

## mtDNAによるウミモワレカラ(甲殻綱, 端脚目)の系統地理

阪口 正樹\*・谷 良夫\*\*

### System geography of the skeleton shrimp, *Caprella algaceus* Vassilenko, 1967 (Crustacea, Amphipoda) by mtDNA molecular analysis

Masaki SAKAGUCHI\*, Yoshio TANI\*\*

#### Abstract :

We investigated the geographical distribution of the skeleton shrimp, *C. algaceus*, in the western part of Honshu, Jpn, and constructed its Maximum Likelihood tree based on mtDNA 16S rRNA.

We confirmed habitation in the Sea of Japan side and the Pacific Ocean side.

There were two groups of haplotype in the western part of Honshu, Japan. One was the Sea of Japan group, and another was the Pacific Ocean group.

#### はじめに

TAKEUCHI (1999) は日本近海に生息するワレカラ類を105種としている。これだけ多くのワレカラを擁する海域は、日本近海を除いて世界のどこにも見られない(竹内 2001)。

ウミモワレカラ *Caprella algaceus* Vassilenko, 1967 は、ロシアのウラジオストック近海のポスジェット湾が模式産地である。日本では最初に、島根県と鳥取県にまたがる地中海で採集された(森ほか 1999)。また、2009年4月、大阪湾の湾奥にある西宮市甲子園浜でも採集された(阪口 2009)。朝鮮半島(LEE and HONG 2009)と済州島(KIM et al. 2005)でも採集されている。

VASSILENKO (2006) は、ウミモワレカラは湾奥の河口近くの汽水域に生息すると述べている。日本でも中海や甲子園浜のように河川水混じりの汽水で静かな湾奥に生息している。そのような場所は日本には数多く存在する。

本州西部のウミモワレカラの分布調査とミトコンドリアDNA(以下、mtDNA)の16S rRNA領域の遺伝子解析を行い、各地に産するウミモワレカラの遺伝的縁関係を明らかにしたので報告する。

#### 方法

• ワレカラの採集と固定、同定 :

2011年5月から2012年12月まで、石川県から島根県の日本海側6ヵ所と広島県から三重県にかけて太平洋

側21ヵ所の漁港やヨットハーバーのロープ、ブイ、漁網、海藻などに着くワレカラを採集し、直ちに99.5%エタノールまたは70%エタノールで固定した。阪口(2009)により形態的特徴からウミモワレカラの同定を行った。

• DNAの抽出 :

実体顕微鏡下で先細ピンセットと柄付き針を使って、試料のすべて、または試料の一部を切りだした。Qiagen社製のDNA抽出キット DNeasy Blood & Tissue Kit を用いて全DNAを抽出した。

• mtDNAの増幅および塩基配列の決定 :

PCRには、16S ribosomal RNA(以下、16S rRNA)領域のユニバーサルプライマーとして16SAR・16SBR(PALUMBI and BENZIE 1991)およびワレカラ解析用に設計した16S424F・16S424Rを用いた(谷・阪口 2013)。PCR法によるDNA増幅は株式会社アステック製PC-708を使用した。増幅条件は95℃ 4min., (95℃ 15sec., 55℃ 15sec., 68℃ 30sec.) × 37cycles, 68℃ 5min., 4℃ ∞とした。増幅したmtDNAの領域は、北海道システム・サイエンス株式会社に依頼し塩基配列を決定した。解読した塩基のうち、471塩基を解析に使用した。解析ソフトMEGA5を使用し、最尤法(Maximum Likelihood Method)により系統樹を作成した。

#### 結果

ウミモワレカラ *C. algaceus* は、日本海側では能登半島の石川県七尾市中島、福井県三方郡美浜町、京都府宮津市天橋立、島根県松江市三保関町の中海で生息していた。また、太平洋側では三重県伊勢市、大阪府忠

\* 〒662-0824 西宮市門戸東町1-26  
e-mail:warekara@bcabai.ne.jp

\*\* 兵庫県立尼崎小田高等学校  
2013年3月29日受理

Table 1 解析に使用したウミモワレカラ *C. algaceus* のデータ  
Data of *C. algaceus* which we used for analysis

