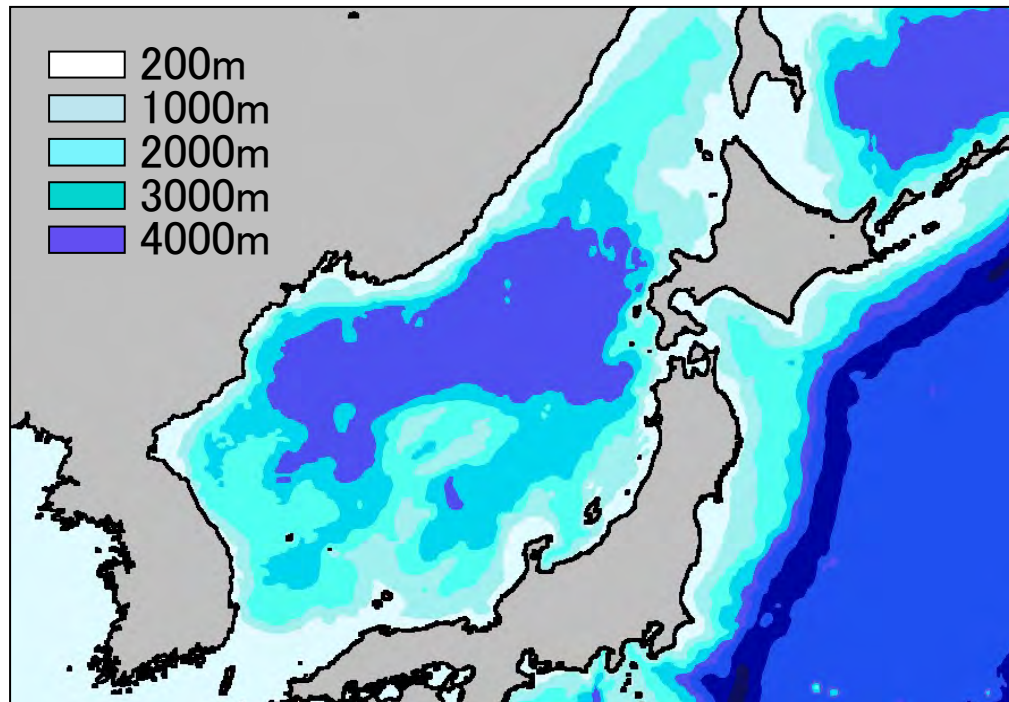


遺伝子解析手法による日本海生物群集の 多様性・連結性評価に関する研究

井口 亮 (Akira Iguchi)
産業技術総合研究所・地質情報研究部門

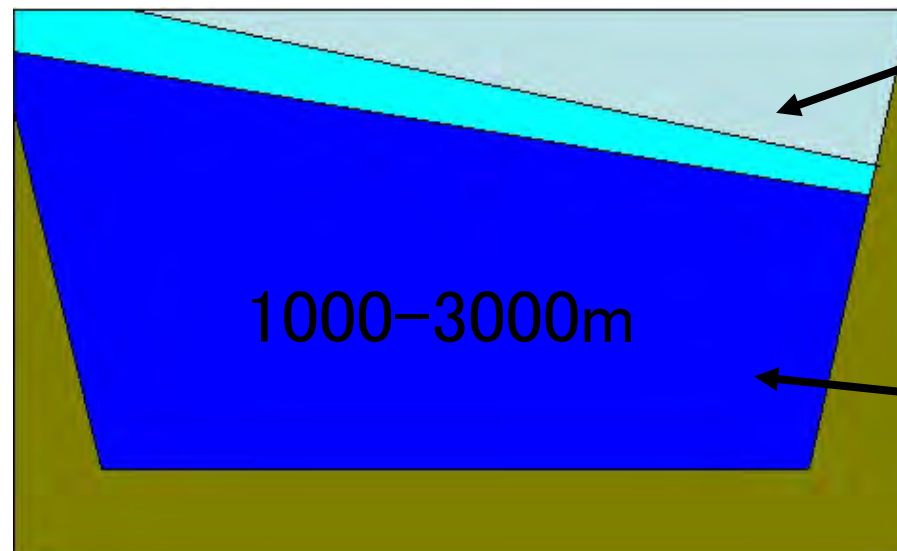
※本研究は経済産業省のメタンハイドレート 開発促進事業の一部として実施しました。

日本海の特徴的な海洋環境



浅く狭い海峡で
囲まれた縁海

階層的な水塊構造



対馬暖流水

200-300m

日本海固有冷水
低温(約 1°C)
低塩(34.1‰)

