HOKKAIDO UNIVERSITY

Title	Population genetics and dynamics of the giant Pacific octopus (Enteroctopus dofleini) in the North Pacific
Author(s)	岸本, 真琴
Degree Grantor	北海道大学
Degree Name	博士(水産科学)
Dissertation Number	甲第16562号
Issue Date	2025-09-25
DOI	https://doi.org/10.14943/doctoral.k16562
Doc URL	https://hdl.handle.net/2115/98172
Type	doctoral thesis
File Information	Makoto_Kishimoto_abstract.pdf, 論文内容の要旨 https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/

Hokkaido University Collection of Scholarly and Academic Papers : HUSCAP

学位論文内容の要旨

博士の専攻分野の名称：博士（水産科学）　　氏名：岸本真琴

学 位 論 文 題 目

Population genetics and dynamics of the giant Pacific octopus (*Enteroctopus dofleini*) in the North Pacific

（北太平洋におけるミズダコ[*Enteroctopus dofleini*]の集団遺伝学と個体群動態に関する研究）

近年の分子生物学的解析技術の発達により、頭足類でも、海外では集団遺伝構造や個体群動態も研究されるようになってきた。ミズダコ（*Enteroctopus dofleini*）は北太平洋の沿岸域に広く分布し、寒冷な水温を好む大型の八腕形目（*Octopodiformes*）のタコで、1〜2 ヶ月の浮遊幼生期がある。日本では水産重要種であることから、標識放流実験や飼育実験が行われてきたが、保全や資源管理に重要となる集団遺伝学的研究は行われていない。

本研究はミズダコを対象として、1）ミトコンドリアの 2 領域（cytochrome c oxidase I gene [COI], cytochrome b gene [CYTB]）の集団遺伝学的解析で日本における遺伝的地域性を北米と比較し、2）各地点から一部の個体を選び 7 種のマイクロサテライトマーカーおよび核遺伝子の一塩基多型（SNP）で、より詳細な集団遺伝構造と遺伝子交流の程度を推定し、3）ミトコンドリア 2 領域に基づくデモグラフィー解析と近縁種のミトコンドリアタンパクコード領域の配列を加えた系統解析で、ミズダコの過去の個体群動態とミズダコ（*Enteroctopus*）属が種分化した年代の推定を行った。

集団遺伝構造の推定

1）ミトコンドリアの 2 領域を使用した集団遺伝解析

北海道沿岸の 6 地点、青森県沿岸の 2 地点、福井県沿岸の 1 地点から幼生および卵を含めた 261 個体のミズダコを採集した。そのうち COI の部分塩基配列 517 bp を 260 個体で、CYTB の部分塩基配列 597 bp を 259 個体で決定し、地点間での遺伝的地域性の特徴や北米との比較を実施した。

北米の太平洋東岸（NEP）および日本沿岸の太平洋西岸（NWP）での先行研究において決定された配列を含めて、ハプロタイプネットワークをそれぞれ推定した。NWP には COI で 2 つ、CYTB で 1 つのハプロタイプが優占し、それらは全ての採集地点で認められた。Fixation index（*F*st）は低く、地点間の遺伝的差異は小さいことが示され、*F*st を非計量多次元尺度法（nMDS）でプロットすると、遺伝的距離が地理的距離と相関しないことが明らかになった。さらに、ハプロタイプネットワークは一斉放散型を示し、優占するハプロタイプから一塩基異なるハプロタイプが多数検出された。複数の多様度指標から、NWP における近年の集団拡大が示唆された。NEP についても、NWP と同様に、少量のハプロタイプが優占し、近年の集団拡大が示唆された。NWP と NEP では、優占するハプロタイプや頻度が異なった。分子分散分析（AMOVA）でも NWP と NEP の差異が最も高くなった。最尤推定（ML）法とベイズ推定（BI）法で系統樹を推定すると、地域と一致したクレードは見られたものの、統計学的には支持されなかった。これらの結果から、ミズダコは福井から北海道にかけて広く遺伝的に交流している可能性が推定された。また、NWP と NEP の遺伝的な差はわずかであるものの、それぞれで近年に集団拡大が生じたことが示唆された。

