HOKKAIDO UNIVERSITY

Title	Molecular phylogenetic studies on the Odontoceti, with special reference to the family Ziphiidae and Delphinidae [an abstract of dissertation and a summary of dissertation review]
Author(s)	北村, 志乃
Degree Grantor	北海道大学
Degree Name	博士(水産科学)
Dissertation Number	甲第11329号
Issue Date	2014-03-25
Doc URL	https://hdl.handle.net/2115/55370
Rights(URL)	https://creativecommons.org/licenses/by-nc-sa/2.1/jp/
Type	doctoral thesis
File Information	Shino_Kitamura_review.pdf, 審査の要旨

Hokkaido University Collection of Scholarly and Academic Papers : HUSCAP

学位論文審査の要旨

博士の専攻分野の名称：博士（水産科学）　　氏名：北　村　志　乃

審査委員

主査　教授　　水田　浩之
副査　教授　　荒井　克俊
副査　特任教授　阿部　周一　（岩手大学）

学 位 論 文 題 目

Molecular phylogenetic studies on the Odontoceti,
with special reference to the family Ziphiidae and Delphinidae
(ハクジラ亜目鯨類の分子系統学的研究－
特にアカボウクジラ科とマイルカ科について)

現生のクジラ目 14 科 40 属 86 種（IWC, 2014）は脊椎動物門・哺乳綱に属し、ヒゲクジラ亜目 4 科 6 属 14 種とハクジラ亜目 10 科 34 属 72 種を含む。これらのうちハクジラ亜目鯨類は種数が多いうえに、形態の多様性が大きく、その系統分類には異論が多い。また、各種 DNA マーカーを用いた分子系統学的研究によっても、解析個体数の不足から統一的な見解は得られていない。そこで、申請者はハクジラ亜目鯨類の系統関係を明らかにすることを目的とし、タイプの異なる核およびミトコンドリア DNA マーカーを用いて、一種につき複数個体を材料とすることにより、上記ハクジラ亜目鯨類の分子系統学的解析を行い以下の成果を得た。

1. ハクジラ亜目全体の分子系統関係

既に登録されている配列を加え、10 科 34 属 68 種 458 個体を材料に、核の DNAα－2 アクチン遺伝子第 1 イントロン領域(ACTA2I)1112bp とミトコンドリア(mt)DNA 調節領域(CR)491bp を分析した。配列登録以外の個体では筋肉、表皮、骨の標本から抽出した DNA を PCR 増幅の後、塩基配列を決定した。ACTA2I の場合、塩基配列が重なり、ヘテロ接合体と予想される場合は、PCR 産物のクローニングを実施し、二つの対立遺伝子の配列を決定した。以上のように得た塩基配列により、マッコウクジラ属を外群として最尤法により系統樹を作成した結果、ハクジラ亜目全体では、それぞれの科の単系統が示された。

2. アカボウクジラ科の分子系統

ハクジラ亜目鯨類のうち二番目に種数が多いアカボウクジラ科内の系統関係と、日本近海のツチクジラ 72 個体についての系統学的位置と詳細な遺伝学的解析について、上記と共通の手法で検討したところ、ACTA2I ではオウギハクジラ属以外では単系統が一部を除き種ごとに単系統が示されたが、mtDNA-CR では種ごとの単系統は明確ではなかった。

3.　ツチクジラ属内の隠蔽種

ツチクジラ属ツチクジラ 70 個体を用いて、集団構造を解析したところ、オホーツク海で得られた 5 個体とそれ以外の個体の 2 グループに明確に分けることができ、別種のミナミツチクジラをあわせ３つのグループを形成した。ハプロタイプ多様度と塩基多様度から見た遺伝的変異はオホーツク海で得られた 5 個体が高く、3 グループの遺伝的分化は大きかった。以上の結果はツチクジラの中に隠蔽種が存在することを強く示唆した。

4.オウギハクジラの集団構造

オウギハクジラ属オウギハクジラ 97 個体について、mtDNA-CR では全域（877bp）を対象に解析を行ない、ACTA2I については上述と同様の方法で分析した。その結果、ACTA2I では 90 個体に 6 対立遺伝子を、mtDNA-CR では 97 個体に 4 ハプロタイプを見出した。対立遺伝子およびハプロタイプ多様度、塩基多様度は海域間でほぼ差がなかった。さらに 6 対立遺伝子からなる 15 遺伝子型の出現頻度から検定を行ったところ、日本近海のオウギハクジラはハーディ・ワインベルグ平衡に達しており単一集団を形成していることが示唆された。

5.マイルカ科の分子系統

ハクジラ亜目内で最も種数が多く分類について異論が多いマイルカ科内の系統関係について検討したが、明瞭なグループ分けは出来ず、ACTA2I と mtDNA-CR のいずれの系統樹においても、属ごと、あるいは種ごとに配列はまとまらなかった。最も多様なスジイルカで調べたところ、ACTA2I では挿入・欠失を含む 11 対立遺伝子が見られ、mtDNA-CR ハプロタイプも多様であったことから、この様な多様性が種内関係を不明瞭にしている可能性が示唆された。

以上申請者は，一つの研究としては最多の種数を用いて、ハクジラ亜目 10 科の単系統を示すとともに、アカボウクジラ科ツチクジラ属において隠蔽種の存在を強く示唆し、また、日本近海の同科オウギハクジラが単一の繁殖集団に由来する可能性を示した。さらに、マイルカ科では一部の属や種の単系統を確認できないほど個体間の変異性が大きいことを示した。従来、1 種 1～数個体で行われてきた鯨類の分子系統解析を多数個体の分析により、集団遺伝学的なアプローチを可能とし、隠蔽種を含む精緻な系統関係を明らかにすることを示した点は高く評価できる。以上の成果は鯨類の基礎的な系統分類の課題解決のみならず、水産資源として重要なハクジラ亜目鯨類の遺伝資源管理や持続的利用に道を拓くものである。よって、審査員一同は申請者が博士（水産科学）の学位を授与される資格のあるものと判定した。