琉球大学学術リポジトリ

琉球列島における幼生保育型サンゴSeriatopora hystrixの遺伝的集団構造

メタデータ	言語:
	出版者: 琉球大学21世紀プログラム
	公開日: 2007-06-26
	キーワード (Ja):
	キーワード (En):
	作成者: 西川, 昭, 中島, 祐一, 長田, 智史, 酒井, 一彦, Nishikawa, A, Nakajima, Y, Nagata, T, Sakai, K
	メールアドレス:
	所属:
URL	http://hdl.handle.net/20.500.12000/621

PG-11　琉球列島における幼生保育型サンゴ *Seriatopora hystrix* の遺伝的集団構造
(Genetic population structure of brooding coral *Seriatopora hystrix* in the Ryukyu Archipelago)

西川 昭[1]・中島祐一[1]・長田智史[2]・酒井一彦[1] (A. Nishikawa, Y. Nakajima, T. Nagata T and K. Sakai)

[1]琉球大学瀬底実験所,[2]沖縄県環境科学センター

緒言：造礁サンゴの一種であるトゲサンゴ(*Seriatopora hystrix*)はポリプ内で配偶子を受精させ、幼生を体外へ放出する幼生保育種である．本種は奄美大島が分布北限とされ（西平&Veron 1999)、かつては琉球列島の比較的浅い海域で(10m 以浅)共通に見られた．しかし 1998 年のサンゴ大規模白化により沖縄島のトゲサンゴ集団はそのほとんどが姿を消した．一方で近年、宜野湾沖の 30m 付近にトゲサンゴ集団が見つかった．しかしこの集団が浅場に生息するトゲサンゴと同種であるのか、浅場集団との遺伝的交流はどの程度あるのか、共生する褐虫藻に違いはあるのか、などの知見はほとんどない．本研究では DNA 解析による種同定、遺伝的集団構造、共生する褐虫藻の違いなどを明らかにすることを目的とした．
方法：種同定の試みのため、宜野湾[30m]と阿嘉島[10m 以浅]のサンプル 1 個体ずつにおいてミトコンドリア 12s-rDNA 配列と核 rDNA の ITS 配列を比較した．次に遺伝的集団構造の有無を明らかにするため、核 rDNA の ITS を対象に台湾南部(GenBank 登録データを利用) [深度不明]、西表島北部[10m 以浅]、竹富島南[10m 以浅]、石垣島名蔵湾[22m]、慶良間列島阿嘉島[10m 以浅]、慶良間列島渡嘉敷島[10m 以浅]、沖縄島宜野湾[30m]の各地でサンプルを採集し、塩基配列を決定した．解析個体数は台湾が 1 個体でそれ以外の地域は 3 個体とした．リボソームは 1 細胞内に数多く存在するタンパク質合成器官であるが、植物やサンゴを含むいくつかの動物群では個体内で変異が確認されている．本種においても個体内で変異が見つかったため、1 個体当たりそれぞれ 4 クローンの塩基配列決定を行なった．褐虫藻クレードにおいては、宜野湾[30m]と阿嘉島[10m 以浅]のそれぞれ 1 個体を用いて ITS2 配列を対象にそれぞれ 12、8 クローンの塩基配列を決定し比較した．
結果と考察：本種における rDNA の ITS 配列はこれまで報告されている他のサンゴ種と同様に個体内で変異があることが明らかとなった．しかしその変異部位のほとんどは繰り返し配列であった．また個体内変異の多くは ITS1 で見つかり、ITS2 では少なかった．さらに個体内変異の多様性も公表されているミドリイシ属に比べ低かった．mtDNA、rDNA のどちらにおいても深度の異なる個体間で変異は見つからず、別種であるという結果は得られなかった．一方で、西表と台湾集団は慶良間と沖縄集団に比べ遺伝的に大きく異なっていることが明らかとなった．よって本種は南琉球集団と中琉球集団で遺伝的交流がほとんどなく、遺伝的集団構造が形成されていることが明らかとなった．本研究結果から白化後の沖縄島トゲサンゴ集団において、南琉球からの幼生分散による集団回復の可能性は低いことが示唆された．一方で、同じ中琉球に生息する深場集団からの幼生加入についてはより感度の高いマーカーを用いて精査する必要があると考えられる．褐虫藻は深度にかかわらず全てクレード C に属したことから、深場集団において共生する褐虫藻の違いが白化を生き伸びた要因の 1 つである証拠は得られなかった．