

化学合成生物群集を構成する動物の分散と集団構造からみた熱水噴出および冷水湧出活動史

Vent and seep activity inferred from the dispersals and genetic structures of animals in the chemosynthetic communities

渡部 裕美 [1]; 小島 茂明 [2]

Hiromi Watanabe[1]; Shigeaki Kojima[2]

[1] 東大・海洋研; [2] 東大・海洋研

[1] ORI, Univ. Tokyo; [2] Ocean Res. Inst., Univ. Tokyo

海洋底には、海嶺や島弧-背弧に沿って熱水噴出域が、沈み込み帯や断層に沿って冷水湧出域が断続的に分布しており、いずれの環境においても硫黄やメタンを利用した化学合成による一次生産に大きく依存した化学合成生物群集が発達している。化学合成生物群集を構成する動物の多くは固有動物であり、種によっては群集の発達が熱水噴出および冷水湧出活動に大きく左右されると考えられている。そこで、このような化学合成生物群集固有種の動態という生物学的データから、熱水噴出および冷水湧出活動の安定性の推定を試みた。

本研究では、西太平洋に分布する代表的な化学合成生物群集構成動物であるハオリムシ類、シロウリガイ類、アルピンガイ類、ハナカゴ類のミトコンドリア DNA・COI 遺伝子領域の塩基配列を対象とした。これらの塩基配列を用いて分子系統解析および Mismatch Analysis をはじめとする集団遺伝学的解析を行い、動物群の各集団の分散パターンおよび安定性について検討した。その結果、各集団から検出される塩基配列から、背弧海盆の周囲に分布する島弧によって分散が制限される分類群（アルピンガイ類、ハナカゴ類）、深度帯によって分布が制限される分類群（ハオリムシ類、シロウリガイ類の一部）等が存在することが明らかになった。分子系統解析からは、島弧に分散が制限される分類群の歴史的分散経路は海流系とよく一致していることが示唆された。深度帯によって分布が制限される分類群に関しては、明瞭な分散パターンは明らかにならなかったが、いずれの場合においても、幼生の特徴（浮遊期間の長さ、温度耐性等）に大きく影響されることが示唆された。一方、集団遺伝学的解析からは、分子系統解析で分岐順序が新しいものほど、集団サイズの拡大開始年代が新しく、分子系統解析の結果とよく一致する結果が得られた。また、浅海生物の塩基置換速度を利用すると、どの集団も拡大を始めたのはここ数百万年未満であり、ほとんどの場合が新規移入の少数個体から集団が形成されたことを示唆していた。いずれの分類群でも熱水噴出域あるいは冷水湧出帯に生息する分類群が他の系統から分岐した時期はずっと古いと考えられている。したがって各集団は、熱水噴出あるいは冷水湧出活動の発達と衰退に伴って移入・集団拡大と絶滅を繰り返している可能性が高い。つまり、各集団の遺伝的情報は、もっとも新しい熱水噴出あるいは冷水湧出の活動史を記録しているのかもしれない。

このように、生物の情報から熱水噴出および冷水湧出活動に関する情報を引き出せる場合がある。今後は、地球科学的研究と生物学的研究とを更に連携させ、相互にいろいろな情報を引き出せるのではないだろうか。