

京都大学	博士 (理学)	氏名	北野 裕子
論文題目	Molecular phylogeny of the genus <i>Goniopora</i> and taxonomic revision of the family Poritidae (Cnidaria: Scleractinia)		
<p>(論文内容の要旨)</p> <p>有藻性イシサンゴ類における分子生物学的手法による系統解析の結果と伝統的な形態分類との不一致は、骨格の微細形態など系統に即した新たな分類形質の発見を促し、その分類体系の大幅な改変をもたらしている。有藻性イシサンゴ類は一般に18科からなるが、その中でハマサンゴ科はサンゴ礁域と非サンゴ礁域の両方の生態系で最も大きな役割を果たす分類群の一つであるにもかかわらず、系統分類学的な研究が他の主要な科に比べて大きく立ち後れており、これまでのところ、ハマサンゴ属で種間系統解析が行われたのみで、他の属についてはその同定の困難さから系統解析や分類の再検討が全く行われていない。現在ハマサンゴ科はハマサンゴ属およびハナガササンゴ属の種数の多い2属と、<i>Stylaraea</i>, <i>Poritipora</i>, <i>Machadoporites</i>という単一種のみが含まれる3属で構成される。本研究ではまず始めにハナガササンゴ属の種レベルでの分子系統解析を行い、つづいてハマサンゴ科の属レベルでの分子系統解析を行った。</p> <p>ハナガササンゴ属の分子系統解析をするにあたって、これまでに報告された種の記載情報を整理したところ、多くの種間で形態変異の範囲に重なりが見られ、伝統的な分類に基づく形態形質を用いた同定が非常に困難であることが明らかとなった。日本国内21地点と、台湾、マレーシア、タイ、イエメン、ジブチ、マヨットと、ハナガササンゴ属の分布域を広く網羅した標本採集を行い、合計373サンプルを31形態種に分類した。これらについてミトコンドリアDNAと核DNAの2種のマーカーを用いて分子系統解析を行ったところ、コハナガササンゴとコモチハナガササンゴのみが単一種でのクレードを作ったが、多くの形態種は単系統にならず、複数種が1つのクレードにまとめられ、遺伝的に区別できないグループを形成した。</p> <p>単系統になった2種のうちコモチハナガササンゴはハナガササンゴ属でも自由生活をする種で、独特な無性生殖様式が報告されている。これまでに日本国内ではこの生殖様式が観察されておらずこの種の実態が不明なままであったが、本研究では本種特有の無性生殖を確認し、形態類似種との遺伝的および形態的な差異を明らかにすることができた。</p> <p>多くの形態種が遺伝的に区別できなかったという結果は、遺伝的な差異が蓄積されるよりも速く形態変異が起きていることを示唆している。一方で多くの種が多系統となったが、遺伝様式の異なる2つのマーカーで同じ樹形が得られたことから、この多系統性は祖先的多様性や交雑によるものではなく、隠蔽種の存在を示していると考えられる。</p> <p>さらにハマサンゴ科の全ての属を含めた分子系統解析を行ったところ、<i>Poritipora</i>と<i>Machadoporites</i>はハナガササンゴ属に内包され、形態的にもハナガササンゴ属の定義から外れないことからハナガササンゴ属の新参異名とした。一方でハナガササンゴ属のコハナガササンゴは他のハナガササンゴ属の種とは大きく離れて<i>Stylaraea</i>と姉妹群をつくとともに、ハマサンゴ属とも近縁となった。コハナガササンゴはハマサンゴ属とハナガササンゴ属の中間形態を持ち、軸柱が棘状という独特の特徴を持つため、この種に対し新属を提唱した。以上の結果、本研究によりハマサンゴ科を、ハマサンゴ属、ハナガササンゴ属、<i>Stylaraea</i>、新属の4属に再編し、形態および系統に即した分類体系を構築することができた。</p>			

(続紙 2)

(論文審査の結果の要旨)

有藻性イシサンゴ類は、サンゴ礁に代表される大規模な群落を形成し、それに付随するサンゴ礁生態系の基盤となることで生物多様性の創出に重要な役割を果たす動物群である。また観光資源という側面から、産業的にも重要視されている。さらに、地球温暖化や海洋酸性化といった地球規模の環境問題に関して、モデル生物としても広く研究されている。申請者の北野裕子氏が研究対象としたハマサンゴ科は、有藻性イシサンゴ類18科中種数が3番目に多く、日本では温帯域まで広く分布し、生態学的にも重要視されている科である。それにも関わらず、他の科に比べて系統分類学的研究が大きく立ち後れ、分類体系が混乱し、その形態多型の多さから正確な種同定すらままならない状況にあった。

本論文では、ハマサンゴ科の中で最も分類学的問題点が指摘されているハナガササンゴ属について、まず種分類に用いられている形態学的特徴の既知の文献記載情報を整理し、研究で用いる形態種の範囲を定めた。その上で主要な形態種を網羅した国内外の広い範囲から入手したサンプルを用い、形態形質の見直しと核DNA・ミトコンドリアDNAの両方を用いた分子系統解析を行った。その結果、多くの形態種が遺伝子交流が無い異なる分子系統クレードにまたがり多系統となること、すなわち隠蔽種が存在することを明らかにし、一部については新たな形態的区別点を見出した。続いてハマサンゴ科の全既知属を含む大規模な分子系統解析を同じく核DNA・ミトコンドリアDNAの両方を用いて行うと共に、形態形質の再検討も併せて行った。これらの解析の結果、従来ハマサンゴ科に分類されていたアワサンゴ属がミドリイシ科という別の科に属することが明確に示され、その上でハマサンゴ科の残りの属について新属の提唱を含む属の再編と再定義を行い、また各属に入る種の範囲の明確化に成功した。

本研究で得られた成果は、ハマサンゴ科の正確な種同定が分子系統解析と形態観察の併用により可能であることを示し、更にこの科の分類体系をその系統進化を反映させたものに再編成したことである。さらに本研究は、サンゴ類の系統分類学の進展に大きく貢献しただけでなく、広くサンゴ生態系の保全や資源保護の分野に関しても、重要な基礎生物学的知見を提供した。

よって、本論文は博士(理学)の学位論文として価値あるものと認める。また、平成26年1月9日に、論文内容とそれに関連した事項について試問を行った結果、合格と認めた。

なお、本論文は、京都大学学位規程第14条第2項に該当するものと判断し、公表に際しては、当該論文の全文に代えてその内容を要約したものとすることを認める。

要旨公表可能日： 年 月 日以降