異

前 雄介<sup>1)</sup>・荒井 永平<sup>1)</sup>・Yuri Ph. Kartavtsev<sup>2)</sup>・木島 明博<sup>1)</sup>

Genetic differentiation between Japan and Far East Russia  
in coastal oyster drill *Nucella freycineti*.

Yusuke Mae<sup>1)</sup>, Nagahira Arai<sup>1)</sup>, Yuri Ph. Kartavtsev<sup>2)</sup>, and Akihiro Kijima<sup>1)</sup>

キーワード：チヂミボラ，遺伝的差異，アイソザイム分析，アキガイ科

チヂミボラ (*Nucella freycineti*) はアリューシャン列島沿岸域からオホーツク海沿岸及び日本においては北海道から東北地方沿岸の岩礁域の潮間帯に生息している肉食性巻貝である。本種には図1に示すように殻表が滑らかな個体からチヂミの明確な個体まで多様な殻の形状を示すことなどから分類が必ずしも明確になされているとはいえない。実際、チヂミボラには複数の学名が記載されている (*N. freycineti*: Marine Shell-Bearing Mollusks, 奥谷・楚山 (1987), *N. heysena*: 日本動物図鑑, 岡田 (1971), *N. lima*: Marine Mollusks in Japan, 奥谷 (2000))。また、西太平洋沿岸域における *Nucella* 属の分布の報告においても、様々な見解が示されており、Golikov (1978) および Egorov (1992) によれば *N. lima*, *N. freycineti*, *N. heysena*, *N. elongata* の4種類がこの海域に存在するとしている。Habe (1958) は北海道南部には *N. lima* は生息せず、*N. freycineti* と *N.*

*lamellosa* の2種が存在するとしている。いずれの場合においても分布、分類ともに明確にされているとはいえない。さらに、南限とされる東北地方での報告、北太平洋の最西部である日本海縁辺部（ロシア極東部）でのこれらについての報告はみられないことから、本種の分類学的位置および分布域を把握するという点においてこれら2地域での本種の調査が必要と考えられる。

形態的に多様な生物種の遺伝的隔離の有無やその程度を推定する方法としてアイソザイム分析やDNA多型が分子マーカーとして利用されている。*Nucella* 属ではヨーロッパチヂミボラ (*Nucella lapillus*) について、アイソザイム分析、ミトコンドリアDNA多型分析を用いた英国沿岸域の地域集団間の差異の検証、それにより明らかになった2種の核型をもつ集団遺伝学的、生理学的特徴などの報告がみられる (Day and Bayne (1988), Day (1990), Day et al. (1993),