日本海の特徴的な生物群集

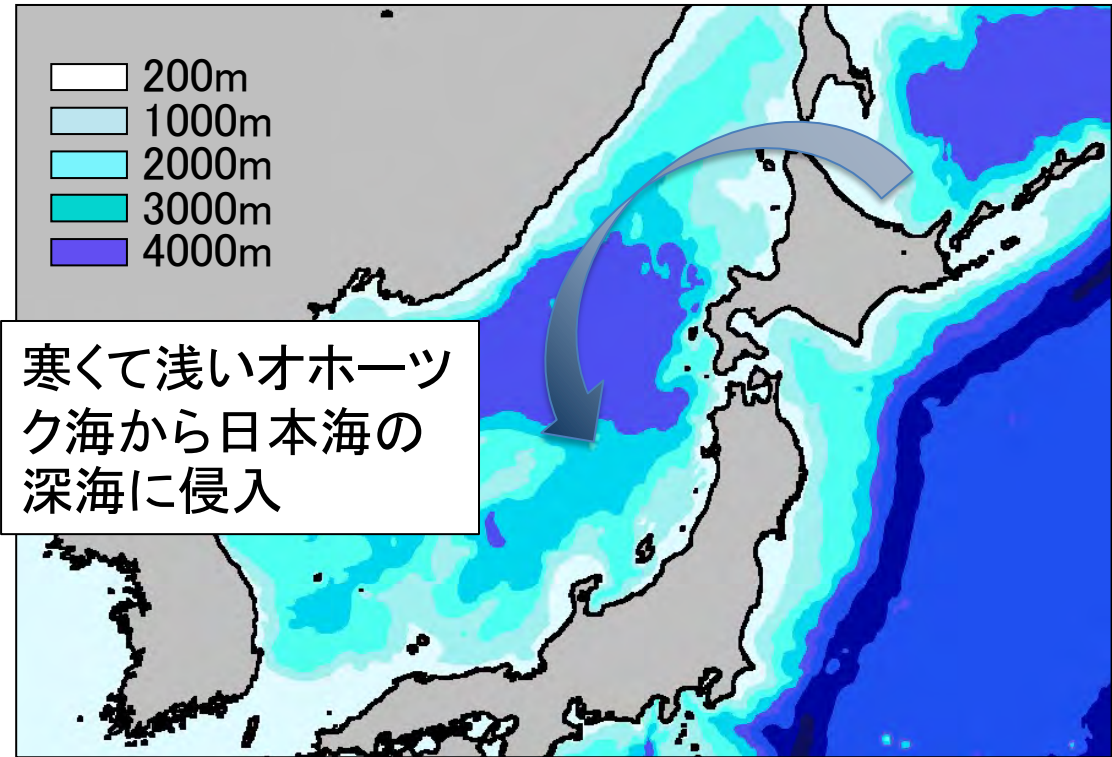


ベニズワイ

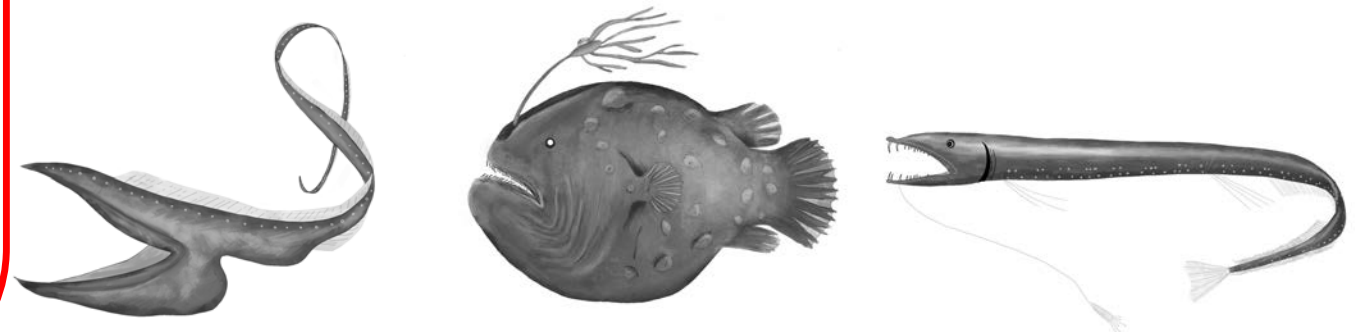


バイガイ

二次的深海生物



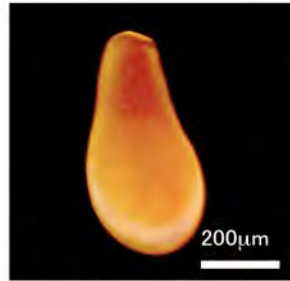
寒くて浅いオホーツク海から日本海の深海に侵入



一次的深海生物

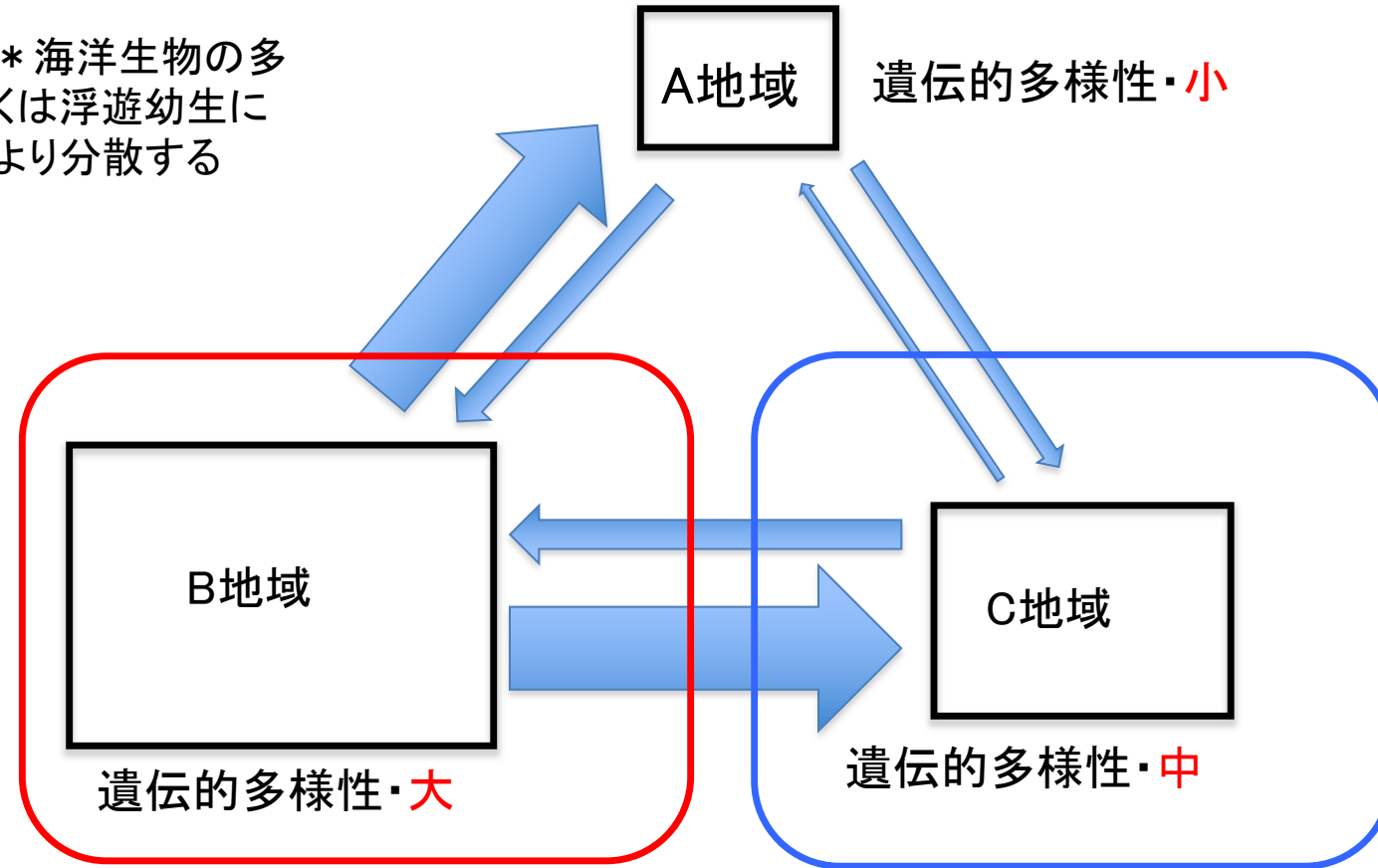
生物群集特性：連結性と多様性

枠の大きさは遺伝的多様性の大きさ
矢印の太さは交流の大きさ



サンゴのプラヌラ幼生

* 海洋生物の多くは浮遊幼生により分散する

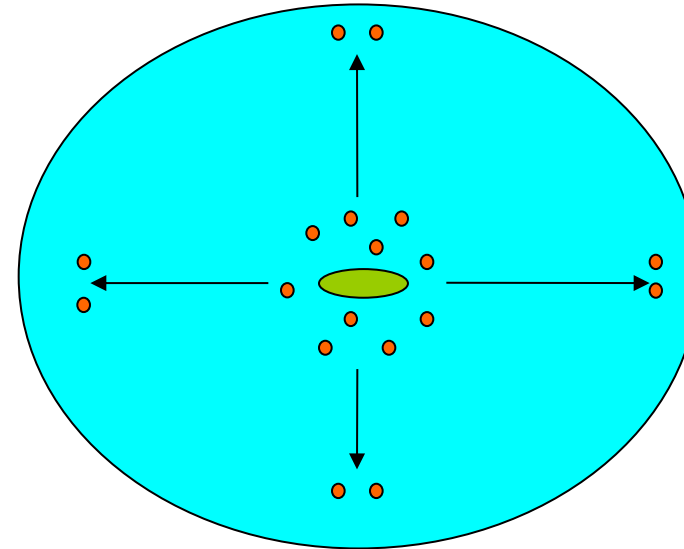
