

論 文 要 旨

Abstract

論文題目

Title Population genetics and taxonomic study of laticaudine and hydrophiine sea snakes in the islands of East Asia

This study is divided into two main parts, concerning two different groups of sea snakes, namely laticaudine sea kraits (Elapidae: Laticaudinae) and hydrophiine sea snakes (Elapidae: Hydrophiinae). First, sequences of mitochondrial cytochrome *b* gene were examined to infer the population genetic structures among the amphibious, laticaudine sea kraits, *Laticauda laticaudata* (n=136) and *L. semifasciata* (n=177), in the Ryukyu-Taiwan region. The results of the molecular analyses revealed a total of 4 (Lati-1 to 4) and 16 (Semi 1 to 16) haplotypes for *L. laticaudata* and *L. semifasciata*, respectively. The pairwise *F_{ST}* values revealed distinct genetic structures between subregions, suggesting that deep waters serve as obstacles for dispersal and gene flow in both species. In *L. laticaudata*, the results of the analysis of molecular variance (AMOVA) further revealed genetic structures among islands within the same subregion, suggesting differences in dispersal abilities and terrestrial affinities between the two laticaudine species. Based on these findings, the mitochondrial cytochrome *b* sequences obtained from putative migrants, including one specimen of *L. laticaudata* from Yamaguchi Prefecture and 2 specimens *L. semifasciata* from Oita and Mie Prefectures, confirmed the occurrences of accidental drifters, most probably transported to the main islands of Japan by the Kuroshio Current.

Secondly, genetic assessments were conducted to resolve taxonomic confusions and verify the taxonomic status of 2 species of hydrophiine sea snakes, *Hydrophis melanocephalus* and *H. cynocinctus*, in the Ryukyu Archipelago. Mitochondrial cytochrome *b* sequences obtained from *Hydrophis* spp. specimens from the Central and Southern Ryukyus, and Thailand (n=37) were compared with published sequences from DDBJ/EMBL/GenBank and a phylogenetic tree was constructed. The results revealed two separate taxonomic entities in the Ryukyu Archipelago. Base on the molecular results, examinations of external morphological characteristics revealed overlapping trends, suggesting that these characteristics are unsuitable for distinguishing the two clades in the Ryukyus and examinations of additional morphological characters are needed.

Name Tadavaniti Nontivich

2013年 8月 12日

琉球大学大学院
理工学研究科長 殿

論文審査委員
主査 戸田 守
副査 今井 秀行
副査 Reimer, J. D.
副査 太田 英利



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 海洋環境学専攻 氏名 Tandavanitj, Nontivich 学籍番号	
指導教員名	戸田 守	
成績評価	学位論文 <input checked="" type="radio"/> 合格 <input type="radio"/> 不合格	最終試験 <input checked="" type="radio"/> 合格 <input type="radio"/> 不合格
論文題目	Population genetics and taxonomic study of laticaudine and hydrophiine sea snakes in the islands of East Asia (東アジア産エラブウミヘビ亜科とウミヘビ亜科を対象とした集団遺伝学的解析と分類に関する研究)	
審査要旨 (2000字以内)	<p>エラブウミヘビ亜科とウミヘビ亜科はそれぞれ独立に陸生のコブラ科から派生し、2次的に海洋環境に進出したグループで、インド洋と太平洋の熱帯・亜熱帯域に広く分布している。海洋に進出したことで様々な形態学的・生態学的進化を遂げ、さらに各種の地理的分布も大きく変化してきたと考えられるため、近年、その系統や分類、あるいは生態について盛んに研究されている。それらの研究は、主としてオーストラリアや南太平洋海域の種、あるいは東南アジアの種・個体群を対象になされてきている。</p>	

(次頁へ続く)

審査要旨

琉球列島は2つの亜科の双方で分布の南北限となっており、これらのグループの生物学的特性やその進化史について研究するには興味深い地域となっているが、これまでこの地域のウミヘビ類を対象に行われた研究は極めて限られている。

こうした背景の中、申請者は初めて DNA 塩基配列情報を指標として琉球列島・日本近海に分布するエラブウミヘビ亜科とウミヘビ亜科の集団構造の解明と、それを手掛かりとした分類の再検討に取り組んだ。エラブウミヘビ亜科2種を対象とした研究では、おのおの種が琉球列島全域に分布するにも関わらず、集団が地理的に構造化していることを示し、さらに2種の間でその構造のパターンに明確な差異が見られたことから、分散特性と、集団形成の歴史の双方に種間差があることを示した。次に、繁殖地は知られていないものの、これら2種が日本本土でも時折記録されることに着目し、そういった個体の起源を調べるため、同じく分子情報を用いた研究に取り組んだ。その結果、日本本土沿岸で発見される個体のなかには、隣接する北琉球からではなく、より離れた琉球列島中南部あるいはさらに南の地域から分散してきた個体もあり、黒潮によるエラブウミヘビ類の長距離分散を初めて実証的に示した。この結果は、エラブウミヘビ類の集団が黒潮の流程に沿って位置する琉球列島内で地理的に構造化しているという上記の結果と一見して矛盾することから、これらのウミヘビ類は一端黒潮に乗ってしまうと通常は途中で流れから離脱することが難しく、実質的な遺伝子流動に寄与しないという考えを導き出した。

ウミヘビ亜科に関する研究では、分類学的な扱いについて未解決な点が残る琉球産のマグラウミヘビとクロガシラウミヘビを対象に、ミトコンドリア DNA の塩基配列変異分析と形態形質の変異分析を行い、両者の関係を見直した。その結果、琉球産の標本は、この地域に特有な塩基配列を持ちながら、全体として互いに大きく異なる2群が含まれること、多くの形態形質で、全体を一種とみなすには大きすぎる変異があることから、やはり、2種が混在していると考えられることを示した。ただし、調べた標本群における形質変異のパターンは非常に複雑で、ミトコンドリア DNA のほうでも種を越えた遺伝子浸透の可能性が排除できなかったため、2種の形態的な違いを明確に再定義するには至らず、この点に関しては今後課題を残した。

これらの研究は、対象種・集団がグループ全体の北限に位置することによる生物学的意義に加え、琉球のエラブウミヘビ類が漁業的に利用されながら近年著しく数を減らしており、その保全策の必要性が指摘されていること、ウミヘビ亜科の分類が咬傷を通じた疫学的観点からも重要視されることから、多くの分野に影響を及ぼすものと評価できる。このように申請者の学位申請論文は、得られた結果の示す基礎生物学的、応用生物学的示唆の新規性・関連研究分野への波及効果などから考えて、十分に学位論文に値すると認めることができる。また、本研究の成果の一部は既に2編の論文として査読付きの国際学術誌に発表されており、申請者は十分な研究遂行能力を身につけているとみなされる。

最終試験（博士論文発表会、平成25年8月9日）において質疑を行ない、その後審査委員会で審議を行った。外部審査委員の太田英利教授は、諸事情により審査会に直接出席できなかったが、講評の提出によって申請論文を審査するかたちをとった。さらに最終試験の質疑の内容を太田教授に報告し、審査会で審議した結果、本審査論文が学位（博士）論文として十分な内容を備えていると判断し、全員一致で最終試験・学位論文ともに合格と決定した。