

## 論文審査の結果の要旨

申請者氏名 江田 真毅

---

集団構造の歴史は生物進化を理解する際、重要な役割を果たす。自然選択や遺伝的浮動、突然変異、遺伝子流動といった進化要因と密接に関わるためである。これまで、集団構造の歴史は繁殖地の位置情報と分子マーカーの分布様式に基づいて復原されてきた。しかし、個体数と繁殖地数が減少した生物では、現生試料からの集団構造の歴史復原に限界がある。過去に個体数の減少した生物では、現存する集団の歴史の情報が遺伝的浮動によって失われている可能性があるためである。また、過去に消滅した集団の有無が推定できないという限界もある。こうした背景をもとに、本研究では希少種アホウドリ (*Phoebastria albatrus*) を対象に、現生だけでなく減少以前の試料を用いて集団構造の歴史を復原した。個体数減少以前の試料としては遺跡から発掘された骨を利用し、そこから抽出した DNA (古代 DNA) を解析した。同種は、伊豆諸島の鳥島と尖閣諸島の南小島と北小島でのみ繁殖する鳥で、生息個体数は約 1,500 羽と推定されている。19 世紀末から 20 世紀初頭に狩猟される以前には、個体数は約 600 万羽、繁殖地数は 14 ヶ所以上あったとされる。同種の骨は遺跡から大量に出土する。

本研究ではまず、アホウドリが現在繁殖する 2 地域のうち、これまで解析されていなかった尖閣諸島の現生試料の DNA を解析し、鳥島のデータと合わせて現生試料のみから過去の集団構造を復元した。その結果、基本的に尖閣諸島と鳥島の個体が大きく離れた二つのハプロタイプのグループ (グループ A, B) を形成すること、鳥島ではグループ A のメス個体が繁殖していることが明らかになった。このようなハプロタイプの地理的分布様式が生じる集団構造の歴史として、1) 長期間隔離された 2 集団が二次的に交流している、2) 長期間一つの大きな集団が存続している、の二つがあげられる。各集団内の系統が共通祖先から分化するのに必要な時間と、2 集団が相互に単系統になるのに必要な時間、という観点からどちらの可能性が正しいか判別を試みたが、判別できなかった。

次に、個体数などが減少する以前の試料として、約 1,000 年前の北海道礼文島の試料を用い、当時の集団構造の復原を試みた。繁殖地の地理的情報と分子マーカーの分布様式を用いた集団構造の推定は、この遺跡試料には適用できない。アホウドリは長距離移動し、かつ、人間の交易対象であった可能性もあるので、繁殖地の位置が特定できないためである。本論文では、新しい研究手法として分子マーカーと他の表現型形質を組み合わせることで集団構造が復原できることを提唱し、当時の集団構造を推定した。表現型形質としては、主に繁殖地周辺の食物環境を反映する体サイズと、採食した食物を反映する窒素と炭素の安定同位体比に注目した。その結果、1) 遺伝的に離れたクレード A' と B' (これらのクレードは現生試料のハプロタイプのグループ A と B をそれぞれ含む) があること、2) 二つのグループ間で骨の全長と安定同位体比が有意に異なること、3) グループ A' では二つの形質の分散が有意に小さいこと、4) グループ B' 内に大きく離れた三つのハプロタイプのグループがあるものの、それらの間で形質の平均、分散とも

有意な相違はないことが明らかになった。このことから、約 1,000 年前には、少なくとも長期間分化した二つの集団のあったことが示唆された。

過去の集団数は、現生試料の分析では一つ、もしくは二つと推定されたが、約 1,000 年前の遺跡試料では、二つ以上であると推定された。現生試料の分析から過去の集団数が一つであった可能性を否定できなかった理由は、主に個体数の減少によって有効集団サイズが大きく減少したためだと考えられた。また遺跡試料から、絶滅した集団があった可能性も示唆された。

以上より、本研究では希少種アホウドリを対象とした解析を通して、個体数が減少した集団の歴史は現生試料のみで正確に推定できない場合があること、また、その際にも個体数減少以前の遺跡試料を用いることでより正確に歴史が推定できることを厳密に示している。さらに、遺跡試料の解析にあたり、繁殖地の位置情報のない試料であっても、分子マーカーと他の形質の相関性を解析することで集団構造を推定可能であることも明確に示している。したがって、本研究は学術上貢献するところが大きく、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。