

遺伝子情報を用いたカイアシ類の同定技術開発に関する研究

1. 研究代表者名

[国立極地研究所] 福地光男

2. 共同研究者

[国立遺伝学研究所] 酒井則良 新屋みのり 斉藤憲二

[国立極地研究所] 小達恒夫 高橋邦夫

3. H18 年度の研究実績報告

3-1. 研究目標

カイアシ類は南極海における動物プランクトンの約 80% を占め、植物プランクトンの一次生産者と高次消費者をつなぐ重要な役割を担っている。そのため南極海生態系の物質循環を把握する上で、その生態学的役割を定量的に評価することは必要不可欠である。しかしながら、採集によって破損した試料や発生直後の幼生期には種間で形態的な差異がないため、従来の顕微鏡による形態観察では同定が困難であり正確性を欠いているのが現状である。南極海の物質循環をより正確に把握するため、それらの破損および小型試料の定量的解析方法の確立が急務の課題となっている。遺伝子はその生物の誕生から死まで不変なものであって、その遺伝子を解析することが出来れば、試料の状態や生育段階に関係なく種を同定することは容易である。本研究課題は、南極海に生息するカイアシ類に特徴的な遺伝子の構造を決定し、種特異的な領域を深索することで、カイアシ類を正確に同定する技術の開発を目標とする。

3-2. H18 年度の研究成果（概要）

平成 17 年度に第 47 次南極地域観測隊および東京海洋大学“海鷹丸”南極海調査航海において採集したカイアシ類の塩基配列の決定を試みた。分析には南極海に優占して出現する 4 種類のカイアシ類 (*Rhincalanus gigas*, *Calanus propinquus*, *Calanoides acutus*, *Metridia gerlachei*) を用いた。液体窒素で固定された各種 5 個体から total RNA を抽出し、逆転写酵素反応により cDNA を合成した。COI ユニバーサルプライマーを用いて得られた PCR 産物約 1.3kbp のシーケンス解析を行い、種判別を可能とする特異的な領域を探索した。またカイアシ類の進化的関係についても考察し、これらの成果を第 29 回極域生物シンポジウムにおいて公表した。また 2007 年度から開始される第 4 回国際極年の主要な国際プロジェクトとしてマリンセンサス (CAML: Census of Antarctic Marine Life) が実施されている。このプロジェクトは遺伝子情報を用いて南極海生態系の生物多様性の解明、気候変動が生態系に与える影響の評価を目的としており、プロジェクトへの貢献および本研究課題のグローバルな発展を目指し、積極的な参加を行なった。

3-3. 今後の展開

平成 18 年度に得られた同定を可能とする特異的な遺伝子領域を用いてノープリウス幼生の同定を試みる。試料は平成 17 年度に採集済みである。ノープリウス幼生期を種レベルまで同定することで、カイアシ類の種レベルでの分布や全生活史を明らかにすることを目指す。また異なるサンプル固定条件試料（エタノール固定、ホルマリン固定）での分析を試みる。エタノール固定での分析が可能となれば、現場での同定作業、試料保存、その持ち帰りが容易となる。また過去の動物プランクトンサンプルはそのほとんどがホルマリン固定により保存されているため、ホルマリン固定での分析が確立できれば、過去のサンプルとの比較が可能となる。さらには南極海において個体数で卓越する小型カイアシ類（主に *Oithona* 属、*Oncaea* 属）で特異的な遺伝子領域を探索し、同定可能な種数を増やす予定である。

4. 研究の成果発表等

<ポスター>

1. Kenji SAITO, Noriyoshi SAKAI, Minori SHINYA, Mitsuo FUKUCHI, Tsuneo ODATE and Kunio T. TAKAHASHI
2. Establishment of an identification technique using mitochondrial COI sequence variation in Antarctic copepods.
3. XXIX Symposium on Polar Biology. 21-22 November, 2006, Tokyo, Japan