

深海化学合成生物群集に生息するハイカブリニナ属腹足類の 種分化過程の推測

○小倉 知美（東京海洋大学大学院・海洋研究開発機構）、渡部裕美（海洋研究開発機構）、
佐々木猛智（東京大学総合研究博物館）、藤倉克則（海洋研究開発機構）

ハイカブリニナ属の腹足類は、インド洋を除く世界中の深海化学合成生物群集に幅広く生息し、個体数も非常に多い。日本近海に生息する種は、生息場所が多様（例. 水深、基質）である他、多数の未記載種の報告があり、種多様性も高い。このように多様な環境に進出してきた本属の種分化過程の解明は、深海化学合成生物群集の生物がどのように生息範囲を拡大し、生息環境に適応しながら種分化してきたかという進化史の一端の理解に繋がると考える。そこで本研究では、遺伝学的手法と形態学的手法によって日本周辺の化学合成生物群集に生息するハイカブリニナ属の腹足類の種多様性と種分化過程を明らかにすることを目的とした。

本研究では、有人潜水船「しんかい 2000」及び無人探査機ハイパードルフィン（NT02-07、NT05-03 Leg1、KY11-1 Leg1、NT11-20）によって沖縄トラフの 8ヶ所の熱水噴出域、南西諸島（琉球海溝及び相模湾初島沖の 2ヶ所の湧水域より）採集された合計 197 個体のハイカブリニナ属腹足類を分析に使用した。貝殻形態を実体顕微鏡下で写真撮影を行い、貝殻形態形質の計測を行なった。歯舌の形態は走査型電子顕微鏡下で観察した。軟体部から抽出した全 DNA のミトコンドリア COI 遺伝子領域の部分塩基配列データを取得し、DNA レベルでのグルーピングを行なった。このグルーピング結果を基に、各系統の 3 個体からミトコンドリア 16S 遺伝子領域及び核の 28S 遺伝子領域の部分塩基配列を取得し、COI 遺伝子領域のデータ及び東太平洋に生息するハイカブリニナ属の同遺伝子領域の部分塩基配列データと合わせ分子系統解析及び分岐年代推定を行なった。

これまで沖縄トラフ周辺では、未記載種 2 種のみが存在すると考えられていたが、分子系統解析の結果、4つの系統の存在が示され、ハイカブリニナ属の種多様性が過小評価されていた可能性が示唆された。貝殻形態計測学的解析の結果からもこれら 4 つの系統は区別することができたが、歯舌形態は系統内での変異が高く、系統を区別することが困難であった。一方、相模湾初島沖に生息するハイカブリニナ属のサガミハカブリニナ *Provanna glabra* は分子系統解析の結果、東太平洋に生息する *Pronvanna laevis* と同じ系統に位置し、これまで別種とされていた 2 種は同種である可能性が示唆された。これら 2 種は歯舌形態により区別されていたが、本研究での歯舌形態観察では 2 種の間には明確な違いを見いだすことは出来なかった。分岐年代推定の結果、沖縄トラフ周辺に生息する系統及び本属内の種の多様化は中新世に生じたことと推定された。沖縄トラフの形成は 200 万年前であることから、現在沖縄トラフに生息する系統は、少なくとも沖縄トラフが形成されるより 400 万年前（つまり 600 万年前）に分化したと推察された。

本研究により、ハイカブリニナ属の種分化の過程の一端を明らかにした。今後、太平洋に生息するハイカブリニナ属の種を合わせた集団遺伝解析や詳細な形態観察を行なうことで、深海化学合成生物群集に生息するハイカブリニナ属の進化史の更なる理解に繋がることが期待される。