2）SNP およびマイクロサテライト解析

ミトコンドリア解析の結果を踏まえ、より多型性の高いマーカーを用いて地点間の差異を検討するため、一部の標本について、マイクロサテライトおよび SNP を解析した。マイクロサテライトは、先行研究から 7 つのマーカーを選択し、それぞれの地点で遺伝的多様度と遺伝的地域性を推定した。SNP はダブルダイジェスト制限部位関連 DNA シーケンス（ddRAD-seq）で抽出し、MspI、EcoRI の制限酵素でライブラリーを構築し、異なる条件で SNP を選別したデータセットを 2 つ作成した。Dataset IND は欠損値を多く含んだ個体を除く 30 個体について、80%以上の個体で検出できた欠損値の少ない 1,526 SNP を用い、個体ごとの SNP に基づいていくつの集団に分けられるかを検証した。Dataset POP は欠損の多い個体と個体数の少ない地点を除いた 28 個体について、60%以上の個体で検出できた 2,127 SNP を用い、地点ごとの集団的多様度と地点間の交流を推定した。

Dataset IND では、PCA、Neighbor-Net、DAPC、STRUCTURE 解析を行い、個体ごとの SNP の多様性と個体間の遺伝的な相関を調べた。いずれの解析でも、1 集団であることが支持され、広い範囲での遺伝的交流あるいは変異の蓄積が少なく集団構造が認められなかった可能性が示された。これらは小さい F_{ST} や Mantel test の結果からも支持された。地点ごとの比較では、マイクロサテライトと SNP（Dataset POP を使用）いずれにおいても、近親交配は進んでおらず、地点間の交流や資源量が各地点で維持されていると推定された。BA3-SNPs の結果からは地点間での遺伝的交流の割合は低いものの、わずかな交流によって、日本沿岸の分布域一帯で遺伝的な差異が認められないことが示唆された。

頭足類では、二種類の孵化幼生の形態が、集団遺伝構造の形成に関連するとされる。ミズダコは、浮遊幼生期を 1〜2 ヶ月持ち、先行研究から、着底後は 2 ヶ月で十数 m〜60 m、200 日で 5 km 程度の狭い範囲を移動することが明らかにされている。よって、800 km を超える遺伝的交流は幼生分散によって保たれていると考えられた。

3）個体群動態の推定

NEP と NWP のそれぞれにおいて集団拡大の時期をミスマッチ分布解析と Bayesian skyline plot（BSP）から推定した。さらに、ミズダコ属内の多様化の変遷を明らかにするため、頭足類 11 種の 13 のタンパクコード領域の配列から基準となる系統樹を作成し、3 種類の近縁種と本研究で取得したミトコンドリア部分配列を加えて、化石年代で系統樹の分枝長を調整し、ミズダコ属内およびミズダコの NEP と NWP の分岐年代推定を行った。

ミスマッチ分布解析、BSP いずれからも、約 1 万年前に集団拡大が 1 度おこったことが示唆された。また、分岐年代推定から、ミズダコ属と姉妹系統群にあたるチヒロダコ（*Muusoctopus*）属は約 1622 万年前に共通祖先から分化し、ミズダコ属では約 683 万年前に現存する 4 種が現れ、このうちミズダコは約 100 万年前に北太平洋の東西に分かれて分布するようになったと推定された。ミズダコ属とチヒロダコ属の共通祖先は北大西洋に分布したとされていることから、パナマ地峡の成立前後に太平洋側で分化したミズダコ属は沿岸部に沿って南北に分布を広げながら種分化し、ミズダコは北太平洋東西に分布し、最終氷期後の約 1 万年前頃にそれぞれで集団が拡大したと考えられた。

本研究より、日本周辺のミズダコでは、ミトコンドリア 2 領域、核遺伝子 SNP、マイクロサテライトいずれにおいても遺伝的な地域差が見られないことが明らかになり、広範囲で遺伝子交流をおこなっていることが示唆された。北米集団とはわずかに遺伝的な差異が認められるものの、分化の有無は不明瞭であった。現在、日本周辺のミズダコは資源量が分布域の南部で低下傾向にあるが、本研究で得られた結果は、ミズダコの進化史の解明に寄与するとともに、今後の本種の保全や持続的な資源管理に資する重要な遺伝的知見であると考えられる。