

( 続紙 1 )

|   |   |    |                            |
|---|---|----|----------------------------|
| 京都大学  | 博士 ( 理学 )   | 氏名 | PARAN, Faith Jessica Moron |
| 論文題目  | Speciation in the <i>Patelloida saccharina</i> species complex across the Japanese Archipelago<br>(日本列島に分布するウノアシガイ種群の種分化) |    |                            |
| <p>(論文内容の要旨)</p> <p>DNAバーコーディングで一般的に使用されるDNAマーカーに基づく分子系統解析では、近縁種間の種分化プロセスの解決には不十分であることがしばしば証明されてきた。しかし次世代シーケンス技術の出現により、近縁種間の種分化についてより詳細に解析することが可能となった。そこで本研究では、海産巻貝類であるウノアシガイ種群を研究の対象とし、従来のミトコンドリアDNAおよび核DNAの部分配列に基づく分子系統解析に加え、一塩基多型(SNP)に基づくゲノムワイドな解析を行うことで、近縁種間における種分化について議論した。</p> <p>申請者はまず初めに日本全国37地点からウノアシ種群の網羅的なサンプリングを行い、165個体から全DNAを抽出した。その後、ミトコンドリアDNAのCOI遺伝子、16S rRNAおよび核DNAのHistone 3遺伝子部分配列に基づく分子系統解析を行った。その結果これまで亜種とされていた日本の温帯域に生息するウノアシと沖縄以南に生息するリュウキュウウノアシは遺伝的に異なる独立した種であることが分かった。またこれまでに沖縄には分布していないと考えられていたウノアシが沖縄本島に生息している事を発見した。さらには和歌山県串本町にウノアシとリュウキュウウノアシとは異なる種が分布している事が分かった。その後、SNPデータに基づく解析では、ウノアシとリュウキュウウノアシが混在する奄美諸島および沖縄本島において、両種が交雑していることを明らかにした。分岐年代推定の結果、両種の種分化は約45,000年前と推定され非常に若い種であることから、一度生殖隔離が成立したものの、両種が混在する地域では交雑が可能であることが分かった。また環境ニッチモデリング(ENM)を使用して、ウノアシとリュウキュウウノアシが好む生息環境を推定した。その結果特にウノアシの分布は塩分濃度および餌資源量に最も影響されている事が分かった。</p> <p>次に日本列島の温帯域に生息するウノアシについて、分布域全体での遺伝的分化と個体群の接続性パターンについて、ミトコンドリアDNAのCOIおよびSNPデータに基づき解析を行った。その結果、日本の温帯域と沖縄の個体群間の南北の遺伝的分化、および太平洋岸と日本海岸の個体群間の東西の遺伝的分化を明らかにした。また九州と瀬戸内海の集団は遺伝的に安定しており、最終氷期における個体群の縮小の際、九州と瀬戸内海がレフュージアとなったと考えられる。太平洋岸の集団はボトルネックを受けており、日本海岸の集団は近年、分布域を急速に拡大した事も分かった。</p> <p>最後に和歌山県串本から得られた<i>Patelloida</i> sp.について、16S rRNAおよびSNPデータに基づく分子系統解析および詳細な形態、解剖学的な解析を行った。その結果、本種はウノアシともリュウキュウウノアシとも遺伝的にも形態学的にも異なり、未記載種であることが判明し、新種記載を行った。</p> |   |    |                            |

(続紙 2 )

(論文審査の結果の要旨)

近縁種間の種分化プロセスは、進化生物学の分野で長い間挑戦的な課題であった。多くの海洋生物においては、各種の分布域の境界が明瞭でない場合も多く、種分化後の二次的接触による交雑など、ほとんど明らかとなっていなかった。申請者は、インド西太平洋域に広く分布し、各地域に異なる種が生息していると考えられるウノアシガイ種群を研究の対象とし、近縁種間の種分化プロセスについて議論した。

まず初めに日本の温帯域に生息するウノアシと沖縄以南に生息するリュウキュウウノアシを日本全国の37地点からウノアシ種群の網羅的なサンプリングを行なった。このサンプリングでは各個体レベルで詳細な生息環境の記録を行い、非常に緻密なサンプリングを行った。その後、165個体を解析の対象とし、ミトコンドリアDNAのCOI遺伝子、16S rRNAおよび核DNAのHistone 3遺伝子の部分配列に基づく分子系統解析を行った結果、これまで亜種とされていた日本の温帯域に生息するウノアシと沖縄以南に生息するリュウキュウウノアシは遺伝的に独立した種であることを明らかにした。さらにこれら2種は沖縄から奄美諸島にかけて同所的に生息していることが分かり、この地域での両種の交雑の可能性を示した。その後の一塩基多型(SNP)に基づく解析では、これらの種が交雑している事を明らかにした。海産貝類における自然界での交雑はほとんど知られておらず、交雑によるかけ戻しや、交雑体が第三の種となる可能性を含んでおり、海産貝類の近縁種間における種分化において新たな知見をもたらした。また申請者が使用した環境ニッチモデリング(ENM)によるウノアシとリュウキュウウノアシが好む生息環境の推定手法は非常に独創的であり、特にウノアシの分布は塩分濃度および餌資源量に最も影響されている事を明らかにした。その結果、環境ニッチモデリングが海洋生物の種分化や生息地域の特定に有用である可能性を示した。

また一塩基多型に基づく日本周辺のウノアシの生物地理では、これまでに多くの海洋生物で示されてきた太平洋側と日本海側での遺伝的分化のみならず、九州西岸、瀬戸内海、九州南部から沖縄にかけての集団の遺伝的分化について言及し、各地域集団レベルでの遺伝的特性を明らかとした。この地域集団レベルでの分化や遺伝的接続性は、日本周辺における海洋生物の生物地理の議論において大きな貢献といえる。

このように従来型の分子系統解析に加え、一塩基多型に基づく解析や、環境ニッチモデリングを使用したウノアシガイ種群の種分化の解明は、カサガイ類の種分化のみならず、海洋生物全般の種分化の規範的なシナリオを提示したと言える。

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、令和5年6月1日、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。

要旨公表可能日： 年 月 日以降