

シンカイヒバリガイと化学合成細菌の共生関係の進化

やまだ あきのり とく だ がく やまさき ひでお
 ○山田明徳¹・徳田岳²・山崎秀雄³

¹琉大・COE、²琉大・遺伝子セン、³琉大・理

Evolution of symbiotic relationships between Bathymodiolus mussels and their chemosymbionts

Akinori Yamada¹, Gaku Tokuda², and Hideo Yamasaki³

¹COE, Univ. of the Ryukyus, ²COMB, Univ. of the Ryukyus, ³Fac. of Sci., Univ. of the Ryukyus

Key words: deep-sea hydrothermal vents, thiotrophic bacteria, methanotrophic bacteria, ancestral state analyses

【目的】シンカイヒバリガイ (*Bathymodiolus* 属) は、深海熱水噴出孔やメタン冷湧水域に形成される化学合成生態系に広く分布するイガイ科の二枚貝である。シンカイヒバリガイは鰓の細胞内に化学合成細菌を共生させ、その共生細菌が海底から放出される硫化水素やメタンを酸化することで得ているエネルギーや栄養素に依存していると考えられている。これまでに15種余りが世界各地から記載されているが、共生細菌のタイプは種によって異なっており、硫黄酸化細菌だけのもの、またはメタン酸化細菌だけのもの、もしくはその両方のものが存在している。そこで本研究では、シンカイヒバリガイの共生細菌タイプの進化の過程を明らかにすることを目的とする。

【方法】石垣島沖海底の鳩間海丘 (熱水噴出孔、水深約1500m) と黒島海丘 (メタン冷湧水域、水深約600m) にて、JAMSTECの無人探査機「ハイパードルフィン」によりヘイトウシンカイヒバリガイ (*B. platifrons*) およびクロシマシンカイヒバリガイ (*B. hirtus*) をそれぞれ採取した。鰓と足の組織からDNAを抽出し、それぞれ細菌の16S rRNA遺伝子 (共生細菌タイプを決定するため)、ミトコンドリアのCOI遺伝子をPCR増幅、シーケンスした。データベースの配列も含め、10種以上のシンカイヒバリガイのCOI遺伝子配列を使い、ベイズ法による系統解析と共生細菌のタイプの祖先形質解析を行った。

【結果および考察】共生細菌のタイプは、これまで生息環境によって大きく影響されると考えられていたが¹⁾、本研究の結果から生息環境ではなくシンカイヒバリガイの系統による影響がより大きいことが明らかになった。祖先形質解析の結果は、シンカイヒバリガイの共通祖先が多重共生をしていたこと、またシンカイヒバリガイの進化の過程で硫黄酸化細菌もしくはメタン酸化細菌の喪失が少なくとも3回起ったこと、さらにその後に再び多重共生が少なくとも1回起ったことを強く示唆した。地表の環境変動の影響がなく、共に硫化水素とメタンが存在する熱水噴出孔とメタン冷湧水域という生息環境の特徴が、共生細菌のタイプの進化的な不安定さに関係しているかもしれない。

1) Fujiwara, Y. et al. 2000. *Mar. Ecol. Prog. Ser.* 208: 147-155.

山田明徳 Akinori Yamada: h066098@sci.u-ryukyu.ac.jp