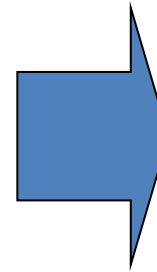


地域間の連結性を把握することで開発の影響が比較的少ない地点を選定できる

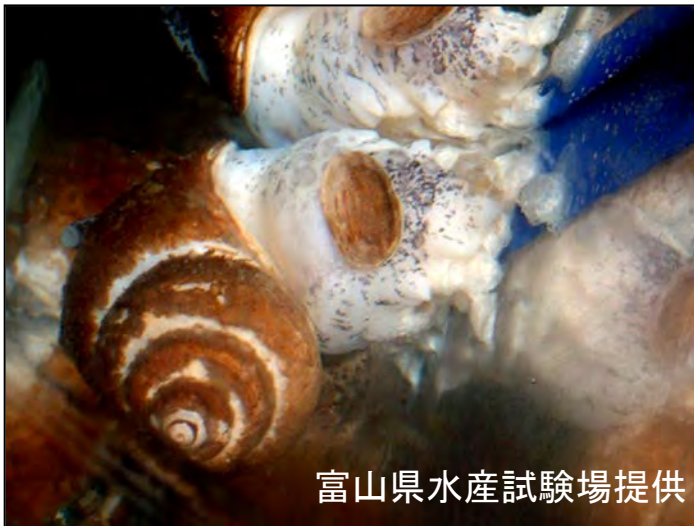
分散能力は生物種によって大きく異なる



浮遊幼生

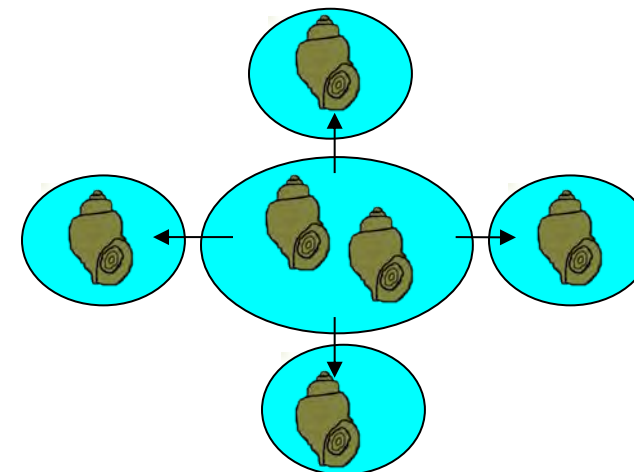


分散能力高い



富山県水産試験場提供

直達発生



分散能力低い

重要な水産資源である深海性腹足類



エゾバイ属 (*Buccinum*)

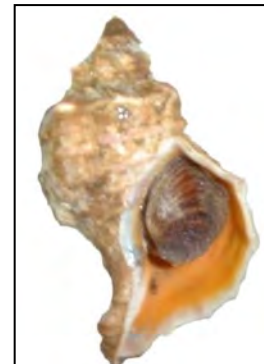


ツバイ



カガバイ

エゾボラ属 (*Neptunea*)



