

論文審査の結果の要旨

申請者氏名 Rowshan Ara Begum

フジツボ類は代表的な付着生物で、海洋に設置された種々の構築物に付着し多くの被害を及ぼしている。近年、付着生物への対策が種々講じられてきたが、その効果は必ずしも十分でない。その理由の一つとして、これら付着生物について生態研究の基礎となる種の同定や類縁関係が明確でないことが挙げられる。本研究はこのような背景の下、日本沿岸に生息する代表的な蔓脚類からフジツボ亜目のクロフジツボ、オオアカフジツボおよびイワフジツボ、エボシガイ亜目のカメノテを対象として選び、類縁関係を明らかにした。

まず、2地域から採取したクロフジツボ、イワフジツボおよびカメノテでは、12S および 16S rRNA 遺伝子の配列とも変異はみられなかった。両遺伝子の部分配列を単独あるいは両方合わせ、近隣接合 (NJ)法および最大節約 (MP)法で分子系統樹を作成した結果、いずれの系統樹でもフジツボ亜目は単系統を示し、カメノテと分岐した。一方、12S rRNA 遺伝子ではオオアカフジツボとイワフジツボは単系統となり、クロフジツボとは別系統となった。16S rRNA 遺伝子あるいは 12S と 16S rRNA 両遺伝子を用いたときは、NJ 法、MP 法のいずれの場合もクロフジツボとオオアカフジツボは単系統となり、イワフジツボから分岐した。

次に、クロフジツボのミトコンドリアゲノムの全塩基配列 15194 bp を決定した。同配列は 2 rRNA 遺伝子、22 tRNA 遺伝子、13 タンパク質コード遺伝子および 3 非コード領域から構成された。3 非コード領域中、最長のものは 3 つの stem loop をもち、制御領域と推定された。22 tRNA 遺伝子中、Ser および Leu はそれぞれ 2 種類の tRNA 遺伝子を持ち、Ser では AGN および UCN、Leu では UUR および CUN をアンチコドンとした。アンチコドンと各 tRNA 遺伝子は既報の他動物種ミトコンドリアのものとはよく一致した。なお、AGN をアンチコドンとするセリン tRNA を除き、いずれの tRNA も特徴的なクローバー葉型の 2 次構造をとるのに十分な長さを有していた。一方、tRNA 遺伝子のゲノム中の配列については、22 遺伝子中、9 遺伝子の位置関係が既報の節足動物ミトコンドリアのものとは異なっていた。さらに、Cys tRNA および Tyr tRNA 遺伝子は H 鎖に、Lys tRNA 遺伝子は L 鎖にコードされており、クロフジツボに特有の構造がみられた。

さらに、オオアカフジツボのミトコンドリアゲノムの全塩基配列 15,107 bp を決定した。同配列は 2 rRNA 遺伝子、22 tRNA 遺伝子および 13 タンパク質コード遺伝子を含んでいたが、2 非コード領域しか存在しなかった。長い方の領域は推定 2 次構造で 2 つの stem loop が示され、ゲノム中の位置からも制御領域と考えられた。オオアカフジツボのタンパク質コード遺伝子では ND4L、ND4 および ND5 遺伝子はいずれも H 鎖にコードされ、ゲノム中の位置関係も含めてクロフジツボの相同遺伝子とは異なった。次に、クロフジツボでは L 鎖でコードされていた Phe tRNA、His tRNA、Pro tRNA 遺伝子が、オオアカフジツボでは H 鎖でコードされていた。Lys tRNA、Gln tRNA はオオアカフジツボ、クロフジツボとも L 鎖にコードされていたが、ゲノム中の位置は両種で大きく異なった。また、H 鎖にコードされている Tyr tRNA および Cys tRNA 遺伝子の位置も両種で異なった。

最後に、カメノテのミトコンドリアゲノムの全塩基配列 14,916 bp を決定した。同配列は 2 rRNA 遺伝子、22 tRNA 遺伝子および 13 タンパク質コード遺伝子から構成されていた。一方、非コード領域は 1 つで、2 次構造では 3 つの stem loop 構造がみられ、制御領域と判断された。次に、クロフジツボの Tyr tRNA 遺伝子は H 鎖にコードされていたが、カメノテのそれは L 鎖にコードされていた。それ以外のタンパク質コード遺伝子および tRNA 遺伝子のゲノム中の配置は両種で一致した。

以上のように、遺伝子配置ではカメノテはクロフジツボによく類似し、オオアカフジツボとは相違した。そこで13タンパク質コード遺伝子の配列を合わせ、NJ法およびMP法で分子系統樹を作成した。その結果、クロフジツボとオオアカフジツボはいずれの系統樹でも単系統となり、カメノテからは分岐した。さらに、ミトコンドリアゲノム全塩基配列が報告されている鰓脚類および軟甲類の計6種の甲殻類のものと共に13タンパク質コード遺伝子を用いて分子系統樹を作成した。その結果、本研究の蔓脚類3種は、NJ法およびMP法の系統樹とも、ミジンコを含む鰓脚類およびウシエビを含む軟甲類からは別系統となったが、NJ法では軟甲類より鰓脚類に近縁となった。以上のように本研究は、学術上、応用上貢献するところが少なくない。よって審査委員一同は本論文が博士（農学）の学位論文として価値あるものと認めた。