

配偶体の生長適温および上限温度は、これら3種の水平分布を規制する要因とは考えられない。

3種配偶体の成熟適温は、それぞれ異なった温度特性を示した。ワカメ配偶体の成熟適温は、水温10–15°Cであった。一方、ヒロメ配偶体の成熟適温は、20–21°Cであった。この時期の各生育地の海水温は、本研究で得られたワカメとヒロメ配偶体の成熟適温とほぼ一致していた。また、ワカメ胞子体の生育温度範囲は5–27°Cであり、ヒロメ幼胞子体の生育温度範囲は15–26°Cと生育下限温度に10°Cの差があった。この時期の各生育地の海水温は、本研究で得られたワカメとヒロメ幼胞子体の生育温度範囲とほぼ一致していた。

三重県におけるワカメとヒロメの分布は、麦崎にて北がワカメ、南にはヒロメが分布している。そこで、ワカメの分布およびヒロメの分布がそれぞれ南および北へ拡大しない要因を次のように考えた。ワカメ配偶体の成熟適温は、水温10–15°Cであり、ワカメ配偶体の成熟盛期である10–12月の浜島沖の海水温は22.7–19.1°Cの範囲である。よって浜島沖でワカメ雌性配偶体は海水温が高いため成熟できない。また、ヒロメの分布する三重県浜島沖の12月の水温は生育下限温度である15°C以下にならない。しかし、ワカメの分布している同県伊勢湾口では12月の海水温が7.9°Cである。よって伊勢湾口ではヒロメ幼胞子体は海水温が低いため生育できない。本研究では、生活史全体の上下限温度を精査することに

よってワカメとヒロメの水平分布を決定することができた。特に、冬の最低温度15°Cがワカメとヒロメの分布に大きく関与していることが明らかとなった。

アオワカメの配偶体の生長・成熟および幼胞子体の生長適温や生育上・下限温度は、ほぼワカメと一致していた。したがって、アオワカメの分布は局所的ではあるが、ワカメとほぼ一致している。しかし、アオワカメは比較的浅所に生育するワカメやヒロメと異なり、深所にのみ生育している。そこで、アオワカメとワカメ、ヒロメの垂直分布を規制する要因として本研究では、紫外線に注目した。紫外線耐性はワカメが最も高く、次いでヒロメであった。アオワカメの紫外線耐性が最も低かった。アオワカメ幼胞子体の紫外線耐性の上限值すなわち生育上限水深での紫外線強度は、 0.3W m^{-2} であり、本研究で調査した浜島沿岸における水深5mの紫外線強度とほぼ一致した。よって、アオワカメの生育上限は紫外線によって規制される。

本研究の結果から、ワカメ属3種の水平分布および垂直分布を限定する要因について、それぞれの種の配偶体および幼胞子体の温度特性、幼胞子体の紫外線耐性すなわち光特性の両面から総合的に考察することができた。本研究の方法とその成果は、陸上植物に比べてかなり遅れている生理生態学的な基礎研究に新たな観点からの貢献ができたと考えられる。

生物資源開発科学専攻

氏名	Rubens Norio Tomita
学位記番号	生博 甲第152号
学位記授与の日付け	平成16年3月25日
学位論文題目	Genomic Analysis of Self-incompatibility Locus in <i>Ipomoea</i> (<i>Ipomoea</i> 属植物における自家不和合性遺伝座のゲノム解析)
論文審査委員	主査 教授・神山 康夫 教授・橘 昌司 教授・久能 均 助教授・掛田 克行

要 旨

ヒルガオ科の *Ipomoea* 属植物が有する胞子体型自家不和合性は、単一遺伝子座 (S 遺伝子座) の複対立遺伝子によって支配されている。この S 遺伝子座には、雌蕊

で発現する遺伝子と雄蕊で発現する遺伝子の少なくとも2種類の遺伝子がコードされており、これらの遺伝子は単一のユニットとして遺伝する。本研究では、自家不和合性に関わる遺伝子を同定しその分子機構を明らかにす