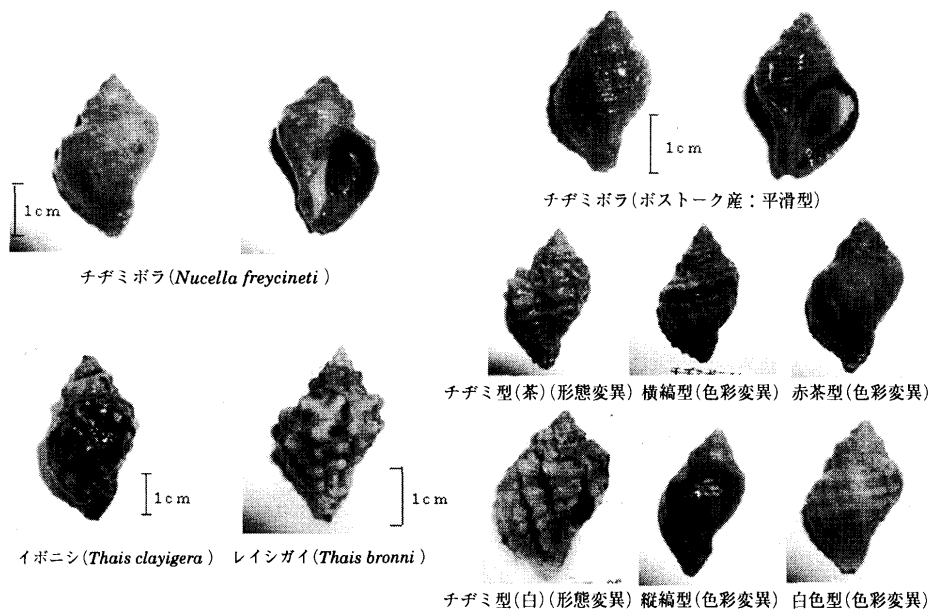


図1 アキガイ科3種とチヂミボラの変異個体

<sup>1)</sup> 東北大学大学院農学研究科附属複合生態フィールド教育研究センター（女川）

<sup>2)</sup> ロシア科学アカデミー極東支部海洋生物研究所

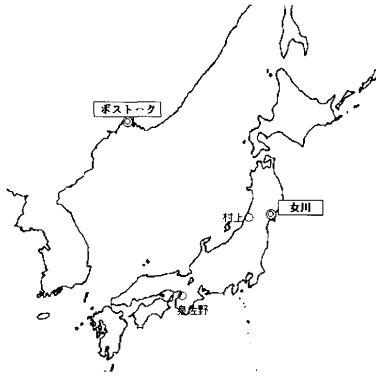


図2 調査したアクキガイ科3種の採集地

Kirby *et al.* (1994, 1997)。しかし、日本近辺を含む北太平洋アジア沿岸域でのチヂミボラ (*Nucella freycineti*) に関する遺伝学的研究はほとんど行われていない。また、アクキガイ科としてみても、アイソザイム分析やミトコンドリアDNA多型分析を用いた報告がほとんどない。

本研究は日本(女川町)及びロシア極東部(ポストーク)のチヂミボラを対象に、それらと同所的に生息する近縁種のイボニシ及びレイシガイを対照としてアイソザイム分析を行い、それらの遺伝的分化の程度を明らかにすることを目的とした。

## 材料と方法

実験に用いたチヂミボラ (*Nucella freycineti*)、イボニシ (*Thais clavigera*)、レイシガイ (*Thais bronni*) の採集年月日、場所、個体数、殻長、殻幅の平均値を表1に示した。またそれらの採集地を図2に示した。チヂミボラは2年に亘り同一の地域で採集した。採集標本は生体で研究室まで輸送し、実験に用いるまで飼育した。アイソザイムの検出は筋肉を用いて藤尾・池田(1999)に準じて連続緩衝液系水平式デンブングル電気泳動法により行った。調べた酵素は13種

表1 実験に用いたアクキガイ科3種の計量形質

種名	採集地	採集年月日	個体数	殻長 (mm)	殻幅 (mm)
チヂミボラ ( <i>Nucella freycineti</i> )	女川	2001.4-10月	50	29.5±5.4	19.9±3.0
		2002.4-8月	53	30.1±4.8	19.6±2.6
	ポストーク	2001.9月	30	27.6±2.4	18.3±1.9
		2002.7月	32	26.0±1.9	17.0±1.5
レイシガイ ( <i>Thais bronni</i> )	女川	2001.4-10月	66	42.2±7.9	27.8±5.2
イボニシ ( <i>Thais clavigera</i> )	女川	2001.4-10月	39	34.1±6.9	22.4±4.3
	村上(新潟)	2001.8月	43	20.3±2.3	14.3±1.4
	泉佐野(大阪)	2001.8月	42	22.4±1.9	13.8±1.3

殻長、殻幅：平均±標準偏差

類である。遺伝子型は表現型から直接推定し、対立遺伝子頻度は各遺伝子座で観察された遺伝子型度数分布を元に最尤推定値として求めた。遺伝的分化の指標として、2地域間の遺伝的距離をNei(1972)の式を用いて求めた。地域間の遺伝的均一性を調べるため、集団遺伝学用解析ソフトGenepop ver.3.1 (Raymond and Rousset (1995a,1995b), Goudet *et al.* (1996))を用いて行った。地域間の類縁関係を調べるために、解析ソフトPHYLIP (Felsenstein (1993))を用いて遺伝的距離を基にUPGMA法と近隣結合法によってデンドログラムを作成した。

## 結果

### (1) アイソザイムの検出

各種について13酵素におけるアイソザイムの検出を行った結果、表2に示すようにチヂミボラでは、9酵素14遺伝子座、イボニシでは、8酵素10遺伝子座、レイシガイでは、9酵素12遺伝子座で安定して確実に遺伝子型が推定できた。また、このうち3種に共通して遺伝子型が推定できたのは6酵素8遺伝子座であった。

