



Title	核遺伝子による系統解析とこれに基づく多足亜門の進化
Author(s)	宮澤, 秀幸
Citation	大阪大学, 2014, 博士論文
Version Type	VoR
URL	https://doi.org/10.18910/34044
rights	
Note	

The University of Osaka Institutional Knowledge Archive : OUKA

<https://ir.library.osaka-u.ac.jp/>

The University of Osaka

論文内容の要旨

	氏 名 (宮澤秀幸)
論文題名	核遺伝子による系統解析とこれに基づく多足亜門の進化
論文内容の要旨 多足類 myriapods は陸生の節足動物で、鋏角亜門 Chelicerata、甲殻亜門 Crustacea、六脚亜門 Hexapoda とともに多足亜門 Myriapoda として節足動物門 Arthropoda をなす。多足亜門はムカデ綱 Chilopoda (5目)、ヤスデ綱 Diplopoda (16目)、エダヒゲムシ綱 Pauropoda (2目)、コムカデ綱 Symphyla (1目) の4綱よりなり、これまでにおよそ18,000種が知られている。分子系統解析によって、多足類は単系統であり、六脚類と甲殻類よりなる汎甲殻類 Pancrustacea と姉妹群を形成することが明らかにされた。しかし、その内部の系統関係は明らかでない。形態に基づく研究からエダヒゲムシ綱とヤスデ綱が姉妹群をなすことが主張されてきた一方で、分子を用いた解析ではエダヒゲムシ綱はコムカデ綱と姉妹群となることが示唆されている。また、ムカデ綱とヤスデ綱はそれぞれ5目、16目よりなるが、これら目間の系統関係についても明瞭な結論は得られていない。そこで本研究では、綱レベル、目レベルの二つの階層における系統関係の解明を試みた。系統解析には3つの核タンパクコード遺伝子DPD1 (DNA polymerase delta catalytic subunit)、RPB1 (RNA polymerase II largest subunit)、RPB2 (RNA polymerase II second largest subunit) を用いた。計19種の多足類(多足亜門の4綱17目を含む) からこれら3つの遺伝子の塩基配列を決定した。これより推定したアミノ酸配列を用いて、鋏角類と汎甲殻類を含む11種の外群の配列を加え、最尤法 (ML: maximum likelihood) とベイズ法 (Bayesian inference) の2つの方法で系統解析を行った。 その結果、多足類の4綱の系統関係については、コムカデ綱が最初に分岐し、それ以外の3綱が単系統となることが強く示唆される結果が得られた。ムカデ綱とヤスデ綱内の目レベルの系統関係については、形態に基づくこれまでの仮説と矛盾せず、ヤスデ綱内では唇顎類 Chilognatha、前雄類 Helminthomorpha、畸顎類 Colobognatha の3分類群の単系統性が強く支持された。また、得られた樹形に基づいて脱皮変態様式の祖先形質復元を行ったところ、多足類の共通祖先は半増節変態を行っていたことが示された。現生の節足動物は4型の脱皮変態様式(真増節変態、半増節変態、完増節変態、整形変態)を持っており、節足動物門で広く見られる半増節変態は祖先的な様式であると考えられてきたが、本研究の解析結果はそれを裏付けるものである。さらに、4つの化石情報と本研究の系統解析の結果に基づいて多足類の分岐年代推定を行った。その結果、4綱の分岐はカンブリア紀初期からオルドビス紀初期の間で起きたと推定され、多足類の最初の分岐(コムカデ綱とその他の多足類との分岐)はカンブリア紀初期にまで遡ることが示唆された。ムカデ綱内部での分岐はデボン紀からペルム紀初期までの間に起きたことが示された一方、ヤスデ綱では分岐年代の幅がより広く、最初の分岐はオルドビス紀にまで遡り、最も近縁な2目の分岐は中世代の中期であると推定された。コムカデ綱2科の分岐は古生代にまで遡り、ムカデ綱とヤスデ綱の目間の分岐よりも古いことが示された。	

論文審査の結果の要旨及び担当者

氏 名 (宮澤 秀幸)		
	(職)	氏 名
論文審査担当者	主 査	招へい 教授 蘇 智慧
	副 査	教授 安永 照雄
	副 査	准教授 古屋 秀隆

論文審査の結果の要旨

宮澤秀幸君の学位論文は、タンパク質をコードする複数の核ゲノム遺伝子を用いて、多足類（多足亜門に属する動物）の系統関係を緻密に解析し、それに基づいて多足類の進化を考察したものです。材料としては、日本に分布している多足亜門4綱（ムカデ綱、ヤスデ綱、エダヒゲムシ綱とコムカデ綱）のすべての目（17目）からサンプリングを行い、計19種のサンプルを得ることができました。方法としては、得られたサンプルから3つの核遺伝子（DPD1: the catalytic subunit of DNA polymerase delta; RPB1とRPB2: the two largest subunits of RNA polymerase II）の解析を行い、そのアミノ酸配列を用いて最適なモデルに基づいた最尤法とベイズ法による系統解析を行いました。

その結果、綱レベルの系統関係についてはコムカデ綱が最初に分岐し残り3綱（ムカデ綱・ヤスデ綱・エダヒゲムシ綱）が単系統群（共通祖先から由来する）を形成することが明らかになりました。ムカデ綱とヤスデ綱内の目レベルの系統関係については形態に基づくこれまでの仮説と一致する結果になりました。また、4つの化石情報と系統解析に使用した配列情報に基づいた多足類の分岐年代推定を行った結果、多足類の綱間の分岐が起きたのはカンブリア紀初期からオルドビス紀初期と推定され、多足類の最初の分岐（コムカデ綱とその他の多足類との分岐）がカンブリア紀初期に遡ることが判明した。この結果はコムカデ綱が海で出現して、独立に陸上適応を果たしたことを示唆した。さらに、多足類の系統樹に基づく祖先形質の復元推定を行ったところ、多足類の祖先種は半増節変態を行っていたことが示され、体節数と脚の数が少なかったと考えられました。本研究の結果はいずれの点においても注目すべきであり、学術的価値が高いものであると考えます。

本論文は、多足類のすべての目のサンプルの収集から、データの取得、詳細かつ緻密な系統解析、学術的価値が高い結果と考察、いずれにおいても力作であり高く評価できます。よって、本論文は博士（理学）の学位論文として十分価値あるものと認める。