

DNA メタバーコーディングによるマヒトデの食性解析

【はじめに】

マヒトデ(写真1)は古くからホタテガイの外敵生物として知られており、オホーツク海から根室海峡に至るホタテガイ地まき増殖海域に広く分布しています。マヒトデについては水槽試験を中心にホタテガイへの影響評価が実施されてきましたが、野外における本種の動態については不明な部分が多く残されています。本研究では DNA メタバーコーディングによるマヒトデの食性解析結果を報告します。



写真1 ホタテガイを襲うマヒトデ

【どうして食性を調べるのか】

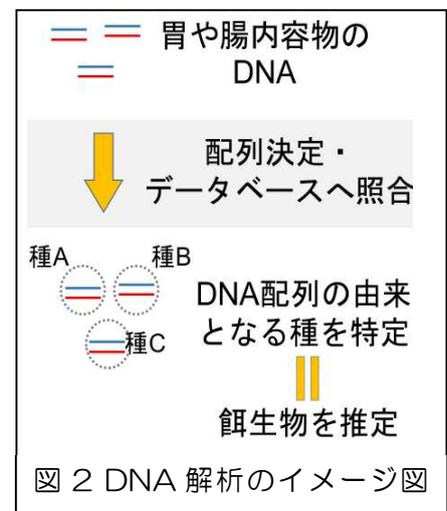
ホタテガイは成長に伴いサイズが大きくなると、マヒトデに捕食されにくくなることが水槽試験により明らかになっています。一方で、実際の漁場でも同様の傾向が見られるかは不明瞭で、マヒトデが漁場内に増えてくると漁業関係者はホタテガイへの影響を危惧して、マヒトデの駆除を検討・実施します。漁場内においても、マヒトデに捕食されにくくなるホタテガイのサイズが明らかになれば、ホタテガイのサイズに応じて駆除にかかる労力を効率化し、収益性を向上させることが可能かもしれません。今回の解析ではその端緒として、放流後1年目の漁場と放流後3年目の漁場で採集されたマヒトデの胃内容物を比較し(図1)、ホタテガイへの影響評価を試みました。



マヒトデの駆除を検討・実施します。漁場内においても、マヒトデに捕食されにくくなるホタテガイのサイズが明らかになれば、ホタテガイのサイズに応じて駆除にかかる労力を効率化し、収益性を向上させることが可能かもしれません。今回の解析ではその端緒として、放流後1年目の漁場と放流後3年目の漁場で採集されたマヒトデの胃内容物を比較し(図1)、ホタテガイへの影響評価を試みました。

【DNAによる食性解析】

DNA メタバーコーディングは胃や腸に残存したDNAをPCRによって増幅させ、次世代シーケンサーと呼ばれる装置で網羅的にDNA配列を解析する手法です(図2)。目視では判別困難であったり、空胃と判定されたりする状態であっても、餌生物の痕跡を検出できると考えられます。マヒトデの捕食スタイルは独特で、胃を体外に露出させて餌生物を取り込み、そのまま体外で消化してしまいます。そのため体内に餌生物の痕跡が残らない場合が殆どですが、残存したDNAであれば検出可能かもしれません。今回採集したマヒトデ141個体は目視で胃内容物を確認できなかったため、一部の大型個体の胃を摘出しDNAメタバーコーディングによる解析を行いました。



【ホタテガイ漁場内におけるマヒトデの餌生物】

PCRによりDNAの増幅が確認された9個体のうち、3個体からはマヒトデ由来のDNA配列のみが検出され、残る6個体から餌生物に由来するDNA配列が検出されました(図3)。

検出された DNA 配列には、リソツボ科、エゾバイ科、キセワタガイ属といった巻貝の仲間のほか、バカガイ属のような二枚貝や紐型動物などの生物に由来する DNA が相対的に多く含まれていました。漁場内に侵入してきたマヒトデは、このような移動性の乏しい小型の底生生物を捕食している可能性が示されました。

ホタテガイに由来する DNA は放流後 1 年目の漁場に侵入した 6 個体のうち 4 個体から検出されました。一方で、放流後 3 年目の漁場に侵入した個体からは検出されませんでした。標本数が少ないため確かなことはできませんが、少なくとも 1 年目サイズ

