



|                  |   |
|------------------|---|
| Title            | Taxonomy and Phylogeny of the family Capitellidae (Annelida) from Japan   |
| Author(s)        | Tomioka, Shinri   |
| Citation         | 北海道大学. 博士(理学) 甲第12697号  |
| Issue Date       | 2017-03-23  |
| Doc URL          | <a href="http://hdl.handle.net/2115/68338">http://hdl.handle.net/2115/68338</a>   |
| Type             | theses (doctoral - abstract of entire text)   |
| Note             | この博士論文全文の閲覧方法については、以下のサイトをご参照ください。  |
| Note(URL)        | <a href="https://www.lib.hokudai.ac.jp/dissertations/copy-guides/">https://www.lib.hokudai.ac.jp/dissertations/copy-guides/</a> |
| File Information | Shinri_Tomioka_summary.pdf  |



[Instructions for use](#)

# 学位論文の要約

博士の専攻分野の名称 博士（理学） 氏名 富岡 森理

## 学位論文題名

Taxonomy and Phylogeny of the family Capitellidae (Annelida) from Japan  
(日本産イトゴカイ科(環形動物)の系統分類学的研究)

環形動物門イトゴカイ科 (Capitellidae) は世界から 44 属約 150 種が知られる自由生活性の無脊椎動物である。汚泥内を優占することがよく知られているが、砂浜や海草場、鯨骨中など多様な環境に生息している。日本国内からは 22 属 34 種が報告されているものの、汎存種と考えられている種も複数種含まれており、国内の複数地点から報告がある。しかしながら、それらが単一種であるのか、複数種を含むのかは検討されたことがなく、国内には依然として数多くの未記載種が生息している可能性がある。それゆえ、形態および DNA 塩基配列情報を伴った記載分類学的研究が必要である。また、環形動物門全体を対象とした先行研究において本科は単系統群であることがおおむね支持されていたが、最新の研究ではそれを否定する可能性も指摘されている。さらに、科内の系統関係についてはこれまで検証されたことはなく、属や種の定義形質が系統を反映していない可能性をもつと指摘されていた。そこで申請者は本研究においてイトゴカイ科における上記のような系統分類学的課題の解決を目的として研究を行った。

本学位論文は 4 章から構成されており、第 1 章ではイトゴカイ科および本研究の概要、第 2 章では日本産種の記載分類学的研究、第 3 章では汎存種の分子分類学的研究、第 4 章では科全体を対象とした分子系統学的研究の 3 点のテーマについて述べている。第 2 章は、日本沿岸から採集したイトゴカイ類の分類学的研究を扱い、*Mediomastus* 属 3 種の記載と *Mastobranchus* 属の未記載種の報告を行っている。第 3 章では、汎存種として知られるイトゴカイ *Capitella teleta* Blake et al., 2009 の広域分布を、DNA 塩基配列および形態情報を用いて検証した。まず日本国内の 2 地点（仙台・愛媛）から得られた *Capitella* 属標本を形態情報に基づき *C. teleta* と同定した。次にこれらの標本の塩基配列と模式産地のアメリカ合衆国マサチューセッツ州から得られた *C. teleta* の塩基配列情報を用いて種限界決定 species delimitation 法を用いて解析を行った。その結果、愛媛産個体は模式産地から得られた標本と同種である一方、仙台産個体は別種であるという結果が得られた。このことから、*C. teleta* はこれまで報告されているとおり北西太平洋から北西太平洋まで分布する汎存種であるが、国内にはそれと近縁な隠蔽種も存在することが示唆された。さらに、本種の浮遊幼生期間が短いことから、この広域分布は人為的移入に起因する可能性も推測された。第 4 章では、日本産イトゴカイ類 8 属 31 種を用い、科内の分子系統解析を行った。本研究では核にコードされている 18S rRNA、28S rRNA、ヒストン H3 の 3 遺伝子のほか、ミトコンドリアにコードされているチトクローム c 酸化酵素サブユニット I 遺伝子の部分配列を用いて分子系統解析を行った。その結果、イトゴカイ科は単系統群であり、いくつかの先行研究で示されてきた結果と同様に、ユムシ類の姉妹群であることを支持する結果となった。イトゴカイ科内では、*Capitella* 属を構成する OTU が長い枝を伴う単系統群を形成することが初めて明らかになった。*Capitella* 属では形態形質や卵割パターンが他のイトゴカイ類と顕著に異なることが知られており、解析によって明らかとなった早い進化速度はこれらの事実と矛盾しない。得られた系統樹上で本クレードが示す長い枝は、*Capitella* 属内の種が示す短い世代時間により、他のイトゴカイ類に比べて塩基置換速度が速まったことに由来すると考えられる。一方、本研究に含んだうちの 4 属は単系統群を構成せず、それらの属の定義として用いられている形質が系統を反映していないことが明らかとなった。