

ミトコンドリアゲノムから見た深海性二枚貝シロウリガイ類の系統関係および共生細菌との共進化について

○ 小澤 元希（北里大学大学院, 海洋研究開発機構）金子 隆司（東京バイオテクノロジー専門学校・海洋研究開発機構）島村 繁・高木 善弘・興石 武・加藤 千明（海洋研究開発機構）
丸山 正・吉田 尊雄（海洋研究開発機構, 北里大学大学院）

深海の湧水域や熱水噴出域で優占的に生息するシロウリガイ類は、鰓上皮細胞内に硫黄酸化細菌を共生させた二枚貝である。シロウリガイ類の共生細菌は、宿主の卵を介して垂直伝播されると考えられ、宿主と共生細菌が同時に種分化を遂げる共種分化関係にあると考えられている。共種分化関係にある二者間では、系統樹を作成すると両者の樹形の一致が見られるが、これまでのシロウリガイ類と共生細菌の共種分化に関する報告では、両者ともに分岐の支持が低い系統樹が得られている。この結果から我々は本当にシロウリガイ類と共生細菌が共種分化しているかわからないと考えた。そこで、より詳細に共種分化を議論するためには、複数の遺伝子配列を用いて作成した分岐の支持が高い系統樹が必要となる。共生細菌はゲノム解析により多くの遺伝子配列が明らかになっているが、シロウリガイ類の遺伝子はあまり知られていないのが現状である。そこで、これまでに我々は宿主の遺伝子情報を増やす目的としてまず、2種のシロウリガイ類のミトコンドリアゲノムを明らかにした。本研究では、さらに11種類のシロウリガイについて、得られたミトコンドリアゲノムをもとに共通配列からプライマーを作成しPCR法でミトコンドリアの一部の配列を増幅させ、解読した複数のミトコンドリア遺伝子を用いて系統樹を作成することにした。そしてこれまでに明らかになった共生細菌の遺伝子を用いた系統樹と比較して、シロウリガイ類と共生細菌が共種分化関係にあるかどうかを解析することにした。

日本周辺や北太平洋に生息する全11種のシロウリガイ類間で、これまでに11種のミトコンドリア遺伝子（COI, COII, COIII, Cytb, ND1, ND3, ND4, ND5, ATP6, ATP8, 16S rRNA）を決定した。これらを用いて最尤法およびベイズ法により解析した系統樹は、これまでのシロウリガイ類の系統樹よりも分岐の支持が高い樹形を示した。シロウリガイ類の共生細菌の系統樹は、これまで明らかになった8種の遺伝子（16S rRNA, 23S rRNA, *uvrA*, *uvrD* パラログ, *mfd*, *groEL*, *groES*, *gyrB*）を用いて作成した。両者の樹形を比較した結果、11種のシロウリガイ類のうち5種に関してはシロウリガイ類と共生細菌の系統樹で分岐の一致が見られ、共種分化関係であると考えられた。しかし、残りの6種類のシロウリガイ類に関しては、分岐の一致が見られなかった。両者の樹形から求めた尤度検定でも樹形の一致が見られないことが正しいと示された。このことから分岐の一致が得られないシロウリガイ類に関して、共種分化でない他の進化を遂げている可能性が考えられた。共種分化以外に考えられる進化として、我々は分岐の一致が見られないシロウリガイ間で、共生細菌が別の宿主へ水平伝播する「宿主転換」が起こったのではないかと推察している。