ることを目的として、S 遺伝子座をカバーする遺伝地図を構築するとともに、マップベースクローニング法によりゲノムクローンを単離・同定して、S 遺伝子座のゲノム構造を解析した。まず最初に、S 遺伝子座周辺の遺伝地図を構築するために、S 遺伝子座と遺伝的に連鎖している DNA マーカーを作出した。このため、4 種類の S 遺伝子型が分離する交雑後代 (873 固体) の集団からゲノム DNA を抽出し、各遺伝子型ごとにバルク化して AFLP (amplified fragment length polymorphism) 分析を行った。またこれら個体集団から、開花前日の雌蕊 (柱頭) と雄蕊 (葯) から mRNA を単離し、AMF (AFLP-based mRNA fingerprinting) 分析を行った。これらの分析から、S 遺伝子型と共分離する 8 種類の DNA マーカーが同定され、RFLP (restriction fragment length polymorphism) 分析によるマーカーのマッピングによって、S 遺伝子座周辺の精密な遺伝地図が構築された。またこれら DNA マーカーのなかで、AAM-68 マーカーは S 遺伝子座に対して 0cM で最も緊密に連鎖していることを明らかにした。次に、S 遺伝子座領域のゲノ

ム解析を行うため、約 4 万クローンから成る BAC (bacterial artificial chromosome) のゲノミックライブラリーを作成し、S 遺伝子座と緊密に連鎖している DNA マーカーを用いて BAC ライブラリーのスクリーニングを行った。その結果、S 遺伝子座をカバーする約 600kb のコンティグを得ることに成功し、更なる RFLP 分析によって S 遺伝子座の範囲を 0.57cM (約 300kb) に絞り込むことができた。この約 300kb をカバーするゲノミッククローンについて、ショットガン法により全塩基配列を解読した。解読された塩基配列データから、このゲノム領域には 43 個の遺伝子がコードされていると推定され、データベース検索によって 25 個の遺伝子が機能の明らかな遺伝子と相同性を示した。しかしながら、今までにアブラナ科やナス科などで同定されている自家不和合性遺伝子とは全く相同性が認められていないことから、ヒルガオ科の自家不和合性には他の植物とは異なるユニークな機構が関与していることを、本研究は明らかにした。

生物圏保全科学専攻

氏名	Monthon Ganmanee
学位記番号	生博 甲第 153 号
学位記授与の日付け	平成 16 年 3 月 25 日
学位論文題目	Ecological studies on megabenthos communities, particularly the asteroid <i>Luidia quinaria</i> , in Ise Bay, central Japan (伊勢湾のメガベントス群集の生態学的研究、とくにスナヒトデについて)
論文審査委員	主査 教授・関口 秀夫 教授・伊澤 邦彦 教授・大竹 二雄

要 旨

一般に沿岸域および内湾の海洋底生生物の個体群の季節・年変動は著しく、これは主として顕著な環境変動に起因して生じていると考えられている。伊勢湾のメガベントスはその密度や生物量に顕著な季節・年変動を示す。伊勢湾では、富栄養化の進行にともなって、夏季に底層の溶存酸素量の急激な減少、すなわち貧酸素域の発達を観察されており、この貧酸素域の消長がメガベントスの変動の駆動要因のひとつであると想定されている。

伊勢湾のメガベントスに関する長期間にわたる採集試料にもとづけば、スナヒトデは伊勢湾のメガベントスの中で優占種のひとつである。伊勢湾の貧酸素域の消長と関連させて、伊勢湾の代表的なメガベントスであるスナヒトデの生態を研究し、その研究成果を博士学位論文としてまとめた。博士学位論文は次のように構成されている。

学位論文の題目：伊勢湾のメガベントス群集の生態学的研究、とくにスナヒトデについて