

## 深海性二枚貝のミトコンドリアゲノム解析

○小澤 元希（北里大学・海洋研究開発機構）、島村 繁・高木 善弘（海洋研究開発機構）、神保 充（北里大学）、丸山 正・吉田 尊雄（海洋研究開発機構・北里大学）

深海の化学合成生態系の熱水噴出域や湧水域に生息する主な構成種であるシロウリガイ類やシンカイヒバリガイ類は、鰓上皮細胞内に化学合成細菌を共生させている。なかでもシロウリガイ類は共生菌が作り出した有機物に栄養を依存しているとされている。シロウリガイ類の共生菌は卵を介して次世代に垂直的に伝播すると報告され、系統解析からも宿主と共生菌が共進化していると考えられている。

これまでに、シマイシロウリガイとガラパゴスシロウリガイの2種の共生菌ゲノムが明らかにされている。これらの解析からシロウリガイ類の共生菌は細胞内共生によりゲノムが縮小進化していることがわかってきた。この共生菌のゲノム縮小プロセスを明らかにするためには、シロウリガイ類の宿主の系統関係を踏まえ議論することが重要である。これまでの宿主の系統関係は、主にミトコンドリアのシトクロムCオキシダーゼサブユニットI（*COI*）遺伝子配列をもとに議論されてきたが、宿主間の系統的な位置関係を明確に示唆するものではなかった。

そこで本研究では、深海性二枚貝のミトコンドリアゲノムを明らかにするとともに、複数の遺伝子情報を用いた系統解析を行うことにより、宿主の系統関係を正確に示すことができる系統樹を作成することを目的とする。本発表では、シロウリガイ類のナギナタシロウリガイ（YK09-12 航海）とシチヨウシンカイヒバリガイ（NT10-08 航海）のミトコンドリア全配列を決定し、遺伝子解析を行った。また、これまで既に報告されている浅海性の二枚貝類ミトコンドリアゲノムとの比較について報告する。