

論文内容要旨（和文）

平成 17 年度入学 大学院博士後期課程 地球共生圏科学専攻 環境保全科学講座

氏 名 千葉 悟



論文題目 タイ科魚類の進化に関する分子系統地理学的研究

大陸や島嶼の沿岸海域は、生息する生物に様々な生息環境を提供し、生物はそのような環境に適応して進化してきたと考えられる。沿岸域に生息する魚類もまた、様々な環境に適応し多様化している。タイ科 (Sparidae) はそのような沿岸性魚類を代表する分類群の一つであり、熱帯から温帯の沿岸域に33属約115種が生息する。タイ科魚類は、その分布域の広さや種多様性の高さから、沿岸性魚類の種分化や系統地理などの進化過程や種分化機構を解明するためのモデル生物として適している。また、タイ科の多くの種は水産上の重要種であり、レジャーフィッシングの対象としても人気が高い。タイ科の系統類縁関係およびそれに基づいた自然分類については、これまで形態学的、分子系統学的に研究されてきたが、まだ研究者間での異論が多く、統一見解は得られておらず、多くの問題が残されている。その主な原因は、これまでの研究では、誤った形質評価や、解析の対象となる分類群が特定の地域に分布する種のみに限られていたことにあると考えられる。

本研究では、mtDNAの様々な分析により、タイ科魚類の系統類縁関係を明らかにし、その進化過程や進化的特徴について総合的に考察することを目的とした。具体的には、タイ科全種のうち約60%の種をカバーしたタクソンサンプリングによる包括的分子系統解析をおこない、タイ科魚類の系統類縁関係を明らかにした。その結果、タイ科は外群の一つであるCentracanthidae科とともに単系統群を形成し、3つの大きなクレードと、さらにいくつかのサブクレードに区分けされた。これまでタイ科の亜科や属は主に歯の形態に基づき分類されてきたが、この従来の分類上の亜科や属は単系統にならないことを示した。それらの形態的形質を獲得または消失した過程を分子系統樹上でトレースしたところ、歯の形態をはじめとする多くの形質が、異なる系統の中で独立して進化している、すなわち収斂進化が起きていることが明らかになった。このことは、形態的形質に基づく系統推定において誤った系統仮説を導く原因となる。一方、このようにタイ科魚類が形態的形質を進化過程で柔軟に変化させることができたことは、その生息環境に適応して多様に種分化した一因であったと考えられる。系統樹上で大別されたクレードBの種は、南北アメリカ大陸沿岸固有であったが、他のクレードAおよびCの種は東部大西洋から西部太平洋に広く分布している。また、クレードA、Cのサブクレードの種はそれぞれ地理的にまとまった分布を示した。さらに各クレードの種群が分岐した年代を推定したところ、クレードBが分岐したのは白亜紀後期から暁新世と推定され、Akazaki (1970) の考えた「暁新世以降は大陸移動により大西洋が大きく開き、大西洋を渡るタイ科の分散は不可能であった。」とする仮説とおおよそ一致した。

系統解析の過程で、日本の本土と琉球列島の沿岸部には*Acanthopargus*属と*Dentex*属にそれぞれ異所的に分布する姉妹種（異所的姉妹群）が存在することが明らかになった。さらに、ヘダイ*Rhabdosargus sarba*はタイ科の中で唯一両海域に分布する種であることから、これらヘダイを加えた3属の種の両地域間での集団遺伝学的解析に基づく比較系統地理学的考察によって、日本のタイ科魚類の異所的姉妹種群における種分化要因の考察をおこなった。その結果、日本本土沿岸の標本集団間、または琉球列島沿岸の標本集団間では遺伝的分化が認められないものの、日本本土と琉球列島の集団間に明瞭な遺伝的分化が認められた。

(10pt 2,000字程度 2頁以内)