表2 アクキガイ科3種で検出されたアイソザイムと3種において共通してみることでできた遺伝子座

酵素	推定された遺伝子座	チヂミボラ	イボニシ	レイシガイ	共通してみることでできた遺伝子座
AAT	Aat-1	○	×	○	
	Aat-2	○	○	○	○
ACP	Acp	×	×	○	
AK	Ak-3	-	○	○	
IDH	Idh-1	○	×	×	
	Idh-2	○	×	×	
LAP	Lap	○	○	○	○
MDH	Mdh-1	○	○	○	○
	Mdh-2	○	○	○	○
	Mdh-3	○	○	○	○
ME	Me	○	×	×	
MPI	Mpi	×	○	○	
ODH	Odh	○	-	-	
6PGD	6pgd	○	○	○	○
PGM	Pgm-2	○	○	○	○
SDH	Sdh	×	-	-	
SOD	Sod-1	○	×	×	
	Sod-2	○	○	○	○

9酵素14遺伝子座 8酵素10遺伝子座 9酵素12遺伝子座

6酵素8遺伝子座

○：遺伝子型が推定できたもの

×：検出はされたが遺伝子型の推定はできなかったもの

-：検出されなかったもの

表3 女川・ポストークのチヂミボラにおける形態・色彩変異の個体数と全体における割合

	女川				ポストーク			
	2001	2002	女川合計	割合 (%)	2001	2002	ポストーク合計	割合 (%)
標準型 (平滑・黄～暗灰色)	33	38	71	68.9	30	32	62	100
チヂミ型	7	2	9	8.7				
横縞型	6	8	14	13.6				
縦縞型	2	0	2	1.9				
赤茶型	2	4	6	5.8				
オレンジ型	0	1	1	1.0				
計	50	53	103		30	32	62	

## (2) チヂミボラにおける2地域間の差

表3にチヂミボラにおける2地域でのタイプ別の個体数と全体に対する割合を示した。形態で見ると女川産の標本は外殻表面が平滑なもの最も多く観察され全体の約70%、大小のチヂミ（縦張筋）をもつ個体は約9%を占めた。色彩については薄黄色系を中心に赤茶、深緑色などの多くの色彩がみられ、明確な縞模様を持つもの以外の分別は困難であった。これらのうち横縞を持つ個体は全体の約14%、縦縞を持つ個体は約2%みられ、鮮赤色の個体が1個体確認された。ポストークの標本には形態は個体変異が少なく、螺殻が女川のものよりも明瞭であった。また標本のサイズもほぼ同様であった。色彩については黒灰色のものが9割以上を占めており、数個体において赤橙色のものが観察された。この傾向は採集年が異なっても同じであった。

2001年および2002年に採集した女川およびポストークの標本について、遺伝子型が推定できた9酵素14遺伝子座についてアイソザイムの検出と遺伝子型の推定を行った。また、2002年の標本についても同様の解析を行った。

2002年の両地域および2001年ポストークの標本について *Idh-1*, *Idh-2*, *Me* では安定した活性が得られず遺伝子型の推定が困難であった。また、*Aat-1* はアイソザイム検出用試薬の一部が生産中止になり、遺伝子型の推定は困難であった。これにより、両地域間で共通して遺伝子型の推定できた遺伝子座は8酵素11遺伝子座となった。

両地域の泳動像を比較した結果、図3に示すように6 *pgd* 遺伝子座において2地域間で明確に異なる易動度を示すバンドが示され、この座では両者に共通のバンドを示す個体は認められなかった。従って、6 *pgd* 遺伝子座は2地域間において別々の対立遺伝子を保有する分岐遺伝子座であることが推定された。それ以外の10遺伝子座では全て共通の対立遺伝子を保有していた。

8酵素11遺伝子座で得られた女川とポストークにおける対立遺伝子を表4に示した。2001年度、2002年度の両地域において各遺伝子座における観察値がハーディ・ワインベルグ平衡下における期待値に合うか否かを $\chi^2$ 検定した結果、観察値と期待値はよく一致し、ハーディ・ワインベルグ平衡からの逸脱はみられなかった。また各地域間で2001年度と2002年度の間における遺伝子頻度の有無を検証するため、遺伝子頻度の差の検定（危険率5%）を行った結果、女川、ポストークそれぞれについていずれの遺伝子座においても有意差はみられず、標本の採集年度の違いによる遺伝子頻度の差はみられなかった。

