

## (論文内容の要旨)

日本産カイヤドリヒドラ類（刺胞動物門，ヒドロ虫綱，軟クラゲ目）は，カイヤドリヒドラクラゲ *Eugymnanthea japonica* Kubota と地理的多型を持つコノハクラゲ *Eutima japonica* Uchida が知られている。2 種のポリプは，前種が主に沖縄島から神奈川県までの太平洋側で，後種は主に宮崎県から北海道までの太平洋側に分布する。北海道南西部を除く日本海側沿岸ではこれら 2 種のポリプの出現はみられなかったが，2002 年に山口県と島根県沿岸で初めて 2 種とも確認された。本研究は，カイヤドリヒドラ類の日本海への分布拡大が，どのような環境変遷もしくは人為的輸送に伴って起きているのかを調べるため，2002 年から 2008 年にかけて，2 種のポリプの分布調査・共生率の月別変化・水温耐性実験・mtDNA 遺伝子解析および飼育によるコノハクラゲの成体の形態観察を行った。

2002 年から 2008 年までの間，北海道から沖縄島までの 118 地点において，ポリプの宿主であるムラサキイガイを中心とした二枚貝を計約 15000 個体調査した。その結果，2 種のポリプの地理的分布はそれ以前の 20 年間の分布と比較して，最近 6 年間では 2 種とも本州日本海沿岸に分布拡大していることをつきとめた。次に，1 年間，日本海に面した京都府から山口県までの本州南西部の 6 地点で 1 ヶ月ごとに各地点 100 個体のムラサキイガイを検査し，2 種のポリプの共生率および有性生殖の頻度の月別変化の相違を解析した。この変化と水温変化との関係を精密に解析し，各種が年間生存できる地点，季節的に出現するものの越冬できない地点，年間全くみられない地点の 3 様式を確認した。年間，生存可能な地点では，近年の冬季の海水温上昇につれ越冬率の増加が確認でき，暖海性種であるカイヤドリヒドラクラゲは，すべてが偽集団ではなく，南方個体群が分布を拡大させて定着したものと示唆できた。一方，コノハクラゲについては，実験室飼育により各個体群の成体の形態を明らかにし，島根県新規個体群が北日本個体群の型だと確かめた。また，コノハクラゲの日本海移入個体群の供給源の解明のため，日本全国から採集した 29 個体群 404 個虫を用い，mtDNA 遺伝子 COI 領域 575 b p の塩基配列解析とそのハプロタイプネットワーク解析により，日本海新規移入個体群は北海道個体群に由来するものと究明できた。1 世代当りの移住個体数と地理的距離の関係を解析すると，コノハクラゲが短期間で海流の方向とは逆に長距離移動できた理由として人為的輸送が関与している可能性が示唆された。コノハクラゲのポリプの水温耐性実験結果と過去の知見とを併せると，南日本個体群中で最北端に生息する対馬個体群は低水温耐性を獲得しておらず，本州日本海沿岸域へ分布拡大ができないのに対し，新規移入個体群中，最南方に生息する島根県個体群は最北限の北海道忍路個体群と同様に低水温耐性を獲得しており，冬季低水温でも死亡せず分布拡大できたことが推定できた。結論としては，カイヤドリヒドラクラゲは環境変遷に伴う自然分散による分布拡大で，コノハクラゲの分布拡大は人為的要因によるものだと対照的な確証がなされた。

|     |       |
|-----|-------|
| 氏 名 | 小林 亜玲 |
|-----|-------|

(論文審査の結果の要旨)

カイヤドリヒドラ類（刺胞動物門，ヒドロ虫綱，軟クラゲ目）は，世界の熱帯域から温帯域に生息する二枚貝類の外套腔内で共生生活を送るといった，生態と形態が特化したヒドロ虫類で，わが国にはカイヤドリヒドラクラゲ *Eugymnanthea japonica* と地理的多型を示すコノハクラゲ *Eutima japonica* の2属2種が知られている．申請者は本学位論文において，昨今の地球温暖化や船舶などの激しい往来などにより，世界の北限海域に生きるこの類が，本州日本海沿岸に分布拡大し始めた状況を主として生態学的および生物地理学的見地から解明した．北海道から沖縄島までの118地点から6年間で，ムラサキイガイ *Mytilus galloprovincialis* を中心とした約15000個体の二枚貝を調査し，2種とも本州の日本海沿岸に出現域を拡大していることをつきとめた．また，環境変遷，特にこの類の主たる死亡要因となる日々の水温変化との関係を精密な解析により，3様式の越冬を定量化した．そして，暖海性種であるカイヤドリヒドラクラゲは，全てが偽集団で冬季に死亡しているのではなく，南方個体群から分布を広げて定着した個体群も存在することが推定できた．一方，コノハクラゲについては，実験室での飼育による成体の形態の解明，ポリプの水温耐性実験，mtDNA 遺伝子 *COI* 領域 575 b p の塩基配列解析から構築したハプロタイプネットワーク樹の階層クレード解析などにより，全ての日本海沿岸新規移入個体群は，北海道個体群に由来するものと特定できた．また，遺伝子分化係数を算出し，1世代あたりの移住個体数と地理的距離の間の精密な解析から，コノハクラゲが短期間で海流の方向とは逆に長距離移動し，これには船体に付着したムラサキイガイの人為的輸送が強く関わっている可能性を示唆できた．

以上のように，日本産カイヤドリヒドラ類について，生物地理学・生態学・形態学・生理学・集団遺伝学的手法を併せた総合的な調査・解析により，ヒドロ虫類では他に類例のない精緻で包括的な生物学的研究の進展に加え，昨今，世界的な問題となっている侵入生物の自然環境の攪乱などにかかわった先進的な論文としてよくまとまっている．さらには，環境変動をモニターする指標動物としてのこの類の有効性も指摘できた．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して認める．また，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．