

# 論文内容要旨 (和文)

平成 18 年度入学 大学院博士後期課程 地球共生圏科学専攻・環境保全科学講座  
氏 名 後藤 禎 補



論文題目 パラオ諸島海水湖群に生息するイガイ科貝類*Brachidontes* spp.の進化

海洋には個体の分散を阻害する物理的障壁があまり存在しないため、集団サイズが大きくて分布が広い海洋生物では、遠く離れた集団間でも頻繁な遺伝的交流が起こる傾向がある。パラオ諸島には固有の物理化学的特性と生物相をもつ約70の海水湖がある。その湖の多くは湖外のラグーンとの間で大規模な海水や生物の出入りがあり典型的な熱帯サンゴ礁型の環境を持つが、一部の湖は海水の出入りはあるが生物の出入りのない非サンゴ礁型の環境を持つ。世界的に見てもこのような地史的に新しい海水起源の塩水湖は少なく、パラオの海水湖群は数10km四方の狭い地域に集中している点で、他に類のない海洋環境であるが、海水湖の生物に関する研究は少ない。これまでの我々の生物調査において、イガイ科貝類は11箇所の非サンゴ礁型海水湖で分布が確認されている。一見してその形態的特徴が異なることから、複数の種が分布していると考えられたが、これまで分類・同定などの研究は行われていない。本研究では、海水湖群に生息するイガイ科貝類の分類・同定および集団の進化過程の解明を試みるべく、形態的形質の観察・測定と分子マーカーに基づく系統解析、集団遺伝学的解析を行った。

形態的形質の観察の結果、貝殻の形態の相違から、海水湖群に生息するイガイ科貝類は3つの形態型、NS型、ON型、MC型に分類できた。また、それらに共通する形態的特徴は、3型がいずれも*Brachidontes*属に属することを示した。しかし、*Brachidontes*属と、それに近縁な*Hormomya*属の分類体系は現在混乱しており、近年の形態学的研究の結果はこの2属を区別すること、およびこの2属に分類されてきた様々な種の同定が実質的に不可能であることを示している。そのため、貝殻の形態ではパラオ海水湖産3型の種の同定も不可能であった。そこで、パラオ海水湖産3型の18S rRNA遺伝子配列を決定し、これまでに種として記載されているイガイ科貝類16属47種の同遺伝子配列をDNAデータベースから検索し、合わせて系統解析を行った。その結果、3型の間に塩基配列の相違はないこと、海水湖産3型は*Brachidontes*属と*Hormomya*属の種からなる一つのクレードに含まれることから、両属の形態的類似性を示した先行研究や、両属と3型の形態的類似性の観察結果が支持された。さらに、海水湖産3型間や近縁種間の類縁関係を推定して3型を同定するために、より分子進化速度が速いミトコンドリア (mt) DNA上にコードされているチトクローム酸化酵素 (CO) I 遺伝子配列を決定し、DNAデータベースに登録されている近縁種とともに系統解析を行った。その結果、海水湖産3型は香港産の*Brachidontes variabilis*に最も近縁であった。これらの結果から、海水湖産イガイ科貝類3型を*Brachidontes* sp. として扱うことが妥当であると結論した。

海水湖産3型間の貝殻形態の相違を明らかにするために、詳細な形態的形質の観察と計測、およびそれら形質の統計解析を行った。その結果、3型のうちNS型とMC型では、海水湖集団間で形態の分化がある程度認められた。このうち貝殻の輪郭についてその特徴を楕円フーリエ記述子に基づく主成分分析により定量・数値化して解析したところ、NS型とMC型は海水湖集団ごとに形態的に分化したいくつかのグループに分けられることが明らかとなった。さらに、COI遺伝子に基づく系統解析の結果、海水湖産イガイ科貝類は大きく2つの系統、A系統、B系統に分かれ、それぞれNS型はA系統に、MC型はB系統に属し、両系統間の遺伝的距離の大きさから両型は別種と推定された。これら2型では単系統性が示されたのに対して、

(10pt 2,000字程度 2頁以内)

ON型ではB系統に由来する遺伝子ハプロタイプに加えてA系統に由来するハプロタイプが確認され、A、B両系統の祖先集団間で過去に交雑があったことが示された。ON型の持つB系統由来ハプロタイプはMC型のハプロタイプに非常に近縁であることから、これらの2型は比較的最近種分化し、それぞれが急激に形態の分化を遂げたことが示唆された。

COI遺伝子配列に基づく集団遺伝学的解析において、集団の固定指数  $\phi_{st}$  の値は海水湖集団間の有意な遺伝的分化を示唆したが、分化の度合いは集団間で大きく異なり、かつ集団間の地理的距離との相関性は見られなかった。遺伝的多様性は集団によって大きく異なるが、形成年代がより古いと考えられる深い海水湖ほど遺伝的多様性が大きい傾向が認められたことは、祖先集団の遺伝的多様性が年代によって大きく異なっていたか、集団が安定的に維持される期間が長いほど遺伝的多様性が大きくなったためと考えられた。各集団の持つハプロタイプの塩基置換パターンから、多くの海水湖集団は急激な個体数の増加を経験していること、集団によって創始者効果の強さが大きく異なることが示唆された。一部の海水湖では分化したハプロタイプグループが混在するため、海水湖へ複数の祖先集団の移入が起こったと考えられる。

本研究の結果から、各海水湖に生息するイガイ科貝類は固有の遺伝的構造を形成し、一部は形態的分化を遂げていることが明らかとなった。これらの分化、多様化には、それぞれの海水湖が生物集団の異所性をもたらす枠組みとして機能し、各集団でそれぞれ生じた集団サイズの縮小・拡大に強く影響したと考えられる。

# 論文内容要旨 (英文)

平成 18 年度入学 大学院博士後期課程 地球共生圏科学専攻 環境保全科学講座

氏名 後藤 禎輔



論文題目 Evolution of three morphs of mussels inhabiting marine lakes in Palau Islands

Marine organisms, which tend to be distributed over wide geographic ranges, have large population sizes, and gene flow frequently occurs among distant populations in the organisms, because there are few barriers to prevent such gene flow in the ocean. Marine lakes in the Palau Islands are known as marine environments with unique physical, chemical and biological conditions isolated from the surrounding outer lagoon. We focused on mussels inhabiting the marine lakes and conducted morphological, phylogenetic and population genetic analyses to clarify their evolutionary histories. The mussels were morphologically classified into three differentiated morphs: NS, ON and MC-morphs, their common morphological characters were consistent with the *Brachidontes-Hormomya* complex in the family Mytilidae. Phylogenetic analyses based on nuclear 18S ribosomal RNA and mitochondrial COI genes fundamentally supported the identification of three morphs. Measurement of morphological characters and their statistical analyses, such as shell shape variations revealed that morphological differentiation have already occurred among some marine lake populations. A phylogenetic analysis based on maternally inherited COI genes showed that the NS- and MC-morphs are highly diverged from each other. A population genetic analysis suggested that haplotypes found in the ON-morph have derived from both lineages in NS- and MC-morphs, indicating the possibility of past hybridization between the ancestral populations of the two morphs. Some parameters of intrapopulation diversity and interpopulation differentiation implied that genetic structures are considerably different among marine lake populations. Such difference of genetic structures probably reflects different histories in each marine lake population. It is thought that strictly isolated marine lakes have played important roles to keep allopatric distribution and reproductive isolation among populations and to raise morphological and genetic differentiation in the three morphs of mussels.

(12pt シングルスペース 300 語程度)