対立遺伝子頻度から得られた両地域における遺伝的変異性についてみると、遺伝子座当りの対立遺伝子数は女川の平均1.4に対してポストークでは平均1.1、変異遺伝子座の割合の平均は女川の0.150に対して0.096であった。多型遺伝子座はポストークでは観察されなかった。平均ヘテロ接合体率の平均値は女川の0.059に対してポストークは平均0.003と低い値を示した。また、これらの遺伝子頻度をもとに8酵素11遺伝子座でNeiの遺伝的距離をもとめ、2地域における分化の程度を検証した結果、遺伝的距離は0.0449となった。

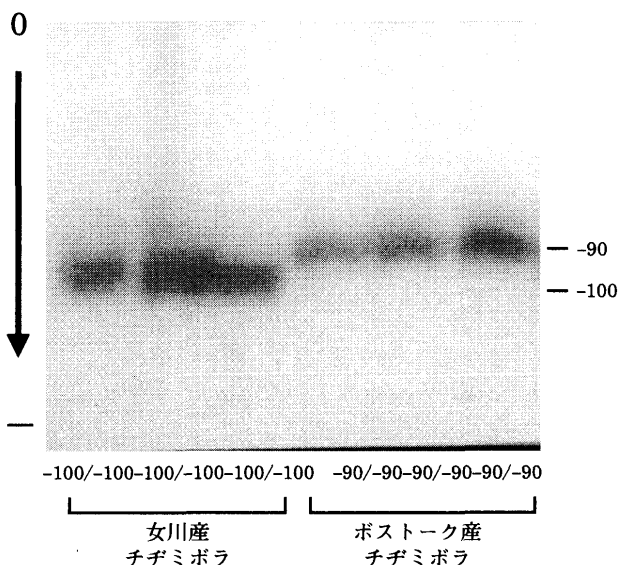


図3 6 PGD遺伝子座における女川産チヂミボラとポストーク産チヂミボラの遺伝的差異

## (3) アクキガイ科3種におけるチヂミボラの遺伝的分化

チヂミボラ2地域の遺伝的分化の程度を検証するため、対照としたイボニシ3地域およびレイシガイ1地域を加え、それら全種全地域で共通して遺伝子型を推定することのできた6酵素8遺伝子座を用いて解析を行った。対立遺伝子の名称は女川のイボニシで最も頻度の高かったバンドを100とし、各バンドの相対易動距離から命名した。

調査した3種の6酵素8遺伝子座における対立遺伝子頻度を表5に示した。チヂミボラの2地域の標本は年度による遺伝子頻度の差がなかったことから、1つの集団データとして解析を行った。採集地域毎に各遺伝子座における遺伝子型の観察値がハーディ・ワインベルグ平衡下における期待値と合うか否かについて $\chi^2$ 検定を行った結果、イボニシの村上

表4 2001・2002年におけるチヂミボラの対立遺伝子頻度の比較

遺伝子座	対立遺伝子	女川			ポストーク		
		2001(50)	2002(53)	total(103)	2001(30)	2002(32)	total(62)
<i>Aat-1</i>	-80	0.010	-	-	-	-	-
	-100	0.630	-	-	-	-	-
	-120	0.360	-	-	-	-	-
<i>Aat-2</i>	-100	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000
<i>Idh-1</i>	300	0.050	-	-	0.000	-	-
	100	0.950	-	-	1.000	-	-
<i>Idh-2</i>	100	0.990	-	-	-	-	-
	50	0.010	-	-	-	-	-
<i>Lap</i>	100	0.980	1.000	0.990	1.000	1.000	1.000
	70	0.020	0.000	0.010	0.000	0.000	0.000
<i>Mdh-1</i>	-100	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000
<i>Mdh-2</i>	-100	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000
<i>Mdh-3</i>	-100	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000
<i>Me</i>	-90	0.060	-	-	-	-	-
	-100	0.940	-	-	-	-	-
<i>Odh</i>	100	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000
<i>6pgd</i>	-50	0.000	0.000	0.000	0.000	0.016	0.008
	-60	0.000	0.013	0.007	0.000	0.000	0.000
	-90	0.000	0.000	0.000	1.000	0.984	0.992
	-95	0.250	0.355	0.303	0.000	0.000	0.000
	-100	0.750	0.632	0.691	0.000	0.000	0.000
<i>Pgm-2</i>	130	0.010	0.013	0.012	0.000	0.000	0.000
	100	0.960	0.974	0.967	0.983	1.000	0.992
	80	0.030	0.013	0.022	0.017	0.000	0.008
<i>Sod-1</i>	-100	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000
<i>Sod-2</i>	-100	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000