(殻長 50~70 mm 程度)のホタテガイはマヒトデに捕食されている可能性があります。

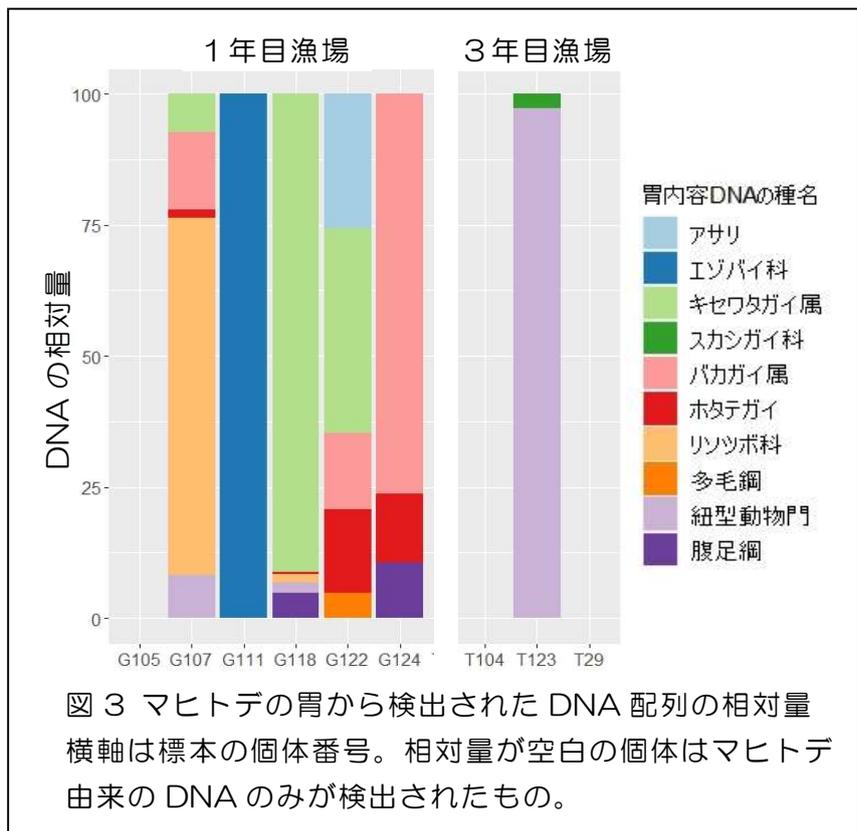


図 3 マヒトデの胃から検出された DNA 配列の相対量
横軸は標本の個体番号。相対量が空白の個体はマヒトデ由来の DNA のみが検出されたもの。

【今後の課題】

本研究では DNA メタバーコーディングにより目視では検出できないマヒトデの餌生物を推定することができました。しかしながら、DNA メタバーコーディングは分析費用が高価なため、今回は統計的な処理を行うための標本数を確保することができず、断片的な情報しか得られませんでした。

現在、網走水産試験場では海底画像撮影装置（図 4）を用いてホタテガイ漁場内の底生生物を幅広く調査しています。今後は画像データから得られたホタテガイとヒトデの個体数情報をもとに、漁場内での両者の関係性について定量的な評価を進めていきたいと考えています。

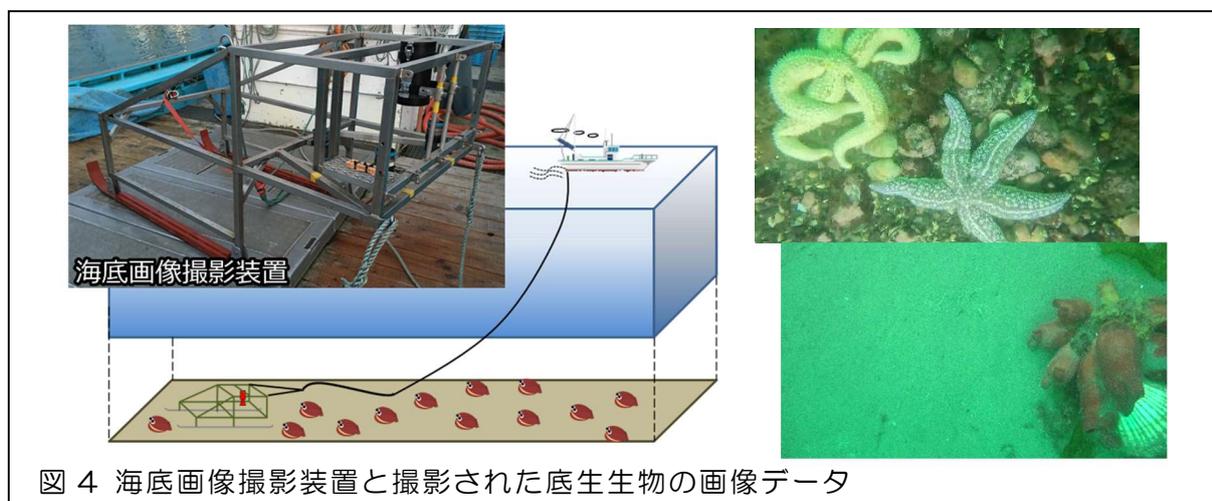


図 4 海底画像撮影装置と撮影された底生生物の画像データ