

最終試験結果の要旨

| | | | |
|------|-------------|--------|-------|
| 報告番号 | 理工研 第 463 号 | 氏名 | 大窪 和理 |
| 審査委員 | 主 査 | 富山 清升 | |
| | 副 査 | 佐藤 正典 | 宮本 旬子 |
| | | 相場 慎一郎 | |

平成31年1月29日 14:30より鹿児島大学共通教育棟4号館2階322教室において、主査、副査、その他、12名の参加者を得て、学位論文の本審査が開催された。論文内容に関する発表が行われ、引き続き、論文内容に関する質疑応答が行われた。質疑応答に関しては、いずれの質問に関しても概ね的確な回答が行われた。以下に行われた質疑応答のうち主要な項目に関して、それぞれその要旨を記述する。

【質問1】殻の分析において、サイズそのものがクライインをして分布するような事例はなかったのか。

【回答1】それは、学術雑誌に投稿した論文内容の主要テーマである。本属の種であるヤマタニシは鹿児島県本土では、殻サイズの著しい種内変異を示すが、明確なクライインは認められず、個体群間のサイズ形質の変異は極めてランダムであった。大隅諸島においても島嶼的矮小化や巨人化も認められなかつた。

【質問2】今回は進化的な遺伝的背景に基づく変異を意識した研究であったが、環境変異はないのか。

【回答2】殻の形態が生息環境によって収斂的な変異を示す可能性は排除できないが、同じ島嶼の極めて異なる生息環境に分布する個体群が同じであつたり、似たような環境に生息するが産地が異なる個体群どうしは似ていない等、環境変異の可能性は低い。ミトコンドリアDNAの塩基配列の環境収斂現象はまずあり得ない。

【質問3】殻の分析で、正準判別分析の結果では、Kameda式測定法やUrabe式測定法では、集団間の分離が明確でないのに、Tomiyama式測定法では集団間や種間の分離がシャープなのは何故か。

【回答3】Tomiyama式測定法は、他の2種類の方法に比べ、サイズ形質や比率形質、角度形質以外の色形質や模様形質などの多様な形質も測定しているためだと思われる。本研究によって、Tomiyama式測定法が、軟体動物の殻形態の比較において有用な手法だということが示唆されたため、この問題を掘り下げる必要性がある。

【質問4】mtDNA分析で1つの集団から何個体のサンプルを用いたのか。集団内変異はなかつたのか。

【回答4】1つの集団から10個体をランダムにサンプルとして抽出し、mtDNA分析に用いた。他の研究例では、同じ集団から異なったハプロタイプが検出された事例もあるが、本研究においては、同一集団に属す個体はすべて同じハプロタイプを示した。

【質問5】mtDNA分析で、ボトルネック・エフェクトは検出されなかつたのか。すなわち、個体群サイズの小さな集団では個体群内変異が少なく、大きな集団では変異が大きくなる傾向があるのでないか。

【回答5】まず、本研究は、そのような集団遺学的な分析が目的ではない。また、mtDNAの塩基配列の比較は、集団遺伝学的な分析にはあまり向いていない。ボトルネック・エフェクトや個体群内変異を検出したいのであれば、SSR（シングル・シークエンス・リピート）遺伝子部位を用いる等、別の手法を用いる必要があるが、その分析の目指すところは、本研究の目指す目的とは大きく異なつてゐる。

【質問6】mtDNA分析に用いた、PCR增幅のためのプライマーは何を用いたのか。

【回答6】mtDNAの遺伝子部位の中で、COI領域や16S領域は動物界の各種分類群において広く用いられている遺伝子部位である。分類群によつては、mtDNAの遺伝子部位であつても、独自にプライマー設計をする必要性が出てくる事例もあるが、本研究で用いた分類群では、広く用いられている汎用性のあるプライマーでもPCR增幅が可能であった。したがつて、独自プライマーを設計する必要性はなかつた。

以上の結果より、4名の審査委員は、申請者が博士（理学）の学位を授与するに値する学力を有すると判定した。