表5 アクキガイ科3種における対立遺伝子頻度(括弧内は個体数)

遺伝子座	対立遺伝子	チヂミボラ			イボニシ		レイシガイ
		女川(103)	ポストーク(62)	女川(39)	村上(43)	泉佐野(42)	女川(66)
<i>Aat-2</i>	-50	0.000	0.000	0.231	0.128	0.024	0.019
	-100	0.000	0.000	0.759	0.872	0.917	0.981
	-120	1.000	1.000	0.000	0.000	0.000	0.000
	-150	0.000	0.000	0.009	0.000	0.060	0.000
<i>Lap</i>	120	0.000	0.000	0.065	0.035	0.060	0.000
	100	0.000	0.000	0.889	0.907	0.845	0.914
	95	0.000	0.000	0.046	0.023	0.083	0.000
	75	0.985	1.000	0.000	0.000	0.000	0.000
	70	0.000	0.000	0.000	0.035	0.012	0.074
	65	0.015	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
	50	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.012
<i>Mdh-1</i>	100	0.000	0.000	1.000	1.000	1.000	1.000
	20	1.000	1.000	0.000	0.000	0.000	0.000
<i>Mdh-2</i>	-100	0.000	0.000	1.000	1.000	1.000	1.000
	-200	1.000	1.000	0.000	0.000	0.000	0.000
<i>Mdh-3</i>	-100	0.000	0.000	1.000	1.000	0.988	1.000
	-200	1.000	1.000	0.000	0.000	0.012	0.000
<i>6pgd</i>	-75	0.000	0.000	0.000	0.000	0.012	0.000
	-100	0.000	0.000	0.991	1.000	0.976	0.000
	-135	0.000	0.000	0.009	0.000	0.012	0.000
	-150	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	1.000
	-155	0.000	0.008	0.000	0.000	0.000	0.000
	-160	0.005	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
	-170	0.000	0.992	0.000	0.000	0.000	0.000
	-180	0.291	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
	-200	0.704	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
	<i>Pgm-2</i>	150	0.010	0.000	0.000	0.000	0.000
130		0.976	0.992	0.000	0.000	0.000	0.000
125		0.000	0.000	0.056	0.058	0.060	0.031
120		0.015	0.008	0.000	0.000	0.000	0.000
110		0.000	0.000	0.102	0.140	0.107	0.000
100		0.000	0.000	0.528	0.360	0.310	0.938
95		0.000	0.000	0.028	0.070	0.060	0.000
85		0.000	0.000	0.259	0.302	0.429	0.031
75		0.000	0.000	0.028	0.070	0.036	0.000
<i>Sod-2</i>		200	1.000	1.000	0.000	0.000	0.000
	-100	0.000	0.000	1.000	1.000	1.000	1.000

表6 アクキガイ科3種におけるNei (1972) の遺伝的距離  
 (上段は遺伝子頻度の差の検定(危険率5%)において有意差のみられた遺伝子座数;括弧内は分岐遺伝子座数)

	チヂミボラ(女川)	チヂミボラ(ポストーク)	イボニシ(女川)	イボニシ(村上)	イボニシ(泉佐野)	レイシガイ(女川)
チヂミボラ(女川)	—	1(1)	8(8)	8(8)	8(8)	8(8)
チヂミボラ(ポストーク)	0.0937	—	8(8)	8(8)	8(8)	8(8)
イボニシ(女川)	6.3589	6.1804	—	2(0)	2(0)	3(1)
イボニシ(村上)	6.2098	6.0589	0.0039	—	0(0)	3(1)
イボニシ(泉佐野)	5.6505	5.5714	0.0098	0.0030	—	3(1)
レイシガイ(女川)	6.6606	6.4304	0.1509	0.1604	0.1670	—

において*Lap*, *Pgm-2*, 泉佐野の*Pgm-2*において危険率5%で有意差が認められた。しかしこれら3つの場合はいずれも、期待値が1.0以下の遺伝子型において1から3個体が観察されたことに起因していた。そこで、期待値の低い遺伝子型による検定結果への影響を考慮するために、低頻度対立遺伝子を統合して1つの対立遺伝子とみなし、村上の*Lap*は2対立遺伝子、村上、泉佐野の*Pgm-2*は3対立遺伝子と仮定して再度 $\chi^2$ 検定を行った。その結果、3種6地域8遺伝子座のうち、村上の*Pgm-2*の1遺伝子座以外はすべて観察値と期待値はよく一致した。

