HOKKAIDO UNIVERSITY

Title	Cryptic diversity in the Enophrys diceraus species complex (Scorpaeniformes, Cottidae) and molecular evolution of copulatory behavior in two cottid genera [an abstract of dissertation and a summary of dissertation review]
Author(s)	李, 昂
Degree Grantor	北海道大学
Degree Name	博士(環境科学)
Dissertation Number	甲第11352号
Issue Date	2014-03-25
Doc URL	https://hdl.handle.net/2115/55501
Rights(URL)	https://creativecommons.org/licenses/by-nc-sa/2.1/jp/
Type	doctoral thesis
File Information	Ang_Li_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

生物圏科学専攻：博士（環境科学）　　氏 名 李 昂 （りあん）

審査委員　主査　准教授　氏 名 宗原弘幸
副査　教 授　氏 名 本村泰三
副査　教 授　氏 名 山羽悦郎

学 位 論 文 題 名

Cryptic diversity in the *Enophrys diceraus* species complex (Scorpaeniformes, Cottidae) and molecular evolution of copulatory behavior in two cottid genera

（オニカジカ種群の隠蔽的分化とカジカ科２属の交尾行動の進化）

申請者は、オニカジカ属およびコオリカジカ属を中心にスズキ目カジカ亜目カジカ上科カジカ科の分子系統解析を行い、以下の事柄を明らかにした。現在までに、カジカ科は70属275種が知られ、北太平洋沿岸域で種的に最も繁栄する魚類である。また、これらの仲間には、交尾する種と交尾しない種がいるなど、繁殖様式が多様であることも特徴のひとつである。これまでに提示されてきた外部形態にもとづく系統関係に従うと、交尾行動は、カジカ科内で何度か多系統的に進化したことをが示されている。海中に適応した魚類では、雌性生殖器官内に精子を送り込む交尾は、極めて特異的な行動であることから、カジカ科内での交尾の多系統進化を異なる手法で検証する必要がある。そこで、属内の系統関係の知見が乏しく、一つの属内で交尾種と非交尾種が存在することが知られているオニカジカ属とコオリカジカ属を中心に、属内と近縁属種を含めた分子系統解析および分岐年代推定を行った。

先ず、日本、ロシア、米国から採集したオニカジカ属43個体の形態分析とプライマーウオークによるミトコンドリアDNA全周の塩基配列解析を行った。オニカジカ属には、体長の10％を超える大きな雄性生殖突起を持ち、交尾をする*E. lucasi*と*E. diceraus*、生殖突起がなく、精子の形状が非交尾種型である*E.bison*と*E.taurinus* が知られている。本属のミトコンドリアDNAは、13のコーディングリージョンを含み、既知のカジカ*Cottus pollux*と比較すると、全周長はわずかに長かったが、遺伝子座の配列などは共通していた。各個体の塩基配列の比較では、いくつかのクラスターに分けられ、その中で、*Enophrys diceraus*として分類されていた種が明瞭に２つに分かれた。２つのクラスターでは、詳細な形態分析でもいくつか相違点が認められており、その特徴から、一方を黒タイプ、他方を赤タイプと称した。２つのタイプには、ミトコンドリアDNAの調節領域長で大きな相違が見られ、黒タイプは71塩基対赤タイプより長かった。これらのタイプ間の遺伝的距離は3.0％で、一般的に別種に相当する相違である。さらに、ミトコンドリアDNAの相違は、交雑によることも知られているので、核ゲノムの比較も行った。S７リボソームタンパク遺伝子と不凍タンパク質遺伝子の塩基配列と構造も、この2タイプ間で相違が認められ、それぞれが隔離された集団であることが示唆された。以上

のことから、本属には隠蔽種が含まれていると判断された。

近縁の外群を含む分子系統図は、最節約法、ベイズ法、近隣接合法のいずれもが、オニカジカ属4種１隠蔽種は、一つのクラスターを形成することを示した。また、属内では、交尾種と非交尾種で最初に分れたことから、本属内で交尾が進化し、それに続いて現存種の分化が起きたことが示唆された。さらに、本研究で得られたCyt *b*の遺伝的距離を多くの硬骨魚類で用いられる2%/100万年にもとづき計算すると、黒タイプと赤タイプの分化は150万年前頃に、非交尾種と交尾種の分化は、それより前の590万年前に起きたと推定された。

次にコオリカジカ属とオニカジカ属およびその近縁種についてミトコンドリアDNAの２遺伝子座（COIおよびCyt *b*）の塩基配列をもとに、15属30種の分子系統解析を行った。30種のうち13属22種については、今回新たに塩基配列を決めた。

異なる遺伝子座および解析方法であっても、コオリカジカ属のラウスカジカ*Icelus sekii*、ウスジリカジカ*I. mororanae*、未記載種*I. sp.*、およびマツカジカ属マツカジカ*Ricuzenis pinetorum*の4種の単系統性が示された。一方、コオリカジカ属に分類されている*I.cataphractus, I. bicornis, I. spiniger, I. spatula, I. mandibularis* の5種は別なクレードを形成し、先の2つのクレードと合わせ2属9種が単系統関係を示した。これらの中で、雄性生殖突起の有無と繁殖行動の観察から、ラウスカジカが交尾種で、ウスジリカジカが非交尾種であることが明らかになっている。このようにコオリカジカ属内においても交尾行動の進化があったことが示唆された。ラウスカジカとウスジリカジカが共通の祖先種から分化したのは、約500万年前と推定された。

以上のように、本研究では、分子系統解析により、カジカ科内における交尾行動の多系統的進化を明らかにし、非交尾種と交尾種の分岐年代推定まで行った。これらの結果は、カジカ類の系統学のみならず、魚類の生態進化に関する重要な知見を含んでおり、審査委員一同は，これらの成果を高く評価し，また研究者として誠実かつ熱心であり，大学院博士課程における研鑽や修得単位などもあわせ，申請者が博士（環境科学）の学位を受けるのに充分な資格を有するものと判定した。