

深海生のキヌタレガイ類とハナシガイ類の分子系統学的解析

○深沢佑樹・別符沙織（山梨大学），藤原義弘・河戸勝（海洋開発研究機構），宮崎淳一（山梨大学）

深海には未だ多くの謎が存在し、“生物が如何にして深海にその生態的地位を築いたか”、これも謎の一つである。現生の深海生物の多くは、浅海から深海へ進出してきたものと考えられているが、深海の環境は生物にとって極めて過酷である。平均約 3800m の水深に起因する凄まじい水圧や平均 2~3℃ の低水温は生物が深海へ進出する際の大きな障壁となる。また、太陽光の届かない深海は、光合成による一次生産が起こり得ず貧栄養であるため、生物は新たな栄養摂取の方法を獲得しなければならない。その一つが化学合成細菌との共生である。化学合成生物群集は、深海の熱水域や湧水域で発生するメタンや硫化水素を利用して化学合成細菌が生産するエネルギーに依存して生命を維持している。しかし、メタンや硫化水素は、生体にとって有毒であるため、生物は化学合成細菌との共生にあたり、これらの化学物質への耐性を得る必要もある。生物が深海へ進出するためには、このような諸問題を解決しなければならない。

生物の深海への適応過程については、これまでに、進化的ステップングストーン仮説 (Distel *et al.*, 2000) が提唱されている。これは、生物が浅海から深海まで海底に散在している鯨骨遺骸や沈木を足がかりとして、徐々に深海の熱水域や湧水域に適応する能力を身に付けたとする仮説である。鯨骨遺骸や沈木は数十年間硫化水素を発生させ続けると言われており、ここで生物は化学合成細菌との共生や硫化水素耐性を獲得したと考えられる。

これまでに、ミトコンドリアの NADH デヒドロゲナーゼサブユニット 4 (ND4) 遺伝子及びチトクローム *c* オキシダーゼサブユニット I (COI) 遺伝子の塩基配列に基づく分子系統解析によって、イガイ類の深海への適応過程について、進化的ステップングストーン仮説を支持する結果を得た。また、鯨骨遺骸などに付着するイガイ類のヒラノマクラに非常に高い分散能力があることが示され、その能力もまた鯨骨遺骸や沈木で獲得した可能性が示唆された。しかしながら、全ての生物がイガイ類と同様の過程を経て深海に適応したとは限らない。そのため、本研究ではキヌタレガイ類とハナシガイ類に着目し、COI 遺伝子と核の 18S リボソーム RNA (18SrRNA) 遺伝子の塩基配列を基に分子系統解析を行い、これらの二枚貝類の深海への適応過程を解明することを目的とした。

日本周辺海域とラウ海盆で得られたサンプルの塩基配列を決定し、引用したデータベースの塩基配列と合わせて系統解析を行った結果、キヌタレガイ類は、*Acharax* 属のクレードと *Solemya* 属のクレードに分かれ、さらに *Acharax* 属は 3 つのサブクレードに分かれた。*Acharax* 属のサブクレード 3 と *Solemya* 属のクレードで、それぞれ進化的ステップングストーン仮説を支持する結果が得られた。このことから、キヌタレガイ類が、各々のクレードで独立して浅海から深海へ進出した可能性が示唆された。ハナシガイ類では、進化的ステップングストーン仮説が支持されなかった。現在鯨骨遺骸から採取されたハナシガイ類が 1 個体しかいないため、更なる鯨骨遺骸の調査が望まれる。今後、*Acharax* 属のサブクレード 1, 2 を構成するキヌタレガイ類が、どのように深海へ進出したか、また、大きな水深差をもつ初島沖（水深 855m から 1173m から採取）と日本海溝（水深 5345m から採取）から採取されながら、遺伝的には非常に近縁なハナシガイ類について考察する。