調べた各種の地域間に遺伝的組成の差があるかどうかを知るために、地域間における遺伝子頻度の均一性の検定を行った。その結果、表6上段に示すように、チヂミボラの女川・ポストーク間では6*pgd*の1遺伝子座で分岐がみられ、他の7遺伝子座での差はみられなかった。イボニシではいずれの地域間でも共通対立遺伝子をもたない分岐遺伝子座はみられなかったが、女川・村上間、女川・泉佐野間では共に*Aat-2*, *Pgm-2*の2遺伝子座の遺伝子頻度に有意差がみられた。尚、泉佐野・村上間では有意差のある遺伝子座はみられなかった。一方、種間における遺伝的組成の差をみると、チヂミボラ・イボニシ間、チヂミボラ・レイシガイ間では共通の対立遺伝子を全く持たず、全て分岐遺伝子座であった。しかし、レイシガイとイボニシでは分岐遺伝子座は6*pgd*だけで認められ、また8遺伝子座中2遺伝子座(*Aat-2*, *Pgm-2*)で遺伝子頻度に有意差が認められた。

チヂミボラの2地域間の遺伝的分化の程度を知るため、対照として2種を加え、6酵素8遺伝子座を用いてNeiの遺伝的距離を求めた(表6下段)。なお、チヂミボラとレイシガイ・イボニシの間では8つの遺伝子座がすべて分岐遺伝子座となっており、遺伝的距離が無限大となったため、これについては1つの仮想する遺伝子座において1個体が共通の対立遺伝子を保有したという仮定の下に遺伝的距離の計算をおこなった。その結果、チヂミボラのポストーク・女川間では0.0937であったのに対し、イボニシの3地域間では平均0.0056(0.0030-0.0098)とより低い値を示した。一方、3種間で見場合では、チヂミボラ・イボニシでは平均5.9918(5.5714-6.3589)、チヂミボラ・レイシガイでは平均6.5455(6.4304-6.6606)、レイシガイ・イボニシ平均は0.1594(0.1509-0.1670)であった。これらアクキガイ科3種6地域の地域間の遺伝的類縁関係を知るために表6の遺伝的距離を基にUPGMA法を用いてデンドログラムを描いた

(図4)。その結果、チヂミボラは属の異なる2種とは明確に異なるグループを形成していた。イボニシの3地域は1つの遺伝的にまとまった1つのクラスターとなり、それが同属であるレイシガイと遺伝的距離0.0797で次のクラスターを形成した。

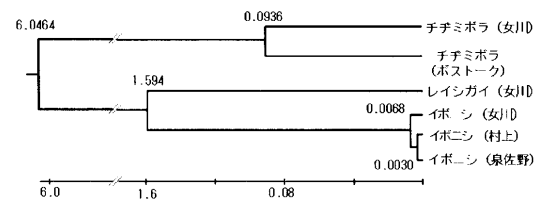


図4 UPGMA法によるアクキガイ3種のNeiの遺伝的距離

## 考 察

### (1) 形態によるチヂミボラ2地域間の差異

ロシアポストークのチヂミボラと女川のチヂミボラの形態を比較した結果、女川の標本は大小のちぢみを持つなど多くの形態変異に富み、また色彩も縦横に縞をもつものなど様でなかった。一方、ポストークの標本は女川の標本と比較すると変異は少なく、色彩もほぼ一様であった。これらの形態変異に関して、日本及びロシア極東等、北太平洋西側での詳細な個体変異の報告はない。従って、観察された形態的特徴から2地域を明確に識別することは困難であった。

### (2) アイソザイムによるチヂミボラの2地域間の差

本研究で調べたチヂミボラの2地域間において、10遺伝子座中1遺伝子座6*pgd*において明確な分岐がみられた。また、Neiの遺伝的距離は、8酵素11遺伝子座で0.0449、6酵素8遺伝子座で0.0937となっていた。一般に、2つの標本が種または亜種の違いがある場合、完全に生殖隔離されてから相互に独特の遺伝子を保有することになるため、アイソザイム遺伝子座において少なくとも一つの分岐遺伝子座が認められるものと考えられる。また、Nei(1975)は遺伝的距離を多くの動物分類群でみて、おおよそ1.0を種間、0.1を亜種間、0.01を地方品種のレベルとしており、その値も考慮して遺伝的分化の程度を判断することになる。しかし、Nei(1975)はこの値を用いる条件として20以上の遺伝子座を使用して用いることが望ましいとしている。本研究の場合、マーカーとして遺伝子座数が少ないことから、Neiの遺伝的距離のみでは判断できず、他の軟体動物あるいは同科の異なる種との比較において検討する必要がある。

