

# サツマハオリムシ (*Lamellibrachia satsuma*) の遺伝的集団構造

2008年3月 自然環境学専攻 66732 村上宗樹

指導教員 准教授 小島茂明

キーワード； mtDNA, 熱水噴出域, サツマハオリムシ, 遺伝的集団構造, 鹿児島湾, 日光海山, 大黒海山, 北部マリアナ弧

## 1. 緒言

ハオリムシ類は口や消化管を持たず、栄養分摂取の全てを、細胞内共生している化学合成細菌に依存している化学合成生物群集の代表的な生物である。その為、顕著に熱水噴出または冷湧水活動の影響を受けやすい生物であると考えられ、化学合成生物群集固有種の分散、隔離、遺伝的分化、種分化などの研究に絶好のモデル生物である。本研究の対象生物であるサツマハオリムシ *Lamellibrachia satsuma* Miura, Tsukahara & Hashimoto 1997 は、他のハオリムシ類に比べて非常に浅い場所(水深 80-500m)にしばしば高密度で生息しており、これまでに鹿児島湾、遠州灘金州ノ瀬、北部マリアナ弧に位置する大黒海山、日光海山の熱水噴出域や冷湧水域に生息が確認されている。このうち鹿児島湾のサツマハオリムシ生息域は、桜島と大隈半島によって海水の交換が制限されている湾奥部に位置している。先行研究の結果 (Kojima et al. 2001), 鹿児島湾に棲息するサツマハオリムシ集団の遺伝的多様性が他の熱水、冷湧水域に棲息するハオリムシ類に比べて非常に低いという可能性が示されたがその原因はわかっていない。本研究では、その原因がサツマハオリムシの種特異的なものか、鹿児島湾の地域特異的なものかを解明するため、鹿児島湾の集団と、外洋に位置する北部マリアナ弧の大黒海山、日光海山の集団の集団構造を比較した。また他の生物でも同様の傾向が見られるかを確かめるため、サツマハオリムシと同じ場所に棲息する、鹿児島湾の熱水噴出域固有種であるタギリカクレエビ *Periclimenes thermohydrophilus* Hayashi & Ohtomi 2001, 大黒海山に棲息する近縁種 *Periclimenes* sp. の集団の遺伝的多様性を比較した。

## 2. 材料と方法

独立行政法人海洋研究開発機構(JAMSTEC)の調査母船「なつしま」及び無人探査機「ドルフィン3K」, 「ハイパードルフィン」による NT07-10 航海において鹿児島湾で採集されたサツマハオリムシ 28 個体, タギリカクレエビ 16 個体, NT05-18 航海において北部マリアナ弧の日光海山, 大黒海山で採集されたサツマハオリムシをそれぞれ 20 個体, 25 個体, 大黒海山で採集された *Periclimenes* sp. 14 個体, NT93-08 航海において採集されたサツマハオリムシ 17 個体について, mtDNA の COI 領域の部分塩基配列 (サツマハオリムシ: 624bp) (タギリカクレエビ: 630bp) を解読し, 先行研究で得られた鹿児島湾のサツマハオリムシ 14 個体の塩基配列を加えて各集団の遺伝的多様性を塩基多様度および遺伝子多様度を用いて, 集団間の遺伝的分化の有無を AMOVA,  $F_{st}$  値, exact test を用いて推定した。

## 3. 結果と考察

鹿児島湾で採集されたサツマハオリムシを潜航調査毎に別々の個体群として, 遺伝的集団解析を行った。日光海山, 大黒海山の個体群は鹿児島湾内のいずれの個体群よりも多様度,