エゾボラ



チヂミエゾボラ

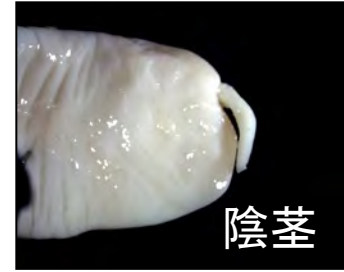
生息水深: 200-1500m

形態による種同定の難しさ



最も優占する種

ツバイ



ミヤウチバイ



アニワバイ



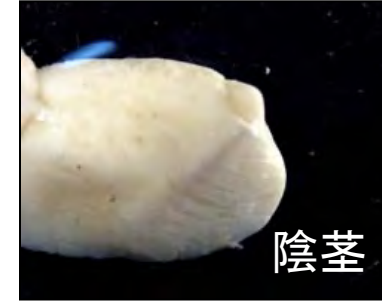
エッチュウバイ



カガバイ



オオエッチュウバイ



陰茎

アニワバイグループ

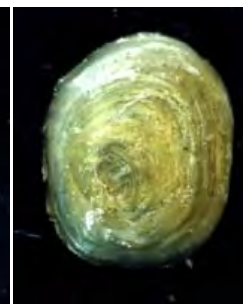
ヒモマキバイ
グループ



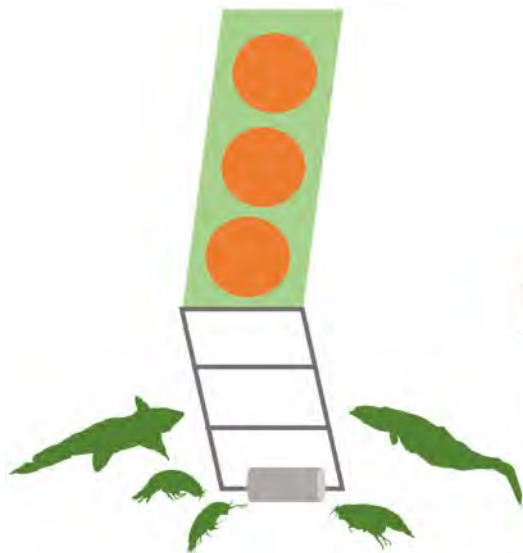
ヒモマキバイ



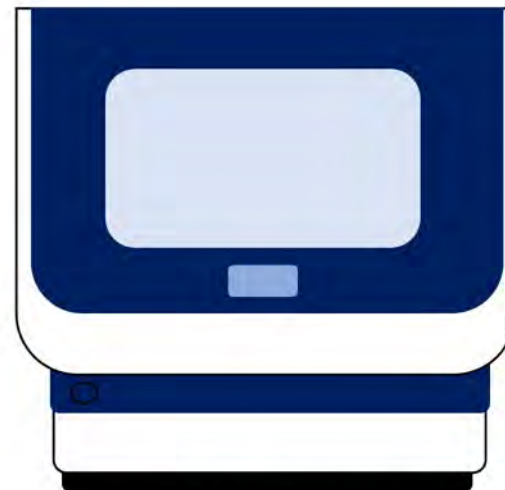
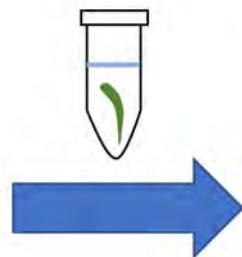
シライトマキバイ



蓋、歯舌に違いは見られない



ベイトトラップ等で生物を採取



DNA情報の取得

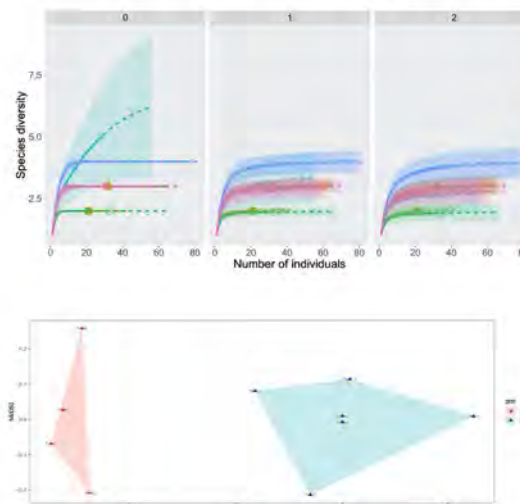
1...AAGGTTCCCGGG...
2...AAGGTTCCCGAG...
3...AGGGTTCCCGGG...
4...AAGGTTCCCGAG...
5...AGGGTTCTCGGG...

DNA情報の処理

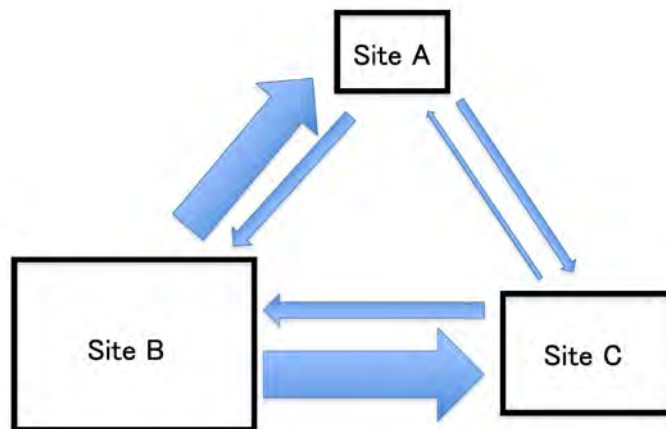


	species1	species2	species3	species4	species5
1					
2	Place1	8	8	15	0
3	Place2	10	0	11	0
4	Place3	12	9	12	0
5	Place4	0	13	20	0
6	Place5	0	1	14	1
7	Place6	0	0	13	8
8	Place7	0	0	14	8
9	Place8	0	0	11	12
10	Place9	0	0	0	10
11	Place10	0	0	10	0

