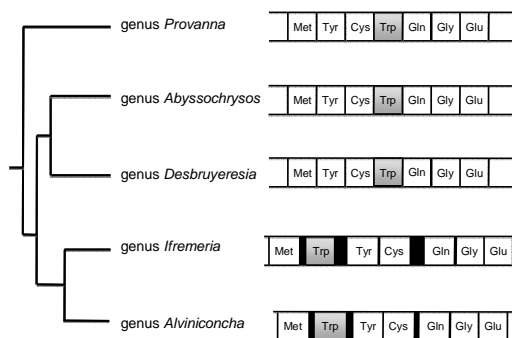


## 南マリアナトラフにおけるアルビンガイの集団構造に関する研究

○日高 裕華（東京大学大気海洋研究所），小倉 知美（東京海洋大学），  
渡部 裕美（海洋研究開発機構），狩野 泰則・小島 茂明（東京大学大気海洋研究所）

アルビンガイ類 *Alviniconcha* spp. は、マリアナトラフ以南の南太平洋やインド洋の熱水噴出域に固有なハイカブリニナ科の巻貝であり、肥大した鰓に硫黄酸化細菌であるガンマプロテオバクテリアまたはイプシロンプロテオバクテリアを共生させている。また、ミトコンドリア DNA の COI 遺伝子領域の塩基配列に基づく解析から、アルビンガイ *A. hessleri* に加えて4種の未記載種が存在することがわかっている。これまでに、わたしたちはアルビンガイおよびアルビンガイ類未記載種4種と3カ所の熱水噴出域（マヌス海盆、北フィジー海盆、ラウ海盆）で採集された同じくハイカブリニナ科のヨモツヘグイニナ *Ifremeria nautiliei* について、ミトコンドリア DNA の部分塩基配列を決定し、新生腹足類 Caenogastropoda の祖先型の遺伝子配置と比較して遺伝子配置変動の有無を調べた。その結果、7種類の tRNA をコードする遺伝子が連続する領域において、トリプトファン tRNA 遺伝子の配置が変わっていることを明らかにした。また、この遺伝子が元々あった位置および転移後の位置の前後に非翻訳領域が存在することが確認された。この非翻訳領域は、トリプトファン tRNA 遺伝子の転移に伴って生成され、その後の欠失によって短くなったものであると考えられた。さらに、ハイカブリニナ属 *Provanna*、セイタカハイカブリニナ属 *Desbruyeresia*、そして、ワタゾコニナ属 *Abyssochrysos* について、同様にミトコンドリア DNA の部分塩基配列を決定したところ、いずれも新生腹足類の祖先型の遺伝子配置であった。したがって、配置の変化はアルビンガイ類とヨモツヘグイニナの共通祖先の段階で起きたことが示された（図）。

次に、熱水噴出域の生物がどのように熱水噴出域間を分散し、集団を形成しているのかを検証することを目的に、YK10-11 航海において採集した南マリアナトラフの3ヶ所の熱水噴出域（Archaean site、Pika site、Snail site）のアルビンガイ各20個体について、この非翻訳領域の塩基配列を決定したところ、個体間に集団解析に十分な数の変異があることが明らかになった。今後、このデータに基づき地域集団の履歴を解明するとともに、COI 遺伝子領域を用いた集団構造解析と比較し、この非翻訳領域の遺伝子マーカーとしての有用性を検討する予定である。



ハイカブリニナ科巻貝の系統関係と7種類の tRNA が連続する領域の模式図（黒色で示す場所が非翻訳領域）