

論文内容要旨 (和文)

平成20年度入学 大学院博士後期課程
地球共生圏科学専攻 生物学分野
氏名 後藤 亮



論文題目 パラオ諸島海水湖に生息する魚類の進化

種分化は大きく分けて、異所的種分化、側所的種分化、同所的種分化の三つに分類される。なかでも地理的隔離によって引き起こされる異所的種分化は、大陸と歴史的につながったことのない海洋島をモデルに、陸上生物において広く研究されてきた。一方、海洋生物は海が連続していること、および海流によって卵や幼生・仔魚が広範囲に分散され遺伝子流動が頻繁に起こっていることなどから地理的隔離のモデルを想定しにくく、これまでほとんど異所的種分化の研究がなされてこなかった。そこで、本研究では海洋生物にとって“島”といえるパラオ諸島海水湖に着目した。パラオ諸島海水湖に生息する生物は、海水湖形成時(約10,000年前)に閉じ込められて以来、今日まで隔離されていると考えられている。このため、海水湖は異所的種分化の研究をおこなう上で非常に適した環境といえる。

本研究では複数の海水湖とラグーンに生息する魚類2種、ホソスジマンジュウイシモチ、*Sphaeramia orbicularis* (硬骨魚類スズキ目テンジクダイ科)とヤクシマイワシ属の一種、*Atherinomorus endrachtensis* (硬骨魚類トウゴロウイワシ目トウゴロウイワシ科)を対象に、複数の分子マーカーを使い集団遺伝学的解析をおこなうことにより多角的な視点から海水湖集団の進化の独自性を明らかにすることを試みた。

まず、ミトコンドリアDNA(mtDNA)のcytochrome b遺伝子と調節領域を用いた集団遺伝学的解析をおこなった。その結果、両種ともにラグーン集団では遺伝的多様性が高いことが示された。ヤクシマイワシ属の1種で歴史的な集団サイズの変遷を解析したところ、ラグーン集団は約70,000年前にボトルネックを受けた後に、急激にその集団サイズを拡大したことが示唆された。また、パラオから1,500kmも離れたスラウエシで検出されたハプロタイプと近縁なハプロタイプを持つ個体が見つかったことから、非常にはまれであるものの広範囲な遺伝子流動があることが示唆された。一方で、ラグーン内でも弱い程度ではあるものの遺伝的な分化が見られた。この「広範囲な遺伝子流動」と「狭い範囲での分集団化」は矛盾しているように見えるが、この相反する二面性がラグーンや沿岸域に生息する種の特徴と考えられる。海水湖集団は、どちらの種でも遺伝的多様性が著しく低く、ラグーン集団とは遺伝的に大きく分化していることが示された。これは海水湖形成時におこった創始者効果が大きな影響を及ぼしたものと考えられる。

次に、汎用的に利用可能なマイクロサテライトマーカーの開発をおこない、そのマーカーを用いて集団遺伝学的解析をおこなった。その結果、棘鱗上目(約15,000種が含まれる)の多

くの種で利用可能なマイクロサテライトマーカーの開発に成功した。開発したマーカーは集団遺伝学的解析に有効であるだけでなく、棘鱗上目の分類体系やマイクロサテライトの進化研究に対しても有効であることが示唆された。このことから、今回開発したマーカーは様々な進化的研究に寄与できると考えられる。ホソスジマンジュウイシモチとヤクシマイワシ属の1種で集団遺伝学的解析をおこなった結果、mtDNAの解析と同様に海水湖集団はラグーン集団に比べて著しく遺伝的多様性が低く、遺伝的に大きく分化していることが明らかになった。また、ヤクシマイワシ属の1種では、ラグーン集団が狭い範囲(最大でも25km)にもかかわらず、分集団化していることが示唆された。

次に、適応に関連した遺伝子として主要組織適合性抗原複合体(MHC; Major Histocompatibility Complex)のClass II B遺伝子に着目し、解析をおこなった。その結果、この領域が歴史的には正の自然選択を受けてきたことが明らかになった。海水湖はラグーンに比べて富栄養的で、そこに生息するバクテリアの数も多いことが知られている。このことから外来性抗原に対するMHC class II B 遺伝子の多様性は、ラグーン集団よりも海水湖集団のほうが高い傾向を示すことが予測されたが、海水湖集団はラグーン集団に比べて遺伝的多様性は低かった。これはmtDNA、マイクロサテライトマーカーの解析結果と同様であることから、MHC class II B遺伝子は、移入時のボトルネックの影響を強く受けたため、その遺伝的多様性を失い、現在まで回復していないものと考えられる。海水湖が形成されたのは5,000年~10,000年前であり、このような長期間MHC class II B遺伝子の多様性が低い状態で維持された集団の報告は海洋生物ではなされていない。このことから本研究で得られた結果は、MHCの進化的な研究にも大きく貢献できるものと考えられる。

本研究で使用したすべての分子マーカーで海水湖集団の進化的な独自性が示された。このことから、パラオ諸島海水湖に生息する生物は、海洋生物の進化研究において、非常に重要なモデルであり、今後の様々な進化的研究が期待される。

論文内容要旨 (英文)

平成20年度入学 大学院博士後期課程

地球共生圏科学専攻 生物学分野

氏名 後藤 亮



論文題目 Evolution of fishes inhabiting marine lakes in Palau Islands

Although evidence for the evolution of terrestrial species on islands continues to rapidly accumulate, little is known about the evolution of marine species in geographically isolated environments such as islands as ocean currents often facilitate gene flow among populations. In this study, we focused on marine lakes of the Palau Islands, which are considered to be true analogues of terrestrial islands for marine species. To examine evolutionary processes in marine lakes, we conducted population genetic analyses on marine lake and lagoon populations of the orbiculate cardinalfish, *Sphaeramia orbicularis*, and the striped silverside, *Atherinomorus endrachtensis*, using three molecular markers: mitochondrial DNA (mtDNA), microsatellites, MHC (major histocompatibility complex) class II B gene. The analyses based on mtDNA markers revealed that the amount of genetic diversity of marine lake populations is much lower than that of lagoon populations and high levels of genetic differentiation occur among marine lake and lagoon populations in both species. Microsatellite markers that can be universally used for the number of species in acanthopterygian fishes were developed by a new approach. The new developed markers showed the beneficial effects on not only population genetics but also phylogeny and the study of evolution of microsatellite. These markers clearly showed that the marine lake populations have different genetic structures from lagoon populations and there are sub-populations in lagoon. The analyses based on MHC class II B gene demonstrated that this gene was historically under the positive selection and marine lake populations have maintained during 5,000 to 10,000 years despite the loss of the genetic diversity. This result suggested that marine lake populations have been subjected to severe bottleneck effect and can not be restored its genetic diversity until today. The present study has shown that marine lake populations have been completely isolated and have differentiated from lagoon populations, and each marine lake population is experiencing different evolutionary processes. These findings clearly demonstrate that marine lakes provide excellent fields for the evolutionary study of marine species.