

(様式第3号)

## 論 文 要 旨

論 文 題 目 Population genetic study of broadcast-spawning corals  
in southwestern Japan

Due to anthropogenic impacts that include climate change, eutrophication of seawater, and coral disease, coral reefs are under serious threat around the world. From the point of view of the maintenance and recovery of coral populations, understanding the pattern of connectivity among local coral populations is crucial. Elucidation of detailed genetic population structures analyzed by genetic markers is effective to estimate the connectivity of local coral populations. I attempted to apply microsatellite markers developed for other coral species to my target broadcast-spawning coral species, *Acropora digitifera* in addition to developing a novel microsatellite marker. By using these microsatellite markers, I analyzed connectivity of local populations of *A. digitifera* in small (Sekisei Reef) and wide (Nansei Islands) geographic scales. The extent of genetic differentiation of *A. digitifera* in these regions was small and there was no relationship between geographic distances and genetic differentiations in *A. digitifera* in the Nansei islands. Results of assignment test also suggested that larval recruitments have been occurred among many local populations. Further, isolation-by-distance (IBD) was detected in the large geographic scale. Therefore, dispersal distance of *A. digitifera* was concluded to be as long as through whole Nansei Islands. Reproduction mode of this species, *i. e.* broad-casting spawner, appears to contribute to the great dispersal distance. I also found distinct genetic differentiation between *A. digitifera* and *Acropora* sp. 1, which is cryptic species of *A. digitifera* and occurred sympatrically with *A. digitifera*, in the Nansei islands. Although these two species carry out simultaneously annual intraspecific or interspecific mass-spawning, spawning period of *Acropora* sp. 1 is two months later than that of *A. digitifera*. Reproductive isolation due to different spawning months likely resulted in genetic differentiation, or speciation, of these sympatric species. Ancestor of *A. digitifera* and *A. sp. 1* were assumed to be the same, and the reason why the different reproduction period was evolved is not cleared. Future investigation of genes involved in reproduction period using EST database may resolve this question.

氏 名 中島 祐一

平成21年2月16日

琉球大学大学院  
理工学研究科長 殿

論文審査委員

主査 氏名 土屋 誠  
副査 氏名 日高 道雄  
副査 氏名 広瀬 裕一  
副査 氏名 酒井 一彦



学位（博士）論文審査及び最終試験の終了報告書

学位（博士）の申請に対し、学位論文の審査及び最終試験を終了したので、下記のとおり報告します。

記

申請者	専攻名 海洋環境学 氏名 中島 祐一 学籍番号 <span style="background-color: black; color: black;">XXXXXXXXXX</span>
指導教員名	土屋 誠
成績評価	学位論文 <span style="border: 1px solid black; border-radius: 50%; padding: 2px;">合格</span> 不合格 最終試験 <span style="border: 1px solid black; border-radius: 50%; padding: 2px;">合格</span> 不合格
論文題目	Population genetic study of broadcast-spawning corals in southwestern Japan 日本南西部の放卵放精型サンゴの集団遺伝学的研究
審査要旨（2000字以内）	<p>南西諸島ではサンゴが、様々な攪乱により減少し続けている。サンゴの保全と回復の課程を理解する上では、個体群間の遺伝的なつながりを解析することが不可欠である。本研究ではマイクロサテライトマーカーを用い、集団遺伝学的手法で、南西諸島における放卵放精型のミドリイシ属サンゴの、遺伝子流動と幼生加入パターンの推定を行った。</p> <p>まず、南西諸島において普通種のひとつであるコユビミドリイシの、マイクロサテライトマーカーの開発に取り組んだ。本研究では、コユビミドリイシから新規マーカーを1種類開発した。しかし、集団の解析に必要なマーカー数には至らなかったため、近縁の他種で</p>

### 審査要旨

開発されたマーカー15種類がコユビミドリイシでも利用可能であるか検討し、この15種類のうち5種類がコユビミドリイシに利用可能であった。さらに、これらの計6種類のマーカーは、コユビミドリイシの隠蔽種である *Acropora* sp. 1にも利用可能であることが判明した。

次に石西礁湖において、環境省が示した粒子拡散シミュレーションから、石西礁湖の南北間でサンゴの遺伝子流動の程度が小さいという仮説を立て、6種類のマイクロサテライトマーカーを用いて、サンゴの局所的な遺伝子流動の把握と幼生加入パターンの推定を行った。石西礁湖内で6地点を選定し、コユビミドリイシから群体片を採取し、マイクロサテライト領域の遺伝子型を検出した。地点毎の対立遺伝子数と対立遺伝子頻度より平均ヘテロ接合頻度を求め、遺伝的分化係数  $F_{ST}$  から評価される遺伝子流動の程度を調べた。さらに、アサインメントテストによる地域間の幼生加入の有無を推定した。その結果、全地点間の  $F_{ST}$  は0.01程度の低い値であり、石西礁湖内のコユビミドリイシは遺伝子流動の程度は高く、拡散シミュレーションから推定されるような交流パターンは見られなかった。さらにアサインメントテストの結果から、石西礁湖外の海域からも幼生加入があることが推測された。

さらに南西諸島全域における遺伝的分化の程度とヘテロ接合性を、上記の解析方法で調べた。その結果南西諸島全域でも、コユビミドリイシの遺伝的な分化の程度は低く、さらにヘテロ接合性が高緯度海域で減少することはなかった。緯度が限定要因にならないため、コユビミドリイシは高い分散能を持ち高緯度海域に比較的短期間で加入できると思われる。

南西諸島にはコユビミドリイシと、同種に形態がよく似る *Acropora* sp. 1が同所的に生息する。これらの2種は、以前は同種と考えられていたが、配偶子の成熟時期の差と形態的差異により、*Acropora* sp. 1はコユビミドリイシの隠蔽種であることが示唆されている。本研究ではこれらの2種間で、遺伝的分化が見られるかどうかを検証するために、上記の6種類のマイクロサテライトマーカーによる集団遺伝学的解析を行った。コユビミドリイシと *Acropora* sp. 1が同所的に生息している慶良間諸島阿嘉島の砂白において、それぞれ約40群体のサンゴ片を採取して遺伝子型を調べ、遺伝子型を元にコンピュータープログラムであるSTRUCTUREで、種間での遺伝的集団構造を比較した。その結果、2種間で明らかな遺伝的分化が見られた。また、これらの2種は種レベルで分化しているものの、マイクロサテライト領域の相同性が極めて高く、遺伝的には非常に近いと考えられる。

審査は規則に則し、公正に実施した。予備審査においては、提出された原稿が博士学位論文に値する内容であるかを、審査員全員が原稿を熟読し、検討した。その結果提出された原稿に対して、多くの改良すべき点を審査員が指摘し、申請者が、不明な点は直接審査委員と議論して原稿を改良し、改訂稿を提出した。改訂稿を審査員全員で再度熟読し、改訂稿が博士学位論文に値する内容であるという結論に達した。また公表した学術論文の質と数が基準を満たしていることを確認した。さらに口頭発表による最終試験を実施した結果、申請者は学位論文の内容を的確に発表し、質問に対しても適切に答えたため、審査員全員一致で、申請者が博士学位を取得するに値する能力を有すると判断し、合格と判定した。