

ヒラノマクラの集団遺伝学的解析

○小林はるな（山梨大学），

河戸勝・藤原義弘（海洋研究開発機構），宮崎淳一（山梨大学）

光合成の行えない深海において、化学合成細菌の一次生産に依存する化学合成生物群集が発見されて以来、数多くの研究がなされてきた。特に、深海性二枚貝類はこの群集の優先的なグループであるため、化学合成生物群集の生態や進化、起源を理解するための生物学的モデルとして研究するのに適している。化学合成生物群集が形成される熱水域や湧水域は、時には近隣のサイトまで数千 km 離れて存在し、熱水噴出孔については数十年で消失すると考えられているため、どのようにして生物がこのような特殊で不安定な環境に特異的に適応し、個体群を維持しているのかという問題は大きな謎である。また、イガイ類は沿岸域に卓越しているため浅海域から深海の熱水域や湧水域へ進出したと考えられているが、そのためには新たな栄養摂取法、メタンや硫化水素への耐性、高水圧耐性、低水温耐性などを獲得する必要がある。深海域への進出過程を説明する仮説として、浅海域から深海域の海底に散在し、メタンや硫化水素を発生させる沈木や鯨骨遺骸を足がかりにすることによって、生物は徐々に深海域に適応できる能力を身につけたという”進化的飛び石仮説”が提唱されている。この仮説が正しければ、沈木や鯨骨遺骸には浅海と深海、熱水域と湧水域など様々な環境への適応の中間段階を示す生物が現在も存在する可能性があると考えられる。そのため、鯨骨遺骸における生物の分散を調べることは、極めて重要である。これまでに鹿児島湾野間岬沖に沈設した鯨骨遺骸から 2003 年度、2004 年度、2007 年度、2010 年度に採集されたヒラノマクラのミトコンドリア ND4 遺伝子の遺伝配列に基づいた集団遺伝学的解析を行ってきた。しかし、2007 年度と 2010 年度に関してはサンプル数が十分ではなく、統計学的に信頼性がある結果が得られなかった。そこで本研究では、1) 2007 年度、2010 年度のサンプル数を増やし、さらに 2005 年度に採集されたサンプルも加えて集団遺伝学的解析を行い、さらに詳細にヒラノマクラの遺伝学的変化について調べた。その結果、2007 年度までは遺伝子組成にほぼ変化がなく、2010 年度のみで遺伝子組成に変化が見られた。2) 2007-10 年度間の遺伝子組成変化の原因を探るため、2010 年度に南西諸島の鯨骨遺骸から採集されたヒラノマクラについても集団遺伝学的解析を行った。また、3) 伊豆小笠原諸島鳥島海山で発見された自然死した鯨の遺骸から採集されたゲイコツマユイガイにおいても、ミトコンドリア ND4 遺伝子の遺伝配列に基づいて集団遺伝学的解析を行った。