MOTU行列の用意



遺伝的多様性・連結性解析の実施

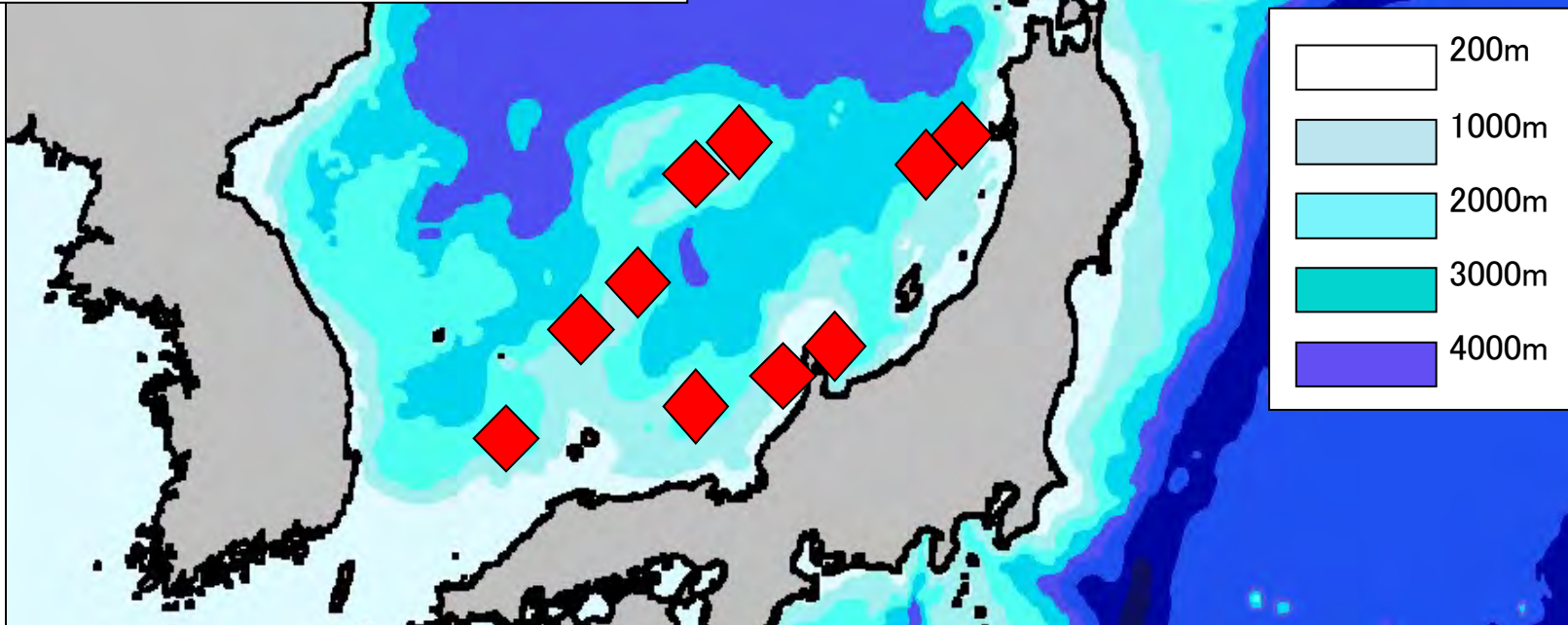


集団遺伝解析の実例

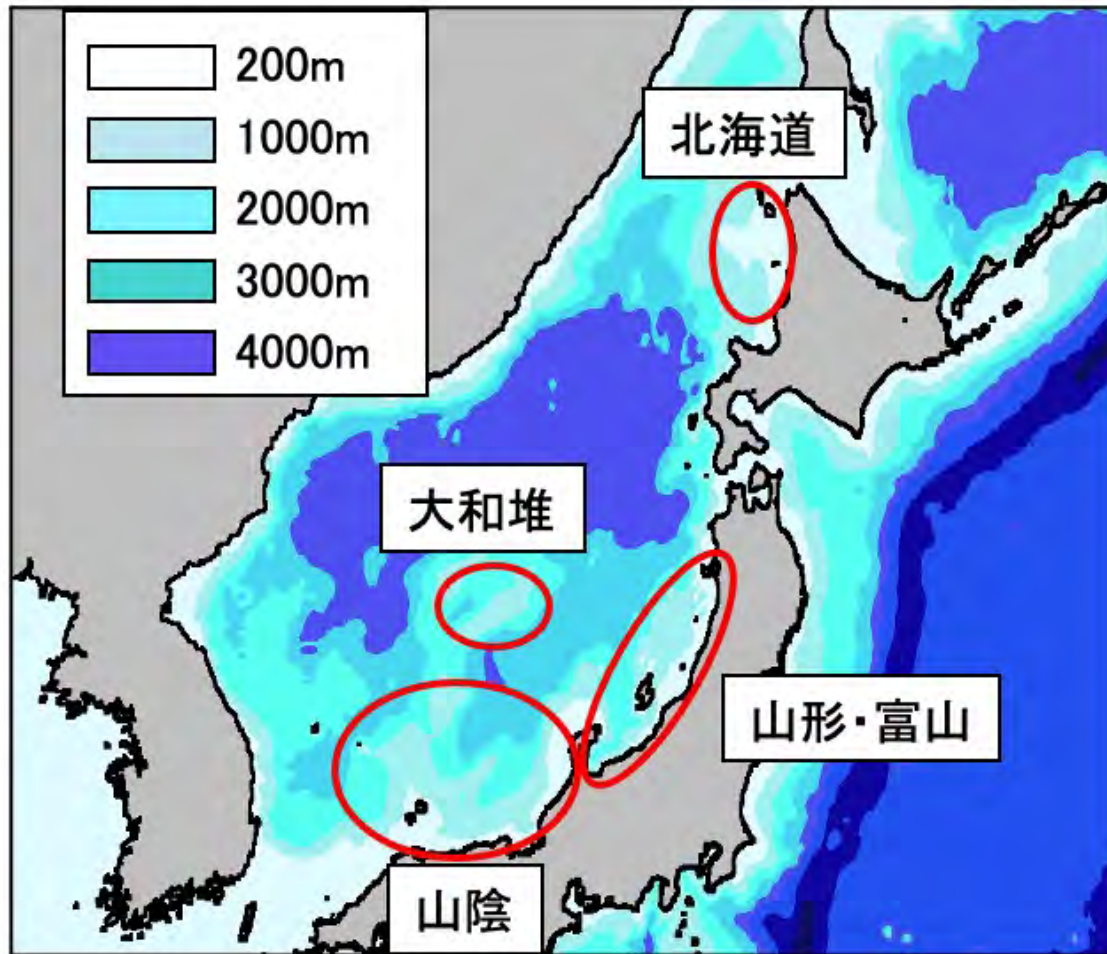


◆ 採集地点

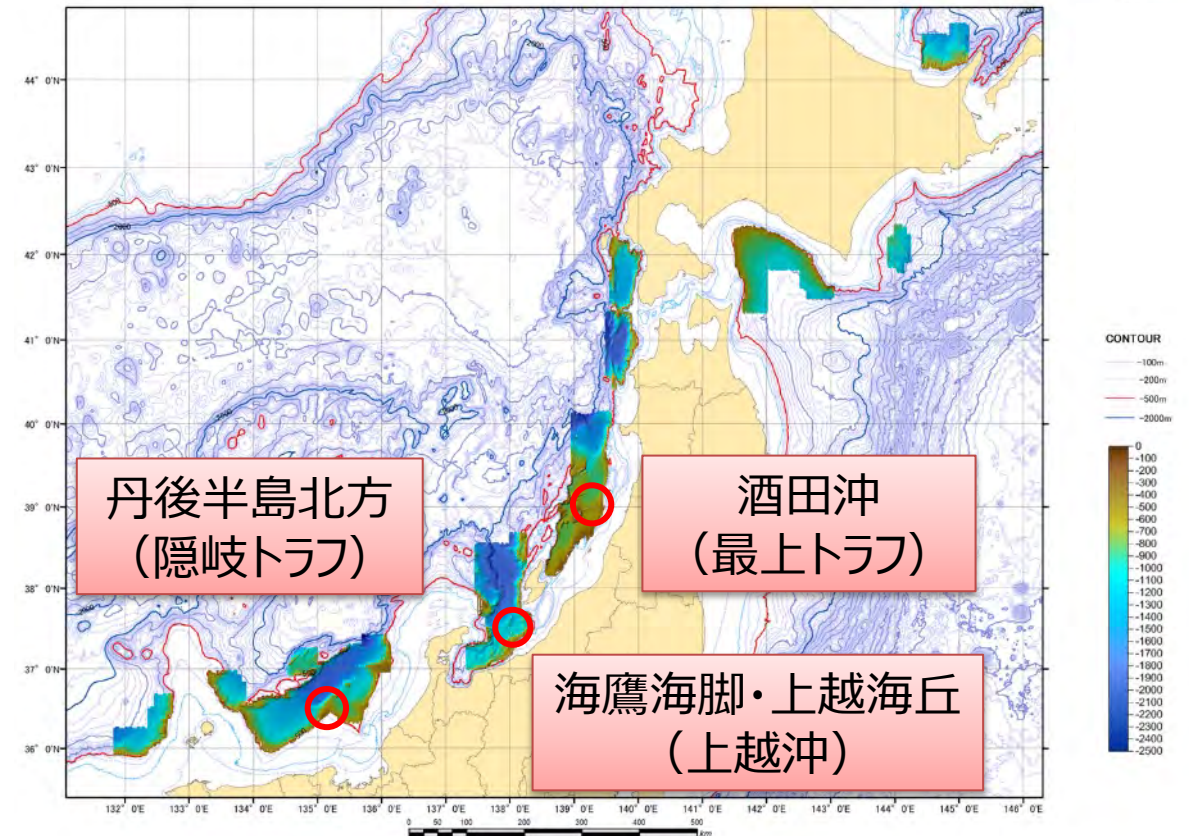
ツバイ
生息水深: 200-1355 m



ツバイの地域集団と現在の調査海域との対応関係



海洋調査・海域環境調査の実施予定海域



