

琉球大学学術リポジトリ

深海熱水噴出孔や冷湧水帯に生息するエビの環境適応と分散経路

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: 2007-07-10 キーワード (Ja): キーワード (En): 作成者: 中野, 和真, 徳田, 岳, 山田, 明德, 有田, 奈央, 緒方, 泰介, 山崎, 征太郎, 山崎, 秀雄, Tokuda, Gaku, Yamasaki, Hideo メールアドレス: 所属:
URL	http://hdl.handle.net/20.500.12000/784

PG-8 深海熱水噴出孔や冷湧水帯に生息するエビの環境適応と分散経路

中野 和真^{1,2}・徳田 岳¹・山田 明德^{1,2}・有田 奈央^{1,2}

緒方 泰介^{1,2}・山崎 征太郎^{1,2}・山崎 秀雄^{1,2}

¹琉球大学遺伝子実験センター

²琉球大学理学部

深海には硫化水素を含む高温の熱水が噴出している場所(熱水噴出孔)がある。熱水噴出孔には多くの無脊椎動物が生息している。熱水噴出孔に生息する生物は、鰓などに共生する化学合成細菌を介して硫化水素のような化学エネルギーを利用することで、その特殊な環境に適応していると考えられている。一方、熱水噴出孔の活動は永続的ではなく、さらにその分布は点在しているため、無脊椎動物がどのように分散しているのかよくわかっていない。

そこで本研究では、深海熱水噴出孔生物のなかでも大西洋や太平洋に広く分布しているオハラエビ (*Alvinocaris longirostris*) (オハラエビ科) を材料とし、その環境適用様式と分散過程を明らかにすることを目的とした。八重山諸島沖の鳩間海丘にて深海調査艇を用いてオハラエビを採取し分子系統解析を行った。

オハラエビの COI ならびに 18S rRNA 遺伝子による系統解析の結果、オハラエビは浅海性のテナガエビ科と単系統を示し、その起源が浅瀬に生息するエビである可能性が示唆された。また、相模湾に生息するオハラエビの COI 遺伝子配列と全く同じであったことから、八重山諸島沖から相模湾へ黒潮に乗って長距離分散を行ったと考えられた。

オハラエビのエラから抽出した DNA を用いて、そこに共生する可能性がある細菌の分子系統解析を行った。その結果、得られたクローンの 70%以上がイプシロン-プロテオ細菌に属する化学合成細菌と単系統を示した。このことは、オハラエビが化学合成細菌と何らかの共生関係にあることを示唆している。

無脊椎動物と化学合成細菌の共生関係は比較的良好に研究されているが、共生細菌の獲得方法についてはそれほど知られていない。獲得方法は大きく、親から子への垂直伝播と外環境から獲得する水平伝播の2つが考えられる。外環境から獲得している場合、共生細菌は外環境中の細菌と相同性が高く、強い単系統を示すと予想される。そこで今回、オハラエビと同時期に採集した鳩間熱水噴出孔の海水と堆積物から細菌の系統解析をし、オハラエビの共生細菌と外環境細菌との比較をした。その結果、オハラエビの共生細菌と相同性の高い細菌が鳩間海丘環境から得られたことから、オハラエビは外環境から細菌を獲得している可能性が示唆された。また、オハラエビの共生細菌と相同性の高い外環境の細菌は相模湾で採集された細菌とも相同性が高かった。したがって、オハラエビの鳩間海丘から相模湾への分散は、共生細菌と成り得る細菌を相模湾の深海底からも獲得できたことによって達成されたのかもしれない。