

沖縄トラフ熱水噴出域の生物多様性保全に関する研究

～ゴエモンコシオリエビを指標として～

2011年3月 自然環境学専攻 096619 徐 美恵
指導教員 教授 小島茂明

キーワード； 熱水噴出域、生物多様性、保全、遺伝的集団構造、幼生分散

<はじめに>

深海底にはマグマで加熱された高温の海水が噴き出す場所が点在する。それらは熱水噴出域と総称される、暗黒・高圧条件に加えて通常生物に有害とされている重金属や硫化水素等にさらされた環境である。現在までに確認されている熱水噴出域から多様な生物が発見されているが、その中の多くが他の海洋環境には見られない熱水域独自の種であり、550種以上の生物が熱水噴出域の固有種として報告されている(Desbruyères *et al.* 2006)。熱水域では硫化水素やメタン等の還元物質を酸化する事によって一次生産を行なう「化学合成細菌」を生産者とする化学合成生物群集が構成されており、光合成に頼らない独自の生態系を築いている。このような独自の生態系が形成される一方で、熱水噴出域には熱水中に溶解した重金属・貴金属等が海水によって冷却されて近傍の海底に沈殿する事により、海底熱水鉱床と呼ばれる金属鉱床が形成される事が知られている。科学技術の発達により深海底の開発が可能になった近年、海底熱水鉱床は金属資源開発の場として世界的に注目されており、日本でも平成19年に施行された海洋基本法を始めとする数々の政策にその積極的な開発が盛り込まれている。その一方で、深海熱水鉱床周辺にある深海熱水域には多くの固有種が棲息し、それらの熱水噴出域の生態系が持つ潜在的遺伝子資源価値を維持する点からもその保全が求められる。資源開発と生態系の保全はどちらも高い必要性を持っており、これらをいかに両立するかが重要な課題となっている。

本研究では、熱水域の生物群集の生物学的知見の累積に貢献するとともに、将来の熱水鉱床開発の影響を最小限に抑える様な開発地の選定に寄与する事を目的に、日本近海の熱水域に生息する代表的な種であるゴエモンコシオリエビ(図1)を対象として遺伝的集団解析を行い、その分散の特性を明らかにした。また生物多様性を評価する際に見落としがちな寄生生物にも注目し、ゴエモンコシオリエビから発見した寄生性等脚類(図1)の属レベルまでの同定と形態観察による寄生率の把握を行なった。

<結果と考察>

106個体のゴエモンコシオリエビについてミトコンドリアDNAのCOI遺伝子の部分塩基配列(454bp)を決定して、遺伝的多様性を沖縄トラフ内に生息する他の優占種と比較した結果、本種が同海域の熱水域優占種の中で特に高い遺伝的多様性を有する事が示された。*F_{st}*検定とExact testにより集団構造を解析したところ、北伊平屋と伊平屋、及び北伊平屋と鳩間の地域集団間にのみ有意な遺伝的分化が検出された。有意な遺伝的分化が見ら

れなかった伊平屋と鳩間はおよそ 445.3km、伊是名と鳩間はおよそ 430km 離れており、このことから本種の分散にとって 450km 前後の水平的距離は分散の妨げにならないと考えられた。その一方で、およそ 115km 程度と比較的近距离にある北伊平屋と伊平屋の地域集団間で遺伝的分化が検出されたが、この遺伝的分化は両地域集団間の距離ではなく北伊平屋の熱水域が持つ地形的特性によってもたらされたと推測された。実際、北伊平屋の熱水域には他の熱水サイトと比較してより比高の大きい海底地形が隣接しており、本種の幼生分散が地形的制限を受け易いという推測と整合する。

81 個体のゴエモンコシオリエビの COI 遺伝子に基づいて、地域集団間の分散の大きさと方向性を推定した (図 2)。沖縄トラフ全体では伊平屋-伊是名-鳩間集団間に活発な分散が起こっており、北伊平屋から他集団へは一定の分散量があった (北伊平屋から他集団への分散が全分散量の 15%) のに対して、逆方向の分散である他集団から北伊平屋への分散は非常に限定的である事が示された。この事も北伊平屋と他集団間に幼生分散を阻害し易い要因がある事を示唆している。分散の非対称性の成因として、海底の傾斜や海流の方向等が考えられる。

本研究でゴエモンコシオリエビの鰓腔から未記載種と思われるエビヤドリムシ科寄生種が発見された。形態に基づき、発見された寄生種は等脚目ヤドリムシ亜目エビヤドリムシ科の *Pseudioninae* 亜科に属する *Pseudione* 属であると同定された。宿主であるゴエモンコシオリエビ 329 個体の形態観察の結果、地域集団間で被寄生率に大きな違いが見られた。南部沖縄トラフに比べて中部沖縄トラフ集団の被寄生率が高く、伊平屋の地域集団が最も高い被寄生率を示した。

以上の結果を踏まえて、沖縄トラフの中で北伊平屋と伊平屋の熱水噴出域を保全する事がゴエモンコシオリエビ及び寄生種の多様性の保全に有効であると結論された。今後同様の研究を多くの熱水種で行ない、得られた結果を統合して最も生物多様性に影響が出ない開発方法と開発地を選択する事が必要である。

<引用文献>

Desbruyères, D., Segonzac, M. and Bright, M. (2006): Handbook of deep-sea hydrothermal vent fauna, second edition. State Museum of Upper Austria. Linz. pp. 544.



