

【4RF-1501】遺伝子流動解析に基づくサンゴ礁生物北上予測を踏まえた海洋保護区の検討（H27～H29）

安田 仁奈（宮崎大学）

1．研究開発目的

本研究では、北上傾向が見られた絶滅危惧種および生態学的に重要である複数種について、

- 1) 遺伝的多様性を評価するための新規遺伝子マーカーを作成し、南西諸島から本州高緯度海域における生物集団の遺伝的多様性を調べる。
- 2) 同時に集団ゲノム解析を行い、高緯度特有の適応遺伝子の有無や頻度を調べ高緯度集団の適応性・脆弱性・安定性を明らかにする。
- 3) 黒潮流域の集団に対し中立遺伝子を用いた遺伝子流動解析を行い、北上に関わる幼生分散の実態と北上する際の幼生が供給される海域を明らかにする。
- 4) さらに、空間的な環境情報に基づく種の分布適地推定を現在、将来にわたり実施。推定された将来の分布域に対して、上記の遺伝子流動の結果を用いた加入確率を組み込んだ将来予測を行う。

これらの結果を用い、生物分布に重要な環境要因の特定と、変遷しうる新たな沿岸生態系を考慮した海洋保護区のあり方を考察する。それにより、生物多様性条約第 10 回締結国会議で愛知目標として掲げられた、既知の絶滅危惧種の絶滅を防止すること、また、新たに海洋保護区を設定する際に重要となる科学的知見を与えることを目標とする。

2．研究の進捗状況

サブテーマ(1)では初年度の以上に北上している可能性のあるサンゴ礁生物(ハナヤサイサンゴ属、クシハダミドリイシ属、ハナガササンゴ属、オニヒトデ類)についてサブテーマ(2)と協力して南西諸島から温帯域にかけて試料採集を行うことができた(当初予定していた以上の合計 3,165 サンプルを入手)。また解析対象種に関してモデルの精度を高めるために、追加でトゲスギミドリイシやエンタクミドリイシで採集・解析した。ハナヤサイサンゴとハナガササンゴに関して予定どおり、新規中立遺伝子マーカーを次世代シーケンサーで同定した。初年度は採集サンプルの2分の1程度のジェノタイピングを目標としていたが、2年度にやる予定の分を含めほぼ全サンプルのジェノタイピングが終了し、基礎的な集団遺伝解析まで進めることが出来た。同時に、種の境界があいまいであるサンゴ類の遺伝学的な種の同定に成功した。2年度目はより高緯度のサンプリングをさらに行い、日本各地のサンゴ群集がいる海域の遺伝子流動データを詳細に解析してまとめる予定である。ペア集団間の遺伝距離、遺伝的多様性を算出するとともに、幼生分散におけるソース・シンクの関係性を明らかにして、サンゴの北上現象において特にソースとして重点な海域を明らかにする。重要海域の重みづけを遺伝子流動解析によって行った上で、本格的に、サブテーマ3の生物分布モデルに入れて将来的なサンゴ分布を推定するための解析およびデータの整備を行っていく予定である。

サブテーマ(2)ではサブテーマ(1)とサンプリングを集中的に行った他、RAD-seq 解析に十分な DNA 抽出法の検討を行いつつ、平行して RAD-seq 解析用データの取得も進めた。また、予備的な集団ゲノム解析についてオニヒトデを用いて実施し、新規の SNPs マーカーの開発を行うことができた。さらに、環境因子と関連のあるマーカーを既存データベースを網羅的に解析して取得でき、次年度の計画を実施するためのマーカーを確保できた。今後は北限域に近い地域で環境選択の働いている遺伝子座の頻度分布を明らかにする。

サブテーマ(3)では、初年度の計画どおりサンゴ類、捕食者についての出現データを収集し、各種の分布にかかわる環境要因を空間的に整備し GIS のデータベースに格納した。5km メッシュの解像度でこれらの環境要因と分布との関係について統計解析を試行し、現在、底質や流れなど

より詳細なデータが必要な変数の収集を行っている。

2年度目に予定されている集団遺伝解析の結果や文献に基づく遺伝的差異について、集団間の遺伝的距離の変数として整備中であり、一部の予備的な整備ができており、今後地理的な距離と比較する。また、分布適地と推定された地域への移動可能性についてコスト距離による重みづけ手法については黒潮を用いた予備的な方法を検討しており、今後流れのデータなどを収集し発展させる予定である。

3年度目に予定されている計画について、地球温暖化などのシナリオに基づく将来の分布適地推定図はさらなる変数の絞り込みを行う前の予備的なものを既に作成した。今後、分散も考慮した推定としたい。また、既存の調査の結果と既存の保護区の配置との比較の例を作成しており、今後この例に基づき本課題で推定された将来予測などの成果の結果を活用したものとすると共に、保護区の配置や管理のレベルや再生事業の有無等のシナリオを検討し、データから導かれる適切な保護区配置の方法を検討についての議論を今年度に学会発表などを通じて開始したい。

3．環境政策への貢献

今後、遺伝子流動解析で得た知見と統計モデルを合わせることにより、環境政策へ貢献していく予定である。

4．委員の指摘及び提言概要

研究は順調に進行していると評価できる。一方、可能であれば、海水温上昇以外の環境変化(海洋酸性化、陸域からの汚染、富栄養化など)との関連も含めた解析や、最終的には新たな保護区設定の提案などについても期待したい。また、サンゴが北上した場合に推測される habitat や共生藻類の系統・機能という要素についても考慮していただきたい。

5．評点

総合評点：A