アクキガイ科でのアイソザイム分析の報告を調べた。Park and Choe (1999) は韓国国内で採集されたアクキガイ科9種22地域について、11酵素13遺伝子座を用いて調べ、種内では分岐遺伝子座が認められないこと、種はそれぞれ独立したクラスターに分類されること、およびNeiの遺伝的距離は同属異種間の平均で1.243 (0.304-2.928)、種内地域間では0.0307 (0.001-0.111)であったと報告している。また、Tan and Liu (2001) は台湾における*Thais*属4種4地域について6酵素9遺伝子座を調べ、種内では分岐遺伝子座がみられず、種はそれぞれ独立したクラスターを形成した。Neiの遺伝的距離は同属異種間で平均1.258 (0.2034-2.4826)、種内地域間では平均0.004 (0.0003-0.0066)であったと報告している。一方、Hayashi (1999) は、*Thais*属における同種内の2型について6酵素10遺伝子座について調べ、分岐遺伝子座はないがNeiの遺伝的距離は異型間の平均で0.019 (0.0132-0.0221)、同型間で平均0.0055 (0.0035-0.0074)であったと報告している。

一方、*Nucella*属についてはMarko (1998) がカリフォルニア沿岸に生息する*N. ostrina*, *N. emarginata*の近縁種2種の分化について、アイソザイム分析を行い、9遺伝子座中1遺伝子座(*Idh-2*)において明確な分岐がみられたと報告している。Liu *et al.* (1991) はアメリカフロリダ州からテキサス州にかけての沿岸域で*Stramonita*(=*Thais*)*haemostoma*とされている種についてアイソザイム分析を行った結果、15遺伝子座中4遺伝子座で明確な分岐遺伝子座があること、およびそれらのNeiの遺伝的距離が0.300であることを示し、これらが*S. canaliculata*と*S. floridana*の2種である可能性を示した。

本研究ではチヂミボラと同科のアクキガイ科*Thais*属のイボニシ、レイシガイを対照として6酵素8遺伝子座を用いて調べたところ、これら2種間には分岐遺伝子座が1つ、遺伝子頻度の均一性の検定で有意となった遺伝子座が3つ存在し、Neiの遺伝的距離は平均0.1594 (0.1509-0.1670)であった。また、イボニシの同種内の地域間では分岐遺伝子座は認められず、Neiの遺伝的距離は平均0.0056 (0.0030-0.0098)であった。

以上これまでに報告されているアクキガイ科内での種間・種内の遺伝的分化レベルをもとに本研究におけるチヂミボラの2地域間の遺伝的分化のレベルをみると、明確な分岐遺伝子座が1つ存在し、Neiの遺伝的距離は8酵素11遺伝子座で0.0449、6酵素8遺伝子座で0.0937となった。従ってこれら2地域のチヂミボラは生殖的に完全な隔離をした亜種レベルの分化に至っているものと推定できる。このことから、本研究で調べたポストークのチヂミボラはエゾチヂミボラ(*Nucella heysena*)である可能性が高いと考えられた。

## 要 約

有効な遺伝マーカーとして検出されたアイソザイム遺伝子座を用いて女川とポストークのチヂミボラについて同科異種の

イボニシ、レイシガイを対照に、2地域間の分化の程度を検証した。その結果、2地域間の遺伝的距離は0.0449を示し、イボニシ-レイシガイの同属異種間の平均0.1594より小さく、イボニシの同種地域間の平均0.0056よりも大きかったことから亜種レベルの分化であると考えられた。以上の結果から、ポストークで採集したチヂミボラはエゾチヂミボラ(*Nucella heysena*)である可能性が示された。