図-1 ゴエモンコシオリエビと寄生性等脚類

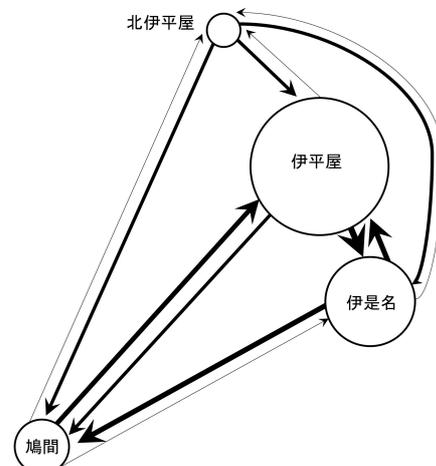


図-2 集団間の分散推定モデル

A Study for Preserving Biodiversity in Hydrothermal Vent Fields in Okinawa Trough

~with a focus on *Shinkaia crosnieri*~

Mar. 2011, Department of Natural Environmental Studies, 096619, MiHye Seo
Supervisor: Prof. Shigeaki Kojima

Keywords: hydrothermal vent, biodiversity, conservation, population structure,
larval dispersal

<Introduction>

The deep-sea hydrothermal vents are known to be one of the most extreme habitats on the earth. Unusually high pressure, a total lack of light, and the hot hydrothermal fluid (up to 407°C) containing toxic chemicals, such as reduced sulfur compounds and heavy metals, sustain unique vent fauna composed of the chemosynthetic primary producers and consumers. More than 550 species of chemosynthetic communities are known to be endemic to the vent environment (Desbruyères *et al.* 2006). Hydrothermal vent fields are also known as field generating mineral deposit with dissolved base metal and noble metal elements. Today's rapidly developing technology enable us to explore resources on deep-sea floor, and those mineral deposits around hydrothermal vents became a big interest to many developed countries including Japan. However, the effect of the exploitation on hydrothermal vent environment is still unclear due to the lack of the ecological information about population structure and dispersal mechanisms, which are essential to understand ecology and connectivity among vent sites, of vent-endemic animals. Therefore, in order to accomplish mineral development with minimal impact on vent animals, more studies to preserve biodiversity of hydrothermal vent fields are required.

As a model animal to select potential developing site based on genetic diversities of vent fauna in the Okinawa Trough, I selected *Shinkaia crosnieri* (hydrothermal vent galatheid crab, Fig.1), a sole member of the subfamily Shinkaiinae Baba & Williams, 1998, for their dominancy at many hydrothermal vent fields in Okinawa Trough and thought to be one of the most representative vent species in Japan. In this study, I analyzed their genetic population structure and dispersal among vent sites. In addition, I classified a parasitic isopod (Fig. 1), which was found from bronchial cavity of *S. crosnieri*. Parasitism at each vent site was estimated based on morphological examination of the host species, *S. crosnieri*.

<Results and Discussion>

I determined partial nucleotide sequences (454bp) of the mitochondrial COI gene of

106 individuals of *S. crosnieri*, which were collected from the North Knoll of Iheya Ridge (North Iheya), the Iheya Ridge, the Izena Hole and the Hatoma Knoll in the Okinawa Trough. Comparing the genetic diversity with other dominant vent species in the Okinawa Trough, *S. crosnieri* was found to have especially high genetic diversity. F_{st} analysis and the Exact test showed that the distance around 450 km did not prevent horizontal dispersal of *S. crosnieri*. On the other hand, sea-bottom structure with great elevation near the North Iheya site could be a barrier to larval dispersal.

The dispersal direction and intensity of *S. crosnieri* were estimated based on mtDNA sequences of 81 individuals (Fig. 2). Among the whole Okinawa Trough, there were active and intense dispersal among the Iheya-Izena-Hatoma sites. In spite of moderate dispersal from the North Iheya to the other sites (made up to 15% of all dispersal), the reverse dispersal was limited. This result also suggests some factor to prevent larval dispersal between the North Iheya and other vent sites. The asymmetric dispersal may be attributed to steepness of the slopes and direction of currents around the North Iheya site.

In this study, a parasitic isopod was found from bronchial cavity of *S. crosnieri*. No parasitic isopod had been reported from *S. crosnieri*, and the parasite is thought to be undescribed species. Based on the morphological characters, this parasite was classified into the genus *Pseudione* (Crustacea: Isopoda: Bopyridae: Pseudioninae). I examined 329 individuals of its host, *Shinkaia crosnieri*, and the parasitism was found to be different among vent sites. Parasitism was higher in the Mid-Okinawa Trough compared with the South Okinawa Trough, and highest at the Iheya site.

In conclusions, the preservation of the North Iheya and Iheya sites are key to preserve biodiversity of *S. crosnieri* and its parasite. To select potential vent sites for mineral development, similar studies have to be done on other various vent species, and selection of the vent sites with minimal influence on biodiversity is required.

<Reference>

Desbruyères, D., Segonzac, M. and Bright, M. (2006): Handbook of deep-sea hydrothermal vent fauna, second edition. State Museum of Upper Austria. Linz. pp. 544.



Fig.1 *Shinkaia crosnieri* and its parasitic isopod

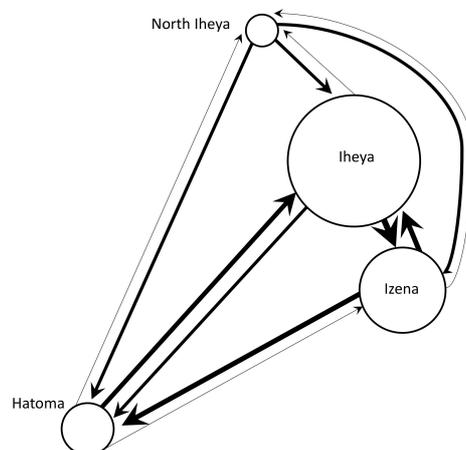


Fig.2 Estimated dispersal among populations