



HOKKAIDO UNIVERSITY

Title	Taxonomy and phylogeny of the family Capitellidae (Annelida) from Japan [an abstract of dissertation and a summary of dissertation review]
Author(s)	富岡, 森理
Degree Grantor	北海道大学
Degree Name	博士(理学)
Dissertation Number	甲第12697号
Issue Date	2017-03-23
Doc URL	https://hdl.handle.net/2115/65496
Rights(URL)	https://creativecommons.org/licenses/by-nc-sa/2.1/jp/
Type	doctoral thesis
File Information	Shinri_Tomioka_abstract.pdf, 論文内容の要旨



学 位 論 文 内 容 の 要 旨

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)

イトゴカイ類は環形動物門イトゴカイ科（Capitellidae）に属する自由生活性の底生蠕虫である。汚泥内を優占する多毛類としてよく知られているが、砂浜や海草場、鯨骨や二枚貝の殻の中など多様な環境に生息している。イトゴカイ類は世界から44属およそ150種が知られ、日本からは22属34種が報告されているが、国内には依然として数多くの未記載種が生息しているため、記載分類学的研究が必要である。日本国内から報告されているイトゴカイ類のうち4種は汎存種と考えられている種であり、国内の複数の地点から多数の報告がある。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、将来の課題とされてきた。また、環形動物門全体を対象とした先行研究においてイトゴカイ科は単系統であることがおおむね支持されていたものの、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、イトゴカイ科内の系統関係についてはこれまでに形態情報や DNA 塩基配列情報を用いて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もつとに指摘されていた。そこで申請者は本研究においてイトゴカイ類における上記のような系統分類学的課題の解決をめざし、1) 日本産種の記載分類学的研究、2) 汎存種の分子分類学的研究、3) 科全体を対象とした分子系統学的研究の3点のテーマに取り組んだ。

学位申請論文は4章から構成されており、第1章ではイトゴカイ類および本研究の概要が述べられている。第2章は、日本沿岸から採集されたイトゴカイ類の分類学的研究を扱い、*Mediomastus* 属 3 種 (*M. opertaculeus* Tomioka, Hiruta & Kajihara, 2013, *M. duobalteus* Tomioka, Nishi & Kajihara, 2014, *M. hanedaensis* Tomioka, Nishi & Kajihara, 2014) の記載と *Mastobranchus* 属の1種 *Mastobranchus* sp. 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* が実際に広域に分布しているか否かを、DNA 塩基配列情報と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 *Capitella 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* の塩基配列に基づいて種限界決定 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は数時間と短いことから、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 の他、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が改めて明らかとなった。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* 属イトゴカイ類が示す短い世代時間により、他のイトゴカイ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、*Barantolla* 属、*Decamastus* 属、*Leiochrides* 属、*Notomastus* 属の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。