塩基多様度が高く、他のハオリムシ類の集団と比べても高かった。またこれと同様に、大黒海山の *Periclimenes* sp. 集団についても鹿児島湾のタギリカクレエビ集団よりも遺伝的多様性が高いという結果が得られた。鹿児島湾全体のサツマハオリムシ集団の遺伝子多様度、塩基多様度を算出すると、日光、大黒集団と比べても著しく低いとは言えなかった。これらの結果から鹿児島湾のサツマハオリムシ集団の遺伝的多様性が低いのは本種の持つ特性によるものではなく鹿児島湾固有の環境要因が働いた結果であることが示唆される。AMOVA,  $F_{st}$  値および exact test の結果により、鹿児島湾のサツマハオリムシ集団は遺伝的に均一ではなく、少なくとも2つの異なる遺伝的性質を持つ、部分集団が存在することが示唆された。

1914年の大正大噴火は20世紀に日本列島で起こった火山の中では最大規模のものであり、噴出されたマグマは $1\text{km}^3$ にも及ぶ(井口 2006)。これがサツマハオリムシに大きな影響を及ぼした事はほぼ確実で、サツマハオリムシの極端な個体数の減少と小集団へ分断を引き起こしことは十分考えられ、これにより小集団内の遺伝的浮動が促進され、集団内のハプロタイプが固定され小集団内の遺伝的多様性が低くなったと考えられた。また固定されるハプロタイプは小集団毎にランダムに決まるので、地域全体としてみると遺伝的多様性は低くならない。

この噴火で、桜島の大隅半島側にあった水深80mの水道が溶岩によって閉ざされ陸続きになった。これにより、サツマハオリムシが棲息する鹿児島湾湾奥部が水深30-40mという浅い桜島水道でのみ湾南部と繋がることになり、外部との海水交換があまり行われず、半閉鎖的海域になった(大木 2000)。そのため、桜島が陸続きになる前は、鹿児島湾全体を反時計回りに回っていた外洋からの黒潮の分流が湾奥にまで届かなくなり、1914年以前に比べ、現在外洋からの幼生の加入が、格段に少なくなった。これにより遺伝的多様性や、ハプロタイプ種数の幼生の新規加入個体による回復が行われなくなったと考えられた。また、半閉鎖的海域になったことにより、鹿児島湾湾奥部の潮流速度は極めて微少になり、湾奥の深海部はデッドウォーター状の様相を示している(河原田・長 1990)。そのため、小集団間の遺伝的交流が行われにくくなっていることも考えられ、未だに小集団毎に遺伝的多様性が低く抑えられているのではないかと考えられる。

#### 4. 引用文献

- Kojima, S. et al. (2001): *Mar. Biol.* 139, 211-219.  
Hayashi, K., and Ohtomi, J. (2001) : *Crust. Res.* 30: 160-171.  
井口 正人(2006): 月刊 地球 28: 115-121  
河原田礼次郎・長勝史 (1990): 鹿大農学述報告 40: 207-213  
大木 公彦(2000): 鹿児島湾の謎を追って 春苑堂出版

# The genetic population structure of a *Lamellibrachia satsuma*

Mar. 2008, Department of Nature Environmental Studies, 66732 MURAKAMI, Sohki

Supervisor; Associate professor KOJIMA, Shigeaki

Keywords; mtDNA, hydrothermal vent, *Lamellibrachia satsuma*, genetic population structure, Kagoshima Bay, Nikko Seamount, Daikoku Seamount, North Marian-Arc

## 1. Introduction

Vestimentiferan tube worms are typical animals of the deep-sea chemoautosynthesis-based communities. They are thought to be amenable to vent and seep activities as they have no mouth and digestive tube, and are dependent on nutrient supply by endocellular bacterial symbiont. They are expected to be used as a model animal to study dispersion, isolation, genetic deviation and speciation processes in the chemoautosynthesis-based community. They inhabit the shallowest site among all vestimentiferan species and their population density is often very high. To date, this species has been reported from Kagoshima Bay, the Nikko and Daikoku Seamounts in the North Mariana-Arc and the Kinsunose Bank in the Nankai Trough. Kojima et al. (2001) showed that the genetic diversity of *L. satsuma* in Kagoshima Bay is much lower than those of other vestimentiferans. In order to reveal whether such low diversity is a unique feature of this species, I analyzed the genetic population structures of this species from Kagoshima Bay and the Nikko and Daikoku Seamounts as well as hydrothermal-vent endemic shrimps *Periclimenes thermohydrophilus* from Kagoshima Bay and *Periclimenes* sp., which is closely related to *P. thermohydrophilus*, from the Daikoku Seamount.