海底地形（着色部）は、広域地質調査(2013～2015)実施海域

庄内沖と上越沖内では分散能力の低いバイ類でも長期的には遺伝的交流が期待できる

山形県酒田沖でのベイトトラップの設置



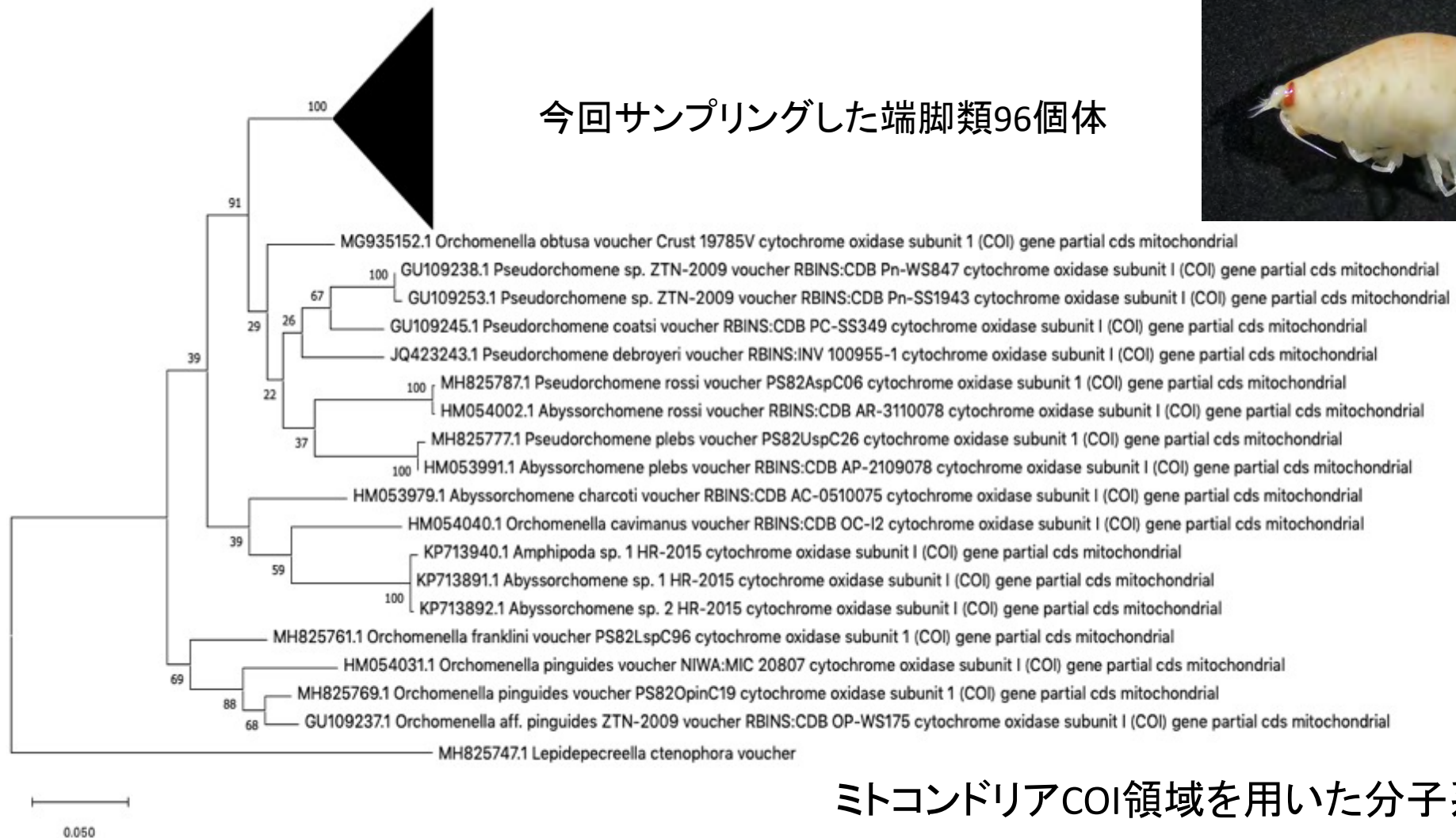
山形県酒田沖でのベイトトラップによる生物採取の様子



ベイトトラップで採取された大量の端脚類



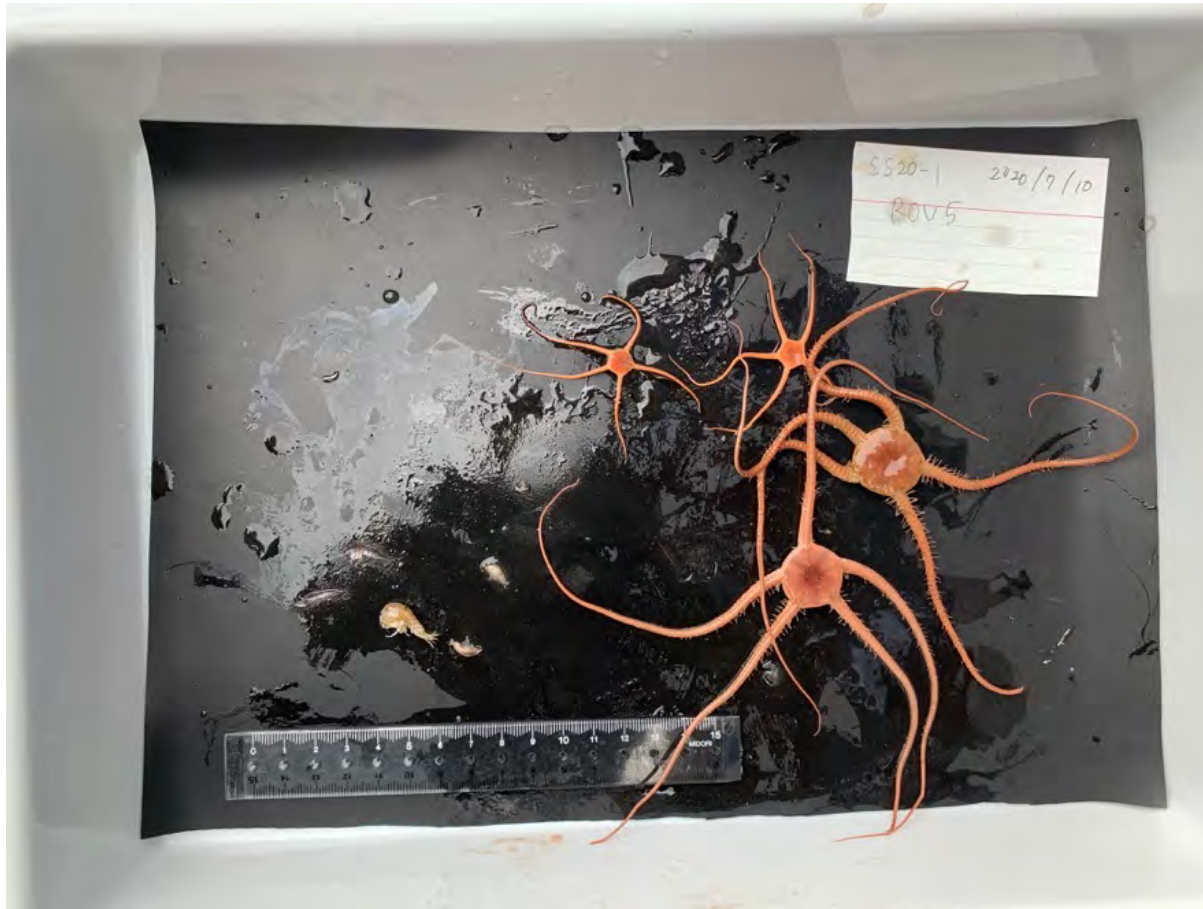
