

深海性二枚貝類の集団遺伝学的解析

○別符 沙織・土橋 文 (山梨大),
平山 仙子・渡部 裕美・藤原 義弘 (海洋研究開発機構),
山本 智子 (鹿児島大), 宮崎 淳一 (山梨大)

日本周辺海域には、深海の熱水域と湧水域ならびに鯨遺骸などの有機物塊周辺域に多数の化学合成生物群集が形成されている。日本周辺海域に生息するシンカイヒバリガイ、ヘイトウシンカイヒバリガイ、カズキシンカイヒバリガイの3種は熱水域／湧水域という異なる環境のいずれにも生息することができる珍しい種であることが知られている。熱水域／湧水域という環境の違いが深海生物の分散や種分化に影響を与える要因になっているかを知るための手段として集団遺伝学的解析は非常に有効である。これまでに沖縄トラフの熱水域と相模湾初島沖の湧水域に生息するヘイトウシンカイヒバリガイにおいて、集団遺伝学的解析を行った。その結果、生息環境が異なり、生息域が1,500kmも離れているにもかかわらず沖縄トラフと相模湾初島沖の集団間では遺伝的な相違が見られないことが明らかとなった。しかし、沖縄トラフの異なる産地の個体を合せて用いたため、統計学的に十分に支持される結果が得られたとはいえなかった。また、鹿児島県の野間岬沖に沈設した鯨骨生物群集の優先種であるヒラノマクラでは、これまでに2003年度と2004年度の個体群の間で共通のハプロタイプが存在し、遺伝的にほとんど差がないことを示した。このことは、非常に大きな集団から同様の遺伝的組成をもつ幼生が毎年移入しているか、もしくは他の地点とは独立してこの鯨骨で繁殖を繰り返していることを示唆した。本研究では、熱水域、湧水域、鯨遺骸の化学合成生物群集で優占するイガイ類の環境間の分散や種分化の過程を明らかにするために、シンカイヒバリガイ、ヘイトウシンカイヒバリガイ、ヒラノマクラの3種のイガイ類を対象として、ミトコンドリアND4遺伝子の塩基配列を基にArlequin ver 3.11を用いて以下の集団遺伝学的解析を行った。1) 新たに沖縄トラフの伊平屋海嶺で採集したヘイトウシンカイヒバリガイを用い、改めて沖縄トラフの伊平屋海嶺の集団と相模湾初島沖の集団において解析を行った。2) シンカイヒバリガイも沖縄トラフの伊平屋海嶺と相模湾初島沖の両方に生息しているので、シンカイヒバリガイについても同様に解析を行い、ヘイトウシンカイヒバリガイの結果と比較した。3) 新たに2007年度、2010年度に採集したヒラノマクラを用いて解析を行い、2003年度と2004年度の系統と比較した。