Location of collection(Population which we inspected)	Date of collection
西宮市, 甲子園浜 Nishinomiya, Koshien beach (6)	17 May 2011
尼崎市, 尼崎港 Amagasaki, Amagasaki Port (6)	15 May 2011
宮津市, 天橋立 Miyazu, Amanohashidate (6)	11 Jun. 2012
備前市, 鶴海マリーナ Bizen, Turumi Marina (3)	26 Jul. 2012
美浜町, 早瀬漁港 Mihama, Hayase Fishing Port (4)	5 sep. 2012
美浜町, 早瀬, 久々子湖 Mihama, lake Kugushi (2)	5 sep. 2012
西宮市, 甲子園ヨットハーバー Nishinomiya, Koshien Yacht Harbor (3)	3 Nov. 2012
七尾市, 中島町深浦 Nanao, Nakajima (3)	16 Mar. 2012
高石市, 高師浜漁港 Takaishi, Takashinohama Fishing Port (3)	23 Mar. 2012
松江市, 美保関町下宇部尾, 中海 Matsue, Mihonoseki, Nakaumi (5)	2 Apr. 2012
伊勢市, 村松漁港 Ise, Muramatsu Fishing Port (2)	16 Aug. 2012
忠岡町, 新浜 Tadaoka, Niihama (2)	18 Dec. 2012

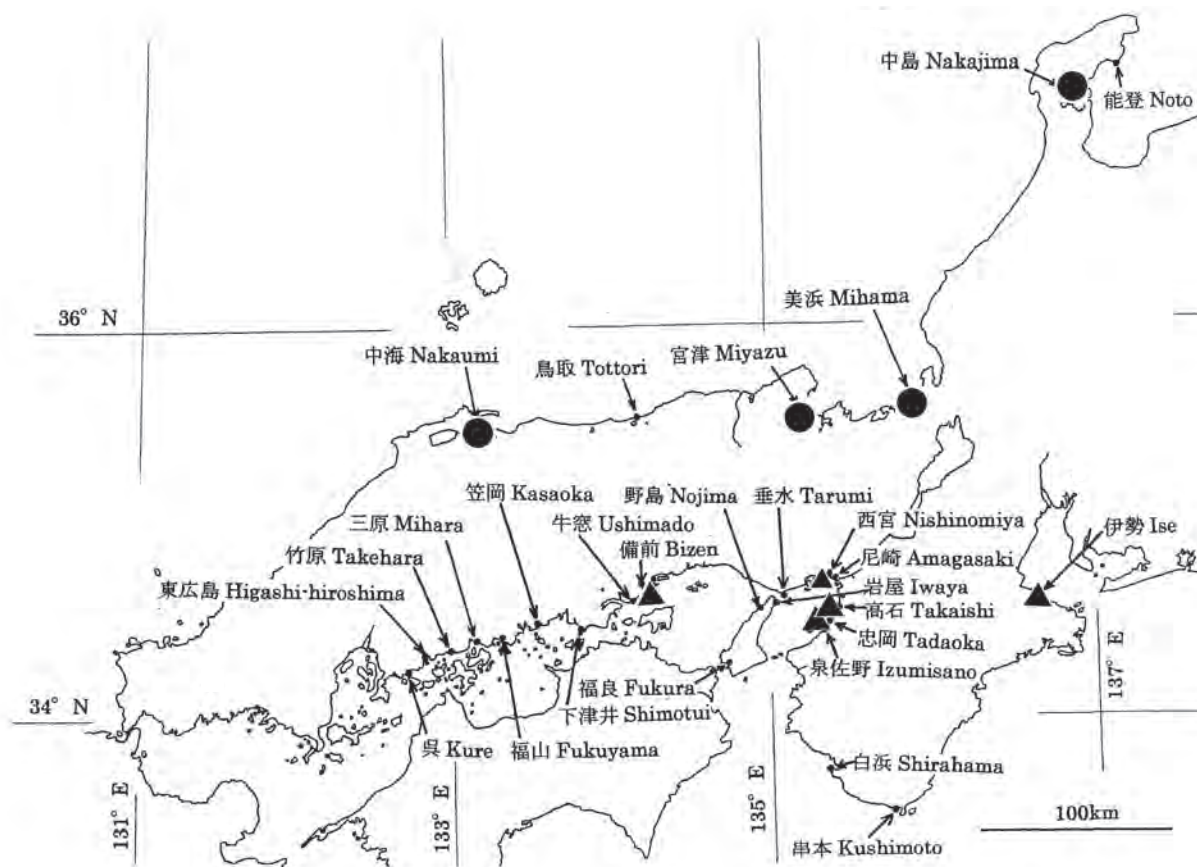


Fig.1 本州西部のウミモワレカラ *C. algaceus* 生息地点  
調査した地点をすべて示した。地名と矢印で示した地点で調査した。●は日本海側集団の生息地点を,  
▲は太平洋側集団の生息地点を示す。  
Habitation places of *C. algaceus* in the western Honshu, ● indicates the Sea of Japan group,  
▲ indicates the Pacific Ocean group.

