

論文審査結果の要旨

氏名 山野上 祐介

本論文は豊富なデータと緻密な分子系統解析によってフグ目魚類の系統関係を明瞭に示すことに成功している。ベイズ法による解析も見事であり、分子データを用いた魚類の系統解析としては極めて高く評価すべき内容である。特にフグ目魚類のスズキ類内部における系統的位置を明瞭にしたこと、フグ目魚類の姉妹群を明らかにした点は重要である。また、フグ目内部の系統関係についても緻密な研究を行い、フグ目が二つの大きなクレードから構成され、フグ目内部には8科が存在することを明らかにした。また、モンガラカワハギ科については、これまでの形態学的研究に基づく研究を批判的に検討しつつ、ミトコンドリアゲノムのデータ解析によって属レベルの詳しい系統関係を明らかにすることに初めて成功した。さらにゲノム研究のモデル生物となっているトラフグやミドリフグ、ゼブラフィッシュなどを含む魚類の主要な分類群とフグ目魚類の分岐年代をミトコンドリアゲノムのベイズ法解析によって明らかにした。従来、化石記録と分子時計のデータの間で魚類の分岐年代には大きな見解の違いがあったが、本研究によって魚類の主要な分類群の分岐年代が明瞭に示されたことは高く評価された。また、本研究は以上の結果に基づいて、フグ目魚類の新たな分類体系を示し、分類学的な貢献度も高いことが評価された。

本論文は7章から構成されている。第1章のイントロダクションでフグ目魚類の系統分類学的研究を簡潔にまとめ、フグ目魚類の系統的問題に関して本論文が解明すべき課題を示している。第2章ではフグ目のミトコンドリアゲノムは、他の脊椎動物と同様におよそ16,500塩基対からなる環状構造をもち、遺伝子の配置も、モンガラカワハギ科のアミメハギを除き、他の脊椎動物に見られる典型的な遺伝子配置と同様であることが示され、カワハギ科のハナツノハギとテングカワハギにおいて、tRNA-Phe 遺伝子と12S rRNA 遺伝子の間に180bpほどの挿入配列が見られることを初めて明らかにした。

第3章は過去の研究によってフグ目と近縁であるとされたグループを系統解析に用いてフグ目の単系統性の確証と姉妹群の探索が行われ、フグ目の単系統性が事後確率100%のデータによって示され、その姉妹群はアンコウ目+ヒシダイ亜目(マトウダイ目)となり、古くから近縁だと考えられていたニザダイ亜目は比較的離れた系統的位置にあることを明らかにした。Bayes factorによる検定の結果、他の仮説は明瞭に否定され、本研究によって姉妹群が明瞭に示された点は極めて高く評価される。第4章ではフグ目内部の系統関係を扱っている。ベイズ法による緻密な系統解析の結果、フグ目はハコフグ群とフグ群の2群に分かれることが明らかになった。第5章ではモンガラカワハギ科の33属33種についてミトコンドリアゲノム全長配列を用い、ベイズ法による系統解析を行った結果、モンガラカワハギ亜科、カワハギ亜科はそれぞれ単系統群であるこ

とを明らかにした。それぞれの内部の関係については、形態形質に基づく既往の仮説と相違が認められた。従来の研究で認められていたカワハギ亜科の4つの群のうち、モロゴシハギ群、アザミカワハギ群は単系統となったが、ウマヅラハギ群、ソウシハギ群は単系統とはならなかった。また、腹鰭の退縮は各クレードに多系統的に出現し、平行して何度も起こったことを明瞭に示した点は魚類の系統研究の上で大きな貢献といえる。

第6章ではミトゲノム全長配列に基づいたベイズ法によってモデル生物を含めた魚類の主要系統間の分岐年代の推定を行った。その結果、フグ科魚類とゼブラフィッシュとの分岐年代は3億年前、メダカとの分岐年代は1億7500万年前、トゲウオとの分岐年代は1億6700万年前と推定された。また、フグ目は1億2600万年前に最も近縁なアンコウ目+ヒシダイ亜目と分岐し、その後、フグ群とハコフグ群が1億2200万年前に分岐したことが推定された。フグ目の8科は白亜紀の中ごろまでに分岐しており、最も分岐が古い科はウチワフグ科(1億1300万年前)で、最後に分岐した科はフグ科とハリセンボン科(1億年前)であった。このように魚類の分岐年代を総括的に扱った研究は初めてであり、高い評価を得た。

第7章では本研究の系統解析に基づいて新たな分類体系を提唱した。スズキ類内部の系統関係が不明である現状を考慮して、フグ目を亜目とし、その外群であるアンコウ目、ヒシダイ亜目、タイ類も同じ目の亜目として、アンコウ亜目、ヒシダイ亜目、タイ亜目として分類している。また、フグ目の内部についてはハコフグ群、フグ群を上科のランクとして提唱しているが、これは系統研究に基づく合理的な分類体系であると評価された。