## 2. Materials and methods

28 individuals of *L. satsuma* and 16 of individuals *P. thermohydrophilus* were collected from Kagoshima Bay during the cruise NT07-10 of R/V, Natsushima. Each 20 and 25 individuals of *L. satsuma* were collected at the Nikko and Daikoku Seamounts in the North Mariana-Arc and 14 individuals *Periclimenes* sp. at the Daikoku Seamount during the cruise NT05-18. 17 individuals of *L. satsuma* were collected from Kagoshima Bay during the cruise NT93-08. All samples were collected using Remote operating vessel (ROV) the "Dolphin 3K" and "Hyper Dolphin" of "JAMSTEC". For a species, partial nucleotide sequences (*L. satsuma*: 624bp, *Periclimenes thermohydrophilus* and *Periclimenes* sp. : 630bp) of a mitochondrial DNA for COI were determined. Based on the sequences and those from 14 individuals of *L. satsuma* reported in the Kojima et al. (2001), the genetic divergence (nucleotide and haplotype diversity) was determined and significance of genetic difference between populations and whether there is a genetic variation among populations was tested by AMOVA and exact tests and  $F_{st}$ .

## 3. Results and discussion

Individuals of *L. satsumas* collected during each dive of submersible or a ROV were treated as a single population, and analyzed the genetic structure and the genetic difference among populations.

Haplotype diversity and nucleotide diversity of each population of the Nikko and Daikoku Seamounts is higher than those of Kagoshima Bay and equal to those of other vestimentiferan species. Similarly, the population genetic diversity of *Periclimenes* sp. of the Daikoku Seamount is higher than that of *P. thermohydrophilus* of Kagoshima Bay. However, the genetic diversity of *L. satsuma* of Kagoshima Bay as a whole is not so lower than that of the Nikko and Daikoku Seamounts. These results suggest that the low genetic diversity of *L. satsuma* from Kagoshima Bay is not attributable to a specific feature of *L. satsuma* but to the environmental factors of Kagoshima Bay. The results of the Analysis of Molecular VAriance (AMOVA) and  $F_{st}$  and exact tests suggest that the population of *L. satsuma* is not genetically homogeneous over the distributional area in Kagoshima Bay and there are at least two partial populations which are genetically different from each other.

The volcanic eruption of Mt. Sakurajima in 1914 was biggest volcanic eruption occurred in the 20th century and the lava amounting to 1km<sup>3</sup> was spewed (Iguchi 2006). This eruption might have devastated a population of *L. satsuma* and divide it into small isolated populations within which genetic diversity decreased due to accelerated genetic drift. However, the genetic diversity of the *L. satsuma* in Kagoshima Bay haplotype had remained in small populations randomly. A Strait east of Sakurajima of which depth was 80m was filled up with lava and connection between the innermost part, where *L. satsuma* is distributed and the remaining part of Kagoshima Bay was restricted to a shallow(30-40m) strait west of Sakurajima(Oki 2000). In the innermost point of Kagoshima Bay, water currents weakened extremely and the deep layer became like dead water (Kawarada and Chou 1990). Genetic heterogeneity of the population of *L. satsuma* in Kagoshima Bay is thought to be kept by isolation from other populations and limited gene flow among small populations within Kagoshima Bay.

#### 4. Reference

- Kojima, S. et al. (2001): *Mar. Biol.* 139, 211-219.  
Hayashi, K., and Ohtomi, J. (2001) : *Crust. Res.* 30: 160-171.  
Iguchi, M. (2006): *Monthly the Earth* 28: 115-121  
Kawarada, R. and Chou, M. (1990): *Science report from the Kagoshima university* 40: 207-213  
Oki, K. (2000) :*Searching for a mystery of Kagoshima Bay* : Shunendoh Shuppan