端脚類のメタバーコーディング解析の結果



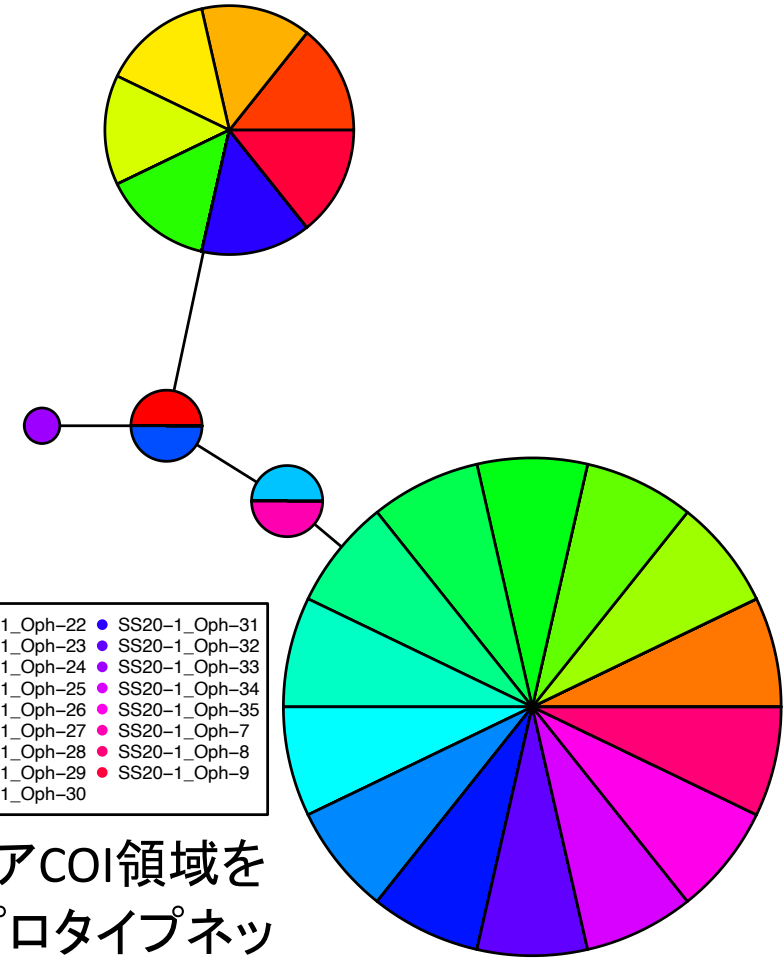
ミトコンドリアCOI領域を用いた分子系統樹

・今回使用した遺伝子マーカーでは変異性に乏しい

クモヒトデの仲間を対象としたハプロタイプネットワークの結果



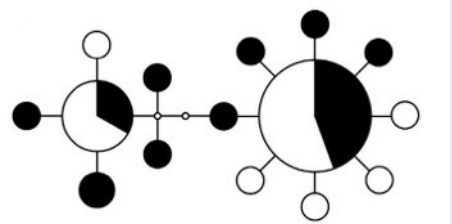
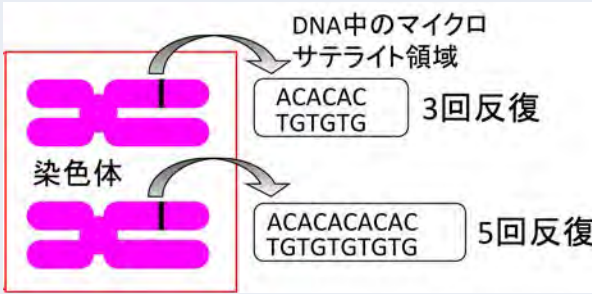
採取されたクモヒトデ類