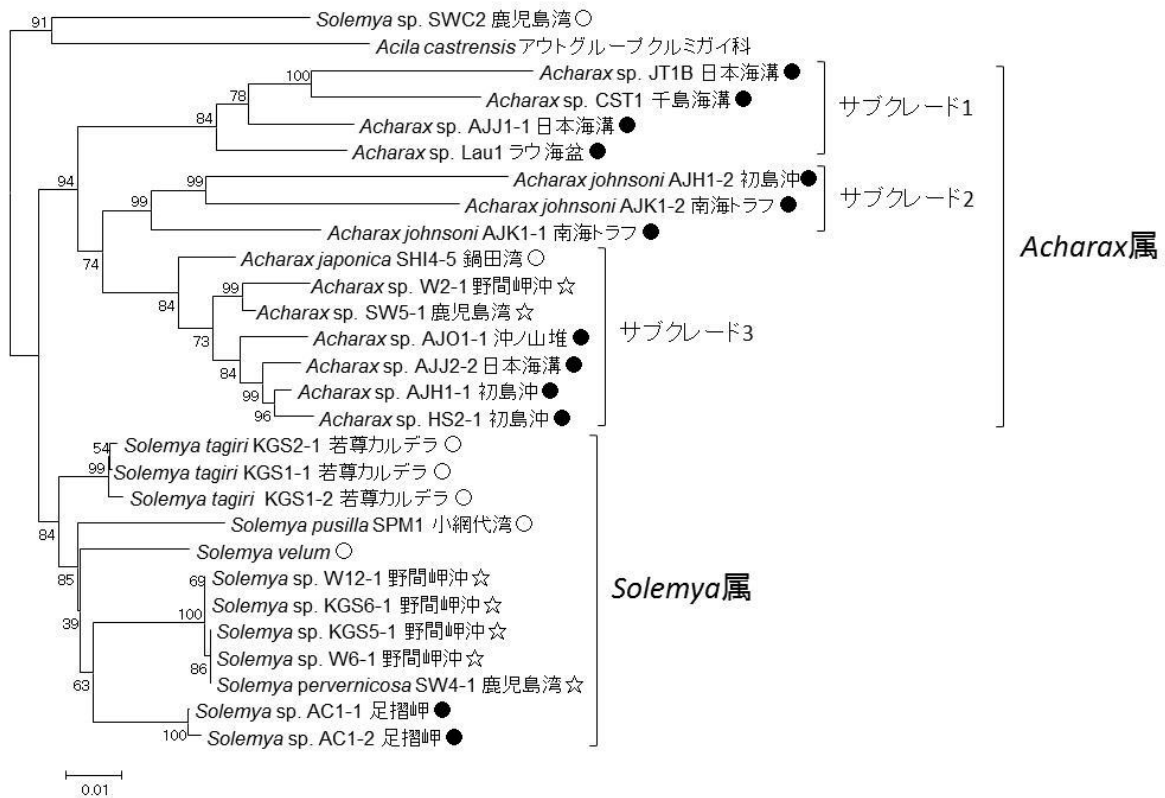


Fig. 1 キヌタレガイ類の18SrRNA+COI 遺伝子 (1711bp) を用いて作製した樹形図 (NJ 法)

○ : 浅海 ☆ : 鯨骨遺骸 ● : 深海

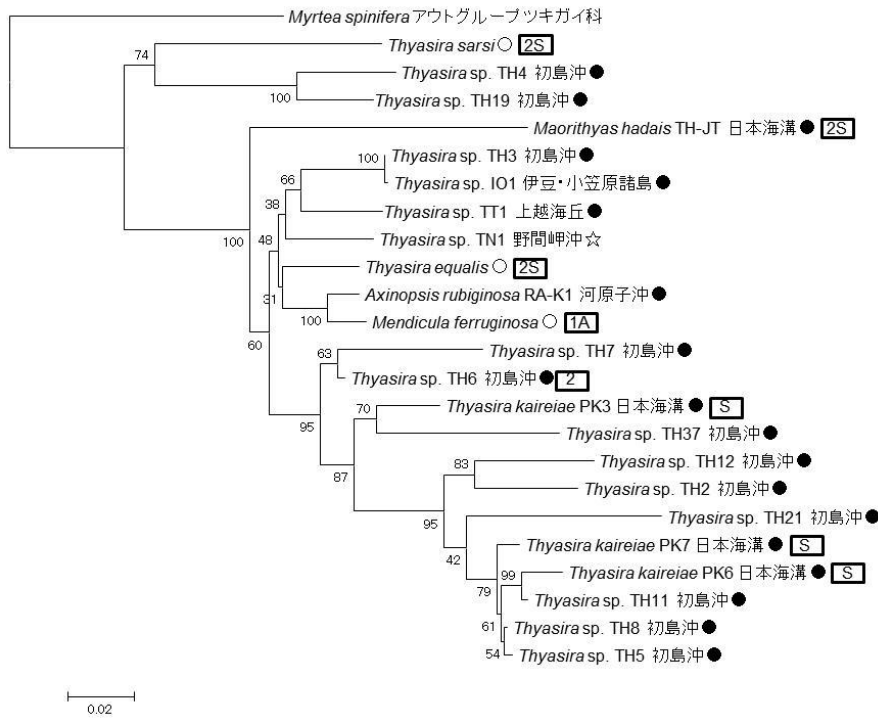


Fig. 2 ハナシガイ類の18SrRNA+COI 遺伝子 (1070bp) を用いて作製した樹形図 (NJ 法)

○ : 浅海 ☆ : 鯨骨遺骸 ● : 深海

1 : 鰓葉が1枚 2 : 鰓葉が2枚 S : 共生細菌有 A : 共生細菌無