地理的に大きく離れた日本海と太平洋の標本集団間ではほとんど遺伝的分化が認められないのに対して、地理的にあまり離れていない本土九州と琉球列島の集団間で遺伝的分化が認められたことは、九州と琉球列島の間には遺伝子流動を妨げる障壁がすくなく存在することを示唆する。日本本土と琉球列島集団の分岐年代を推定したところ、*Acanthopagrus*属の種間とヘダイの集団間では更新世後期から完新世、*Dentex*属の種間では更新世イオニアン期となった。一般に、更新世には寒暖の気候変動が繰り返し起きたことが知られており、この気候変動が生物群集に大きな影響を与えたことが知られている。特に約21,000年前の最終氷期の最寒期（LGM）には、大規模な海退の影響により、黒潮は琉球列島の南側を東進していたと推定される。この時期、琉球列島と日本本土の間には浅海域が連続していたため、沿岸性魚類では遺伝子流動が頻発していたと考えられる。しかしLGMが終わって、黒潮が琉球列島を周辺海域から隔離するような現在のコースになってからは、黒潮の強い流れが障壁となり、沿岸性魚類の遺伝子流動が妨げられた可能性が高い。*Acanthopagrus*属の種とヘダイの日本本土と琉球列島集団の推定分岐年代は、LGMとおおよそ一致することから、黒潮がこれらの種または地方集団を分化させた要因であることが示唆された。一方、*Dentex*属の種はこれよりかなり古い年代に種分化したことが推定されていることから、黒潮だけがこの海域間の地理的姉妹群を分化させた要因ではないことも示唆された。

本研究における様々な解析によって、沿岸性魚類を代表するタイ科魚類の進化に関して多くの新しい知見が得られた。タイ科魚類は、様々な環境に柔軟に適応することによって現在の多様性を獲得してきたことが推察された。また、本研究によって海流が海洋生物における遺伝子流動の地理的障壁となる場合があることを例示することができた。これらの知見は、今後多様な沿岸性魚類の進化的研究に大きく寄与すると期待される。

論文内容要旨 (英文)

平成17年度入学 大学院博士後期課程 地球共生圏科学専攻 環境保全科学講座

氏名 千葉 悟



論文題目 Molecular phylogeographic studies on the evolution of sparid fishes.

A coastal fish family, the Sparidae (Perciformes), which consists of approximately 115 species belonging to 33 genera, is the most diverse of the sparoid families (Nelson, 2006). The species in the Sparidae inhabit tropical and temperate coastal waters and occasionally occur in estuaries as nurseries (Carpenter, 2001). Although several phylogenetic analyses were conducted based on specific molecular markers, their classification remains unresolved. Here, we present the most comprehensive molecular phylogeny of the family Sparidae to date, based on the cytochrome b (cyt-b) gene sequences of mitochondrial DNA. We determined 18 sequences of sparids and conducted phylogenetic analyses among 72 individuals representing 66 sparids with 23 outgroup species. Phylogenetic trees were constructed according to the partitioned Maximum Likelihood (ML) and Bayesian methods. The phylogenetic analyses supported monophyly of the family Sparidae with a different taxon, centracanthid Spicara. The subfamilies in the Sparidae in both trees are non-monophyletic and do not agree with the current classification of the subfamilies. The genera *Acanthopagrus*, *Cheimarius*, *Dentex*, *Diplodus*, *Pagellus*, *Pagrus*, and *Spicara* are also non-monophyletic and their classifications should be revised based on the phylogenetic relationships and reinvestigation of morphological characters. The sparid species are divided into three major clades, A, B and C, respectively in the ML tree. The species in clade B are known to be present in the eastern Pacific to western Atlantic, whereas those in clades A and C are distributed in various oceanic regions. Some sub-clades in clades A and C consist of species that are distributed in defined local regions. We further investigated the evolutionary patterns of 87 morphological characters by ancestral character-state reconstruction according to the parsimony criteria. The results suggested high evolutionary plasticity of the characters in the sparids, indicating that such plasticity causes species-diversity and taxonomic confusion at various taxonomic levels. The results also suggested that convergent evolution may occur more frequently in such coastal fishes.

