

琉球大学学術リポジトリ

マイクロサテライトマーカーを用いた石西礁湖のコ ユビミドリイシの集団遺伝学的研究

メタデータ	言語: 出版者: 琉球大学21世紀COEプログラム 公開日: 2008-03-07 キーワード (Ja): キーワード (En): 作成者: 中島, 祐一, 西川, 昭, 酒井, 一彦, Nakajima, Yuichi, Nishikawa, Akira, Sakai, Kazuhiko メールアドレス: 所属:
URL	http://hdl.handle.net/20.500.12000/4929

PG-20 マイクロサテライトマーカーを用いた石西礁湖のコユビミドリイシの集団遺伝学的研究 (Population genetic study of *Acropora digitifera* based on microsatellite markers in Sekisei Reef)

中島祐一¹・西川昭²・酒井一彦³

(YUICHI NAKAJIMA, AKIRA NISHIKAWA, KAZUHIKO SAKAI)

(¹琉球大学・理工・海洋環境, ²James Cook University, ³琉球大学瀬底実験所)

琉球列島内に位置する石西礁湖は日本最大のサンゴ礁域であり、学術的にも経済的にも貴重であるが、サンゴの被度は減少しつつある。環境省は石西礁湖自然再生事業の一環として、サンゴの分布状況や水温状況、稚サンゴ密度、海流パターン、サンゴ幼生分散状況の推定に必要な粒子拡散シミュレーションなど、様々な基礎データの収集を進めている。

サンゴは配偶子および幼生の発生初期段階でしか長距離分散できないため、幼生分散に注目して地域個体群間の遺伝子流動を解明することは幼生供給源・供給先の特定に結び付き、サンゴ個体群の維持・回復機構の理解に必須である。本研究では石西礁湖のサンゴ礁において種数・量ともに多いコユビミドリイシ (*Acropora digitifera*) をモデル種とした遺伝子流動解明を目的とした。時間的・空間的な遺伝子の動きである遺伝子流動は、個体群の維持機構や繁殖、分散を考える上で極めて本質的なものであり、個体群間の幼生交流パターンを推測するための重要な基礎データになると考えられる。粒子拡散シミュレーションによって推定されたサンゴ幼生の供給源と供給先では、遺伝子流動の程度が大きくなるという仮説を立て、包括的なサンゴの交流パターンを把握することを目的とした。

石西礁湖内で6地点選定し、コユビミドリイシから群体片を採取し、開発済みの6種類のマイクロサテライトマーカーを用いて群体片毎のマイクロサテライト領域の長さを調べた。さらに、地点毎の対立遺伝子数と対立遺伝子頻度より平均ヘテロ接合頻度を求め、地点間の遺伝的分化係数である F_{ST} (Wair and Cockerham, 1984) をコンピュータープログラムである GenAlEx を用いて算出した。 F_{ST} の値が小さいほど、地域集団間の遺伝子流動の程度が高い。

その結果、全地点におけるサンゴ個体群間の F_{ST} は 0.01 程度の低い値であることがわかった。つまり、石西礁湖内のコユビミドリイシは遺伝子流動の程度は高く、拡散シミュレーションから推定されるような交流パターンは見られなかった。コユビミドリイシは広範囲に配偶子を分散できる放精放卵型の繁殖様式をもつため、遺伝的に均一であると考えられる。

今後は範囲を広げて、西表島や石垣島周辺のコユビミドリイシの個体群も解析して、石西礁湖の個体群と、西表島・石垣島との遺伝子流動の程度を調べることで、石西礁湖にはどの地域からの幼生加入が多いのかを推定することも可能となる。