ミトコンドリアCOI領域を用いたハプロタイプネットワーク

・今回使用した遺伝子マーカーでは変異性に乏しい

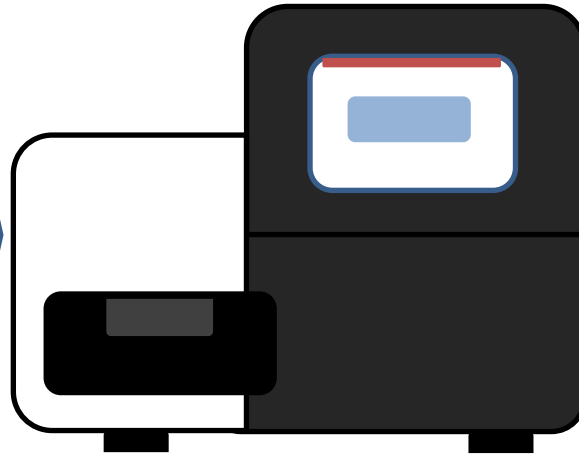
遺伝子解析の高度化：最新機器・解析の適用

	ミトコンドリア COI解析	マイクロサテライトマーカ ー解析	一塩基多型解析 (SNPs)
装置	従来型分析装置	従来型分析装置	ハイスループットシーケンサー
対象	ミトコンドリア 遺伝子領域  ハプロタイプネットワーク	核DNAの マイクロサテライト配列 	核DNAの一塩基多型 
特徴	深海性生物での知見も比較的多い。コストが安くデータ取得も容易だが解像度が低い。	個体の起源集団の推定も可能。データ取得に時間がかかる。深海性生物への応用も少数ある。	マイクロサテライトマーカより多くの情報(数百から数千遺伝子座)。深海性生物への応用も始まる。

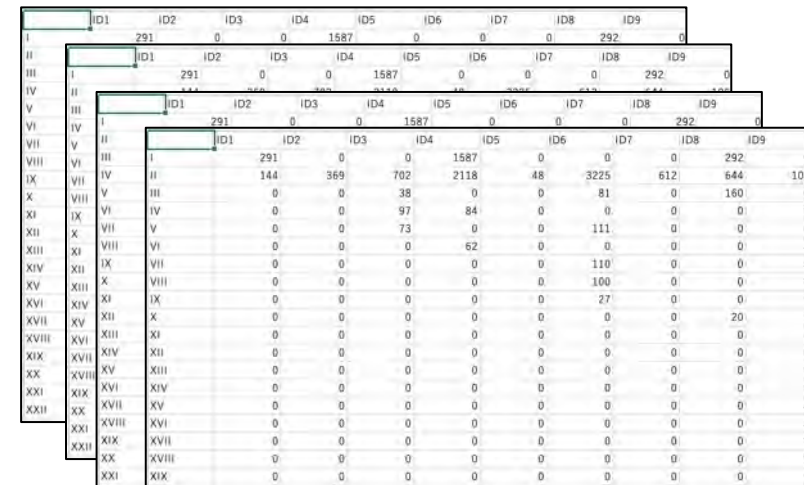
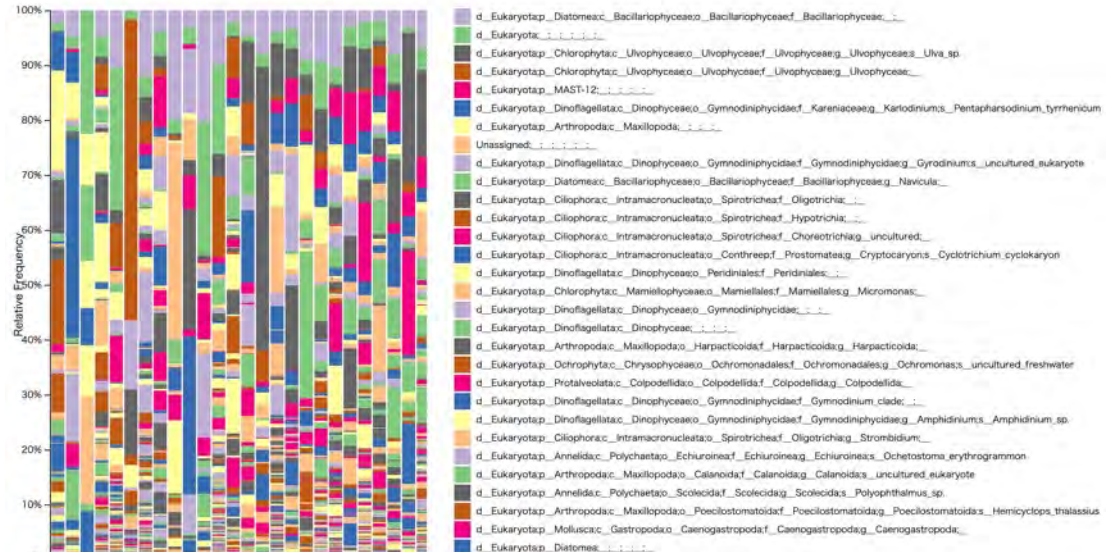
遺伝子解析の高度化: 集団から群集への拡張



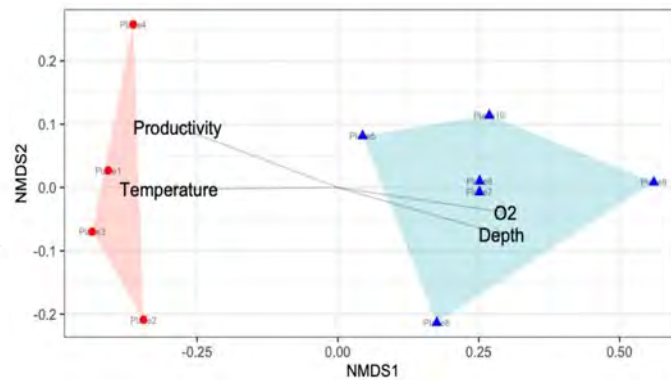
環境サンプルの
採取



ハイスループットシーケンサーで網羅的な種多様性情報の取得



生物組成行列の取得



群集構造・連結性ネットワークの把握

- 遺伝子解析により日本海の深海生物の多様性・連結性評価を促進
- ハイスループットシーケンサーを活用したより高解像度の連結性解析の必要性
- ハイスループットシーケンサーで取得したDNAバーコーディングデータも活用した新規の連結性解析の開発

※※本研究は経済産業省のメタンハイドレート 開発促進事業の一部として実施しました。