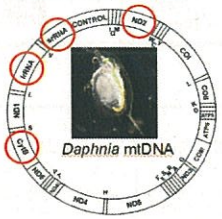
成果 -1-　　東北大学

プランクトン
遺骸や休眠卵から遺伝情報の抽出に成功

Daphniaの微量DNA解析

現生Daphniaで遺伝子配列を決定し多型の情報を得る

休眠卵鞘のDNAで配列の違いをPCRにより検出するためのプライマーを短い領域(100～300bp)に対して設計



D. dentifera
例）ニセコ大沼12SrRNA配列

このような個体間で異なる(複数の)部分を含む領域を増幅する

各遺伝子領域で検出された配列により判別できるタイプ数

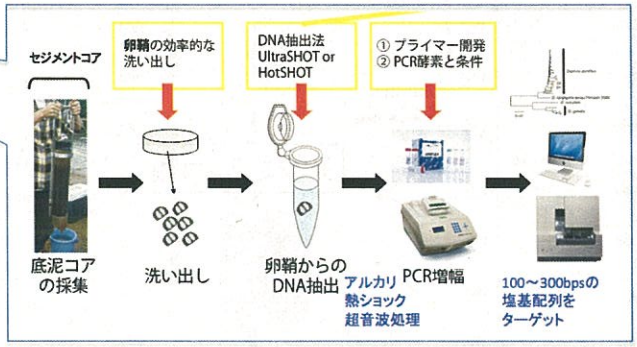
	12SrRNA	ND2	16SrRNA	CYTB
屈日湖	2	6	1	3
阿寒湖	2	2	2	2
ニセコ大沼	5	9	3	4
渡島大沼	-	-	-	-

湖底に堆積していたミジンコの休眠卵（左）と卵鞘（遺骸：右）を分けたところ。
卵と遺骸のミトタイプは常に一致した。

Ultra-Shot法

Ishida et al. (2012) Limnology

休眠卵は孵化しなかった生物個体なので、バイアスがかかっているが、遺骸はバイアスの少ない生態情報である。しかし、これまでプランクトン遺骸からDNAを抽出・利用することは困難とされてきた。
このプロジェクトでは、遺骸の分離法、DNA抽出法、プライマー設計を工夫することで、遺骸から種（や遺伝子型の）同定を可能にした → 過去情報の高精度化に成功



成果 -2-　　東北大学

これまで過去が見えなかった
ケンミジンコ個体群の復元が可能になった

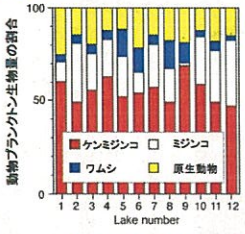
ケンミジンコ（Copepoda）はミジンコと並ぶキーストン生物
遺骸が残らないため過去の個体群復元は困難とされてきた。

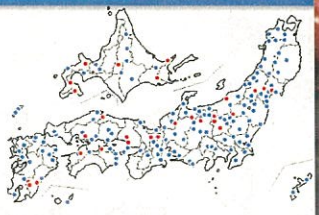
生物量多いが、信頼出来る過去知見なし

【問題点】ケンミジンコ休眠卵の利用
・形態では区別出来ない
・堆積中にDNA劣化の可能性

Ultra-Shot法の利用
短い遺伝子領域で分子マーカーを作成

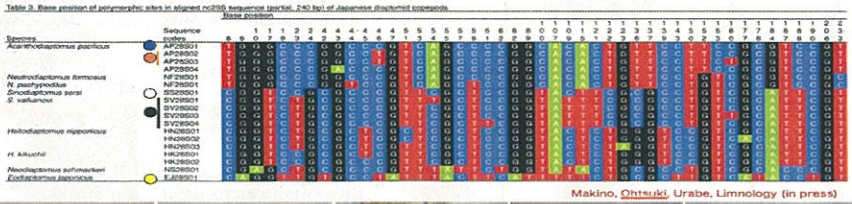
国内種：28SrRNA領域(240bp)データベース化



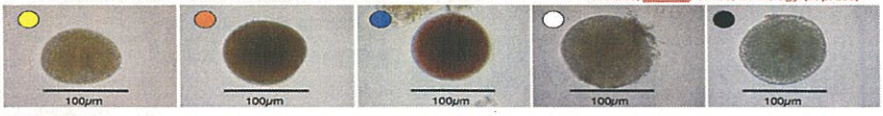


全国でサンプリング
ケンミジンコのDNAライブラリ作成

ケンミジンコの休眠卵DNAから種同定が可能に → 過去情報の増大、高精度化へ



Makino, Ohtsuki, Urabe, Limnology (in press)



Eodiaptomus japonicus
Acanthodiaptomus pacificus Lineage mtCOI-B
Acanthodiaptomus pacificus Lineage mtCOI-A
Sinodiaptomus sarsi
Sinodiaptomus valkanovi