(12pt シングルスペース 300語程度)

専攻名	地球共生圏科学専攻	氏名	千葉 悟
学位論文の審査結果の要旨			
<p>本論文では、沿岸性魚類の代表的分類群であるタイ科魚類を研究対象として、各種のDNAマーカーを用いた系統解析や集団遺伝学的解析を行って、この分類群の系統進化や種分化における特徴を明らかにし、またタイ科魚類を沿岸性魚類の一つのモデルとして行った一連の研究を通して、このような分子系統地理学的研究手法の有効性について論じた。本論文の第1章では、世界のタイ科魚類の約60%に当たる種の遺伝子データを自ら採集したサンプル、または海外の博物館より借り出したサンプルから検出し、世界のDNAデータベースに登録されている近縁種の遺伝子データと比較しながら、網羅的、包括的な分子系統解析を行った。その結果、これまでの分類体系とは合致しない多くの多系統群が存在することを明らかにした。それらの系統群の分岐と、分類学的に重要とされている複数の形態的形質が分化した時期を照合した結果、それらの形質はタイ科魚類の系統進化の過程で何度も出現、または消失したことが示唆され、このような形質の収斂進化がタイ科の系統進化の目立った特徴であると同時に、これまで分類体系を混乱させてきた主な原因であることを明らかにした。また、確実な化石記録の年代制約に基づくこれまでで最も確かな方法によって、各系統の分岐年代を推定した結果、地球上の大陸の形成・移動や大洋の形成の年代とタイ科各系統群の分岐がよく合致することを示し、タイ科魚類が地理的分布を広げながら、一方では各海域に隔離されて系統進化してきたことが推察された。</p> <p>第2章では、第1章の分子系統解析によって明らかとなってきた日本本土、琉球列島、および小笠原諸島に分布するタイ科クロダイ属、ヘダイ属、キダイ属の3姉妹群の種分化機構に着目して、さらに多くのサンプルを自ら採集して詳細な集団遺伝学的解析を行った。その結果、3姉妹群とも日本本土と琉球集団間では明確な遺伝的分化があり、推定された集団間の分岐年代から、少なくともクロダイ属、ヘダイ属の琉球集団は最終氷期の海退によって黒潮の流路が変わった時から琉球近海に隔離され続け、日本本土の集団とは異なる独自の種分化を起こしていることが推察された。一方、キダイ属の姉妹群では、日本本土、琉球列島、小笠原諸島の3集団間で高度な遺伝的分化が認められ、推定された集団間の分岐年代から、それらの種分化は最終氷期よりも前の大規模な気候変動と海域の分断などによって生じたことが示唆された。以上のタイ科3姉妹群はいずれも沿岸浅海域に生息し、特に仔稚魚期には低塩分の河口や内湾に依存して成長することから、高塩分の黒潮はむしろ仔稚魚の大量斃死を生じるため、黒潮が隔離要因として作用して種分化を誘発したとする「黒潮障壁仮説」を提唱した。</p> <p>以上の一連の研究により、このような分子系統地理学的手法は進化の研究に非常に有効であり、今後他の沿岸性魚類にも適用すべきであることを示した。</p> <p>本論文第1章の内容は遺伝学の専門誌 Genes & Genetic Systemsに受理され、まもなく印刷予定である。また、第2章の内容も、国際専門誌に十分論文投稿できる内容であり、現在投稿準備中である。</p> <p>以上より、本論文の内容は十分に博士論文に値すると判断し、合格とした。</p>			
最終試験の結果の要旨			
<p>公聴会に際して、分子進化学、集団遺伝学、系統分類学、系統地理学、魚類学に関する内容の口頭試問を行った。その結果、各分野において十分に深い知識を持ち、各内容について論理的に説明することができた。また、研究内容に直接関わる質問に対しても、自分が持っている知識を瞬時に組み合わせて的確に回答する能力を十分持っていることが判定された。</p> <p>以上より、最終試験の結果を合格と判定した。</p>			