

論文審査の結果の要旨

申請者氏名 馬 涛

ウナギ目魚類の成魚における形態の高い均質性に対し、仔魚期のレプトセファルス幼生の著しい多様性は特筆に値する。本研究ではアナゴ科 (Congridae) のレプトセファルスの形態的特徴と遺伝的関係を調べ、本科の仔魚の形態変異とその進化過程を理解することを目的とした。第1章の緒言に続き、第2章から第6章において、以下の結果を得た。

第2章では、2000–2005年の4航海でインド-太平洋域から採集した計2708個体のアナゴ科レプトセファルスについて、その形態的特徴を記述した。その結果、アナゴ科全体で共有する形態形質は皆無で、本科は極めて形態的多様性の高いグループであることが分かった。しかし、アナゴ科内の3亜科については、消化管長を指標に各亜科を識別できることが明らかになった。すなわち、平均消化管長はチンアナゴ亜科 (Heterocongrinae) では体長の約70%、クロアナゴ亜科 (Congrinae) では90%、ホンメダマアナゴ亜科 (Bathymyrinae) では95%以上であった。3亜科はさらに6属1 Type に分類でき、チンアナゴ亜科では *Heteroconger* 属, *Gorgasia* 属, クロアナゴ亜科では *Conger* 属, *Gnathophis* 属, *Bathycongrus* 属, *Uroconger* 属, ホンメダマアナゴ亜科では *Ariosoma*-type が認められた。また、これまで種レベルの同定の困難であった各属内には、それぞれ4, 4, 5, 5, 5, 1, 12の計36グループのあることが分かった。これに、現在は同定できない10グループを加え、アナゴ科に計46の形態グループを認めた。

第3章では、46形態グループのレプトセファルス395個体と成魚3種 (*Ariosoma major*, *Ariosoma shiroanago*, *Uroconger lepturus*) 3個体の計398個体について、mtDNA 16S rRNAの部分塩基配列を決定した。既報の3種 (*Conger japonicus*, *Conger myriaster*, *A. shiroanago*) のデータを加え、1336サイトの塩基配列を用いて遺伝距離を算出し、近隣結合法によりハプロタイプのグルーピングを行った。その結果、形態で分けられた上記6属1 Type はそれぞれ一つのクレードにまとまった。これらのクレードは、さらに小さなクレードから成り、本研究では、遺伝距離と形態的特徴に基づいて、アナゴ科に計66タクサを認めた。形態的特徴では識別できなかったタクサが20(約3割)もあったことは、アナゴ科には多数の隠蔽種や未知の地域集団が存在することを示している。

本章で得られた分子データを成魚のそれと比較したところ、2種のレプトセファルス *Ariosoma* sp. 7 と *Ariosoma* sp. 8 は、それぞれ *A. major* と *A. shiroanago* であることが明らかになった。また、東シナ海から採集され、形態的にはクロアナゴと同定されていたレ

プトセファルスが、実はマアナゴの仔魚であったことも分かった。これは小サイズ (TL 74.0 mm 以下) のマアナゴレプトセファルスの形態と分布の初記載となった。

第4章では、以上により決定したアナゴ科 66 タクサに加え、他の近縁4科 (ハモ科, シギウナギ科, クズアナゴ科, ホラアナゴ科) の計9種について、mtDNA 16SrRNA の相同領域の部分塩基配列を決定した。さらに既報の4科 (ウナギ科, ウミヘビ科, ノコバウナギ科, ウツボ科) 4種を加え、計79タクサについて、1304 サイトを用いて系統推定を行った。樹形がほぼ一致した最節約樹と最尤樹の厳密合意樹を作成した結果、アナゴ科の中にハモ科, グズアナゴ科およびウミヘビ科が組み込まれ、アナゴ科はこれまで考えられていたような単系統ではないことが分かった。アナゴ科の内部関係を見ると、チンアナゴ亜科が最も早く分岐し、その後、クロアナゴ亜科とホンメダマアナゴ亜科が分岐したことが明らかになり、従来の形態に基づく系統仮説は見直しが必要であると考えられた。

第5章では、厳密合意樹に6つの形態形質をマッピングし、アナゴ科とその近縁種のレプトセファルスの形態形質の進化パターンを調べた。体側色素パターン, 吻の形, 眼下色素, 体高などの特徴はひとつのクレードにまとまることはなく、散発的に出現したことが分かった。一方、消化管長はアナゴ科の進化過程で増大し、背鰭長は減少する傾向が見られ、これらの形質は系統関係をよく反映するものと考えられた。特に、*Ariosoma*-type では、2つのグループが外腸の有無によって明瞭に特徴づけられ、体サイズの増大とともに、その栄養要求を満たすために外腸を持たない通常型レプトセファルスから、特異な外腸を持つタイプが出現してきたものと考えられた。

第6章では、以上の結果をまとめ、アナゴ科レプトセファルスの形態変異と進化過程を総合的に考察した。消化管長はアナゴ科レプトセファルスの長距離、長期間の回遊生態に適応して進化した形質と推測された。アナゴ科レプトセファルスの形態形質は成魚のそれより系統関係をより正しく反映しており、従来の本科の分類や系統は今後再検討の必要があると考えられた。

以上、本研究は形態と分子データの両方を用いて、高い形態的多様性を示すアナゴ科レプトセファルスを分類し、その系統解析から、アナゴ科の非単系統性と仔魚の形態形質の進化パターンを明らかにしたもので、海洋生物学や水産科学の基礎として大きく貢献するものと考えられる。よって審査委員一同は、本論文が学術上、応用上寄与するところが少なくないと判断し、博士 (農学) の学位論文としてふさわしいものと認めた。