## 参考文献

- Day, A. J, and B. L. Bayne, (1988) : Allozyme variation in population of the dog-whelk *Nucella lapillus* (Prosobranchia : Muricidae) from the South West peninsula of England. *Marine Biology*. 99. pp93-100.
- Day, A. J, (1990) : Micrographic variation in allozyme frequencies in relation to the degree of exposure to wave action in the dogwhelk *Nucella lapillus* (L.) (Prosobranchia : Muricidae). *Biological Journal of the Linnean Society*. 40. pp245-261.
- Day, A. J, H. P. Leinaas, and M. Anstensred (1993) : Allozyme differentiation of population of the dogwhelk *Nucella lapillus* (L.) : the relative effect of geographic distance and variation in chromosome number. *Biological Journal of the Linnean Society*. 51. pp257-277.
- Egorov, R. V. (1992) : Guide to recent molluscs of northern Eurasia.1. Gastropods of the families Muricidae and Thaididae from the seas of Russia. *Ruthenica 2* : pp63-75.
- Felsenstein. J (1993) PHYLIP : phylogeny inference package. Vers. 3.5c. Distributed by author. Department of Genetics, Univ. of Washington, Seattle.
- 藤尾芳久・池田実 (1999) 第2章 アイソザイム分析とDNA分析, 水族における遺伝資源の存在様式と保全. pp42-56 かき研究所.
- Golikov, A. N (1978) : Shelled gastropods molluscs of the littoral seas of the Soviet Union . *Nauka, Leningrad, USSR*.
- Goudet. J, Raymond.M, Meeus. T and Rousset. F(1996) : Testing differntiation in diploid populations. *Genetics* 144 : pp1933-1940.
- Habe, T (1958) : Fauna of Akkeshi Bay, XXV. *Gastropoda*. *Publ. Akkeshi Mar. Biol. Sta.* 8 : pp1-39.
- Hayashi. T (1999) : Genetic Differentiation between the Two Forms of *Thais clavigera* (Kuster, 1858) (Mollusca, Gastropoda) in Tanabe Bay, Central Japan. *Zoological Science of Japan*. 18. pp81-86.
- Kirby, R. R. R. J. Berry, and D. A. Powers. (1997) : Variation in mitochondrial DNA in a cline of allele

- frequencies and shell phenotype in the dog-whelk *Nucella lapillus* (L.). *Biological Journal of the Linnean Society*. 62. pp299–312.
- Kirby, R. R., Brian. L. Bayne and R. J. Berry(1994) : Phenotypic variation along a cline in allozyme and karyotype frequencies, and its relationship with habitat, in the dog-whelk *Nucella lapillus* (L.). *Biological Journal of the Linnean Society*. 53. pp255–275.
- Kirby, R. R., Brian. L. Bayne and R. J. Berry (1994) : Physiological variation in the dog-whelk *Nucella lapillus*, (L.) either side of a cline in allozyme and karyotype frequencies. ). *Biological Journal of the Linnean Society*. 53. pp277–290.
- Liu, L. L., D. W. Foltz and W. B. Stickle(1991) : Genetic population structure of the southern oyster drill *Stramonita* (= *Thais*) *haemostoma*. *Marine Biology*. 111. pp71–79.
- Marko, Peter B. (1998) : Historical allopatry and the biogeography of speciation in the prosobranch snail genus *Nucella*. *Evolution*. 52 ( 3 ). pp757–774.
- Nei, M (1975) : *Molecular Population Genetics and Evolution*. North Holland, Amsterdam.
- Nei, M(1972) : Genetic distance between populations. *Am. Natur.* 106. pp283–292.
- 岡田要 (1971) : Illustrate Encyclopedia of the Faun of Japan [ II ]. : 新日本動物図鑑 [ II ]. pp105.
- 奥谷喬司 (2000) : *Marine Mollusks in Japan*, 日本近海産貝類図鑑. pp388–389.
- 奥谷喬司・楚山勇 (1987) : *Marine Shell-Bearing Mollusks*, フィールド図鑑・貝類. pp57.
- Park, J and Choe, L. B. (1999) : Genetic Relationships of Korean Ocenebrine Species. (Gastropoda : Prosobranchia : Muricidae). *Korean Journal of Biological Science*. 3 . pp285–293.
- Raymond, M and Rousset, F (1995a) : An exact test for population differentiation. *Evolution*. 49( 6 ). pp.1280–1283.
- Raymond, M and Rousset, F (1995b) : GENEPOP (version 1.2) : population genetics software for exact tests and ecumenicism. *Heredity*. 86. pp248–249.
- Tan, K. S. and L. L. Liu(2001) : Description of a New Species of *Thais* (Mollusca : Neogastropoda : Muricidae) from Taiwan, Based on Morphological and Allozyme Analyses. *Zoological Society of Japan*. 18. pp1275–1289.