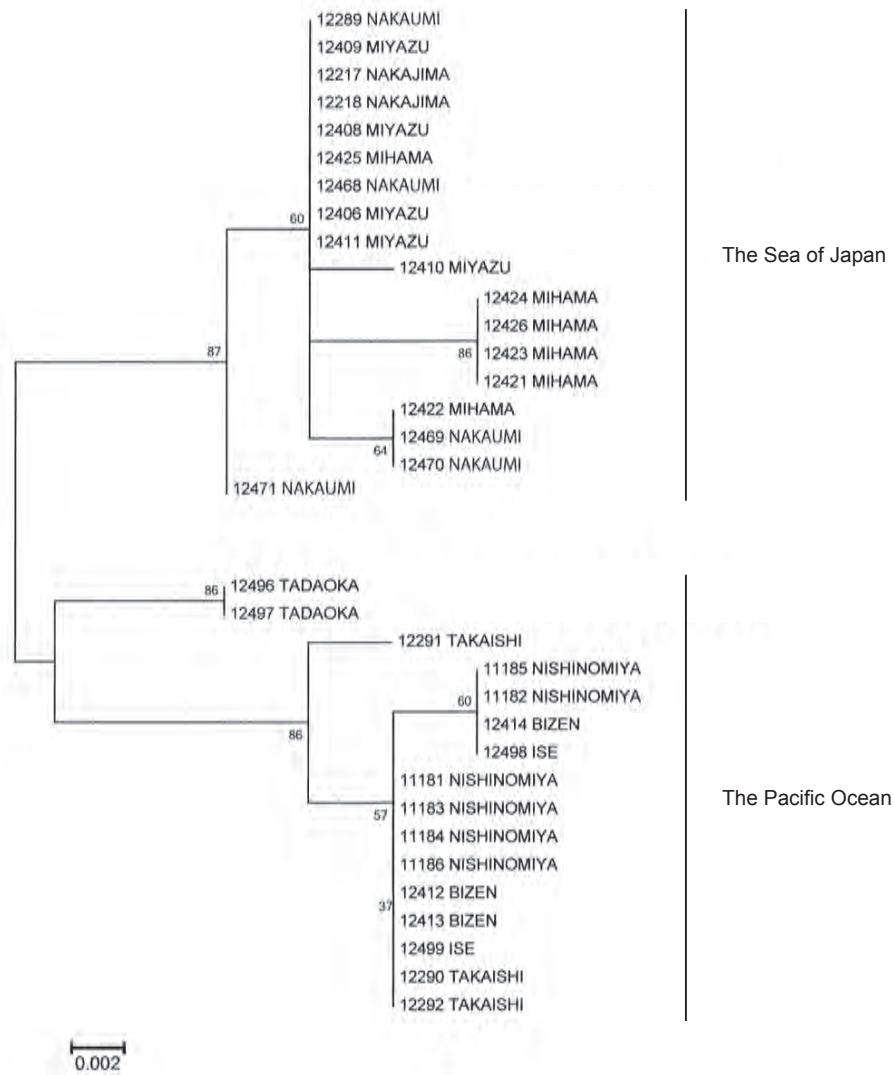


Fig.2 ウミモワレカラ *C. algaceus* の mtDNA 16S rRNA の最尤法による系統樹。図中の数字は個体番号を、ローマ字は採集場所を示す。日本海側集団(●)と太平洋側集団(▲)に大別できる。

Maximum Likelihood Tree based on genetic distance estimated from mitochondrial 16 S rRNA gene sequences in *C. algaceus*, collected from western Honshu. There are two groups, the Sea of Japan group (●) and the Pacific Ocean group (▲).

岡町, 高石市, 兵庫県尼崎市, 西宮市, 岡山県備前市で生息していた (Table 1, Fig.1)。

ウミモワレカラの mtDNA の 16S rRNA 遺伝子解析による系統樹 (Fig.2) を作成した。それによると、能登半島の中島, 美浜, 宮津, 中海に生息する日本海側集団と、伊勢, 忠岡, 高石, 西宮, 備前に生息する太平洋側集団の遺伝的に異なる2つの集団に分かれた。

このようにウミモワレカラは本州西部では遺伝的にはっきりと二つの集団に分かれた。

## 考察

今回の調査により、ウミモワレカラは日本海側と太平洋側に広く分布することが分かった (Fig. 1)。生息

場所は淡水の混じる汽水域の湾奥にあった。瀬戸内海でも潮の流れのある場所では採集できなかった。

現在、岡山県と香川県の間にある備讃瀬戸では東からの潮流と西からの潮流がぶつかり、また引いていく (藤原ら 2003)。今回、備讃瀬戸の西側でも調査を行ったが、ウミモワレカラは見つかっていない。瀬戸内海の特有な潮流のために、太平洋側のウミモワレカラが備讃瀬戸より西に行くことができていない可能性もある。

ウミモワレカラの mtDNA 16S rRNA 遺伝子解析の結果、山陰・北陸に特有な日本海側集団と、伊勢と瀬戸内海に特有な太平洋側集団に分かれた。このことがどのような成因によってなされたものであるのかは現

段階では決定できにくい。日本海が形成された当初は日本海が大きな閉鎖性海域であったことや寒冷期の海面の低下により東シナ海の南縁に存在した入江(古東シナ海)が関係しているかも知れない。この場合は日本海で隔てられたロシア、朝鮮半島、本州の日本海沿岸に遺伝的な共通性がみられるはずである。ウミモワレカラは、日本を含めた東アジアで知られている。朝鮮半島、ロシアの沿海州にも広げ、遺伝子レベルで解析すれば、今回の解析結果の成因として、日本海の形成の関与が検証できるはずである。さらに、日本の周辺は*Caprella*属が多く生息する。新生代に起きたであろう*Caprella*属の種分化を遺伝子レベルで解明するきっかけとなる可能性がある。

## まとめ

1. ウミモワレカラ *C. algaceus* の地理的分布と mtDNA の 16S rRNA 塩基配列を基に最尤法により分子系統樹を求めた。
2. ウミモワレカラは、日本海側では能登半島の七尾湾から中海まで生息し、太平洋側では伊勢湾、大阪湾、岡山県備前市まで生息した。
3. ウミモワレカラの mtDNA の 16S rRNA 塩基配列から、日本海側集団と、太平洋側集団に分けられた。それらは遺伝的に別の集団であり、日本海側集団と太平洋側集団で同じハプロタイプはなかった。

## 謝辞

遺伝子解析は兵庫県立尼崎小田高等学校のお世話になった。兵庫県立西宮甲山高等学校の石川正樹氏には有益な助言をいただいた。また、この研究においては2011年度および2012年度の須磨海浜水族園のスマスイ自然環境保全助成を受けた。共にお礼を申し上げる。

## 引用文献

- 藤原建起・小林志保・高志利宣. 2003. 瀬戸内海の窒素・リンの輸送と起源の現地観測. 海岸工学論文集, 第50集: 951 - 955.
- KIM, Y. H., EUN, Y. and LEE, K. S. 2005. Amphipods(Gammaridea and Caprellidea) fauna of Jindo Island in Korea. Korea. J. Sys. Zool. Special. Issue, 5:1-11.
- LEE, K. S. and HONG, S. S. 2009. Caprellid fauna (Amphipoda:Caprellidae) of Gohrnng Peninsula. Korea. J. Sys. Zool., 25(3):317-323.
- 森敦史・大和茂之・原田英司. 1999. 宍道湖・中海の沿岸域で採集されたワレカラ類. 日本甲殻類学会第37回大会(発表要旨).
- PALUMBI, SR. and BENZIE, J. 1991. Large

mitochondrial DNA differences between morphologically similar Penaeid shrimp. Mol. Mar. Biol. Biotechnol., 1(1):27-34.

- 阪口正樹. 2009. 大阪湾初記録のウミモワレカラ(端脚目, ワレカラ科). 南紀生物, 51(2):163-164.
- TAKEUCHI, I. 1999. Checklist and bibliography of the Caprellidea(Crustacea: Amphipoda) from Japanese waters. Otsuchi Marine Science, 24:5-17.
- 竹内一郎. 2001. 日本沿岸におけるワレカラ類(甲殻綱: 端脚目)の種多様性について. 地球環境, 6(1): 61-67.
- 谷良夫・阪口正樹. 2013. mtDNAの遺伝子解析によるワレカラ(甲殻綱, 端脚目)の同定. 兵庫生物, 14(4): 271-278.
- VASSILENKO, S. V. 2006. Caprellids. Biota of the Russian Waters of the Sea of Japan. Vol.4. 200pp.