胃内容物DNAを用いた深海性エビ類の食性解明研究

～深海性エビ類は何を食べているのか～

茨城県水産試験場　水谷 宏太

背景と目的

【茨城県の海面漁業の特徴】
- ●全国でも有数の漁獲量を誇る
- ●天然資源に大きく依存＝海洋環境や資源変動の影響を大きく受ける

【近年の本県の海面漁業を取り巻く環境の変化】
- ●黒潮大蛇行や黒潮続流北偏の長期化や、海水温の上昇といった海洋環境の変動
- ●従来の主要漁獲物の減少や新たな来遊資源の出現といった資源の変動
- ●分布水深や産卵期等の生態の変化

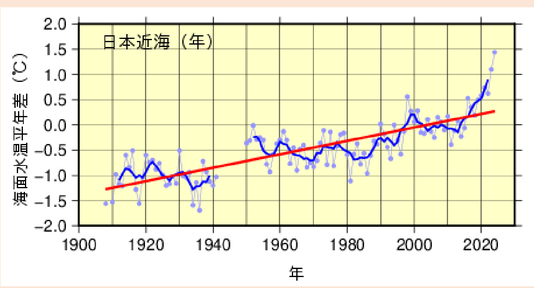

図１.日本近海の全海域平均海面水温（年平均）の平年差の推移（気象庁HPから引用）
青　丸：各年の平年差、
青太線：5年移動平均値
赤太線：長期変化傾向
平年値：1991～2020年の30年間の平均値

【県の施策】
- ●これらの変化に対応するため、 R2年度から養殖産業創出の取り組みに着手
- ●水産試験場では、R3年度から国内初となるヒゴロモエビ・ボタンエビの養殖技術開発に着手

【課題】
- ●経営的に有利となる低コストの餌料が販売されていない
- ●餌料開発の参考となる天然での食性に関する知見が存在しない

【研究の目的】
- ★**天然での食性解明により、餌料開発の参考となる知見を得る**

方法

【天然エビと餌生物候補種の採集】
- ●研究に使用する天然エビと餌生物候補種は、漁業調査指導船「いばらき丸」により、着底トロール網を15分間曳網し採集

写真１．採集調査の様子（左）と、研究対象のヒゴロモエビ（中央）及びボタンエビ（右）

【解析】

①次世代シーケンサーによる天然エビ胃内容物のDNA網羅的解析（餌生物の特定）
- ●採集した天然エビの胃内容物を取り出し、DNAを抽出
- ●ミトコンドリアCOI領域を標的に増幅を行い、これを次世代シーケンサーに供し、得られた遺伝子配列データをデータベースと比較、餌生物を特定

※エビ自身のDNAの増幅を阻害するため、ブロッキングプライマーを合成した

②天然エビ・餌生物の炭素・窒素安定同位体比分析
- ●天然エビ及び餌生物の筋肉片を採取
- ●採取した筋肉片は乾燥させ、粉砕し、脱脂処理を行った後、スズカプセルに包み元素分析計で燃焼・分離
- ●得られた二酸化炭素ガス及び窒素ガスを安定同位体比質量分析計に導入し、安定同位体比を測定

③ベイズ推定による食性解析
- ●②で得られた炭素・窒素安定同位体比から、Rのsimmrパッケージを用いてベイズ推定（MCMC法）による食性解析を実施

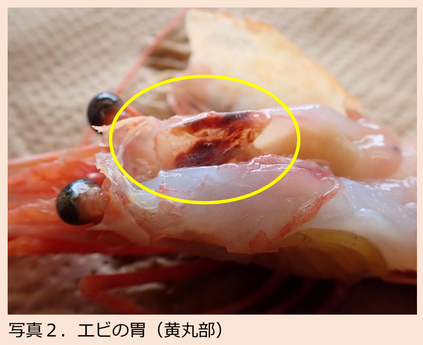

写真２．エビの胃（黄丸部）

結果

①次世代シーケンサーによる天然エビ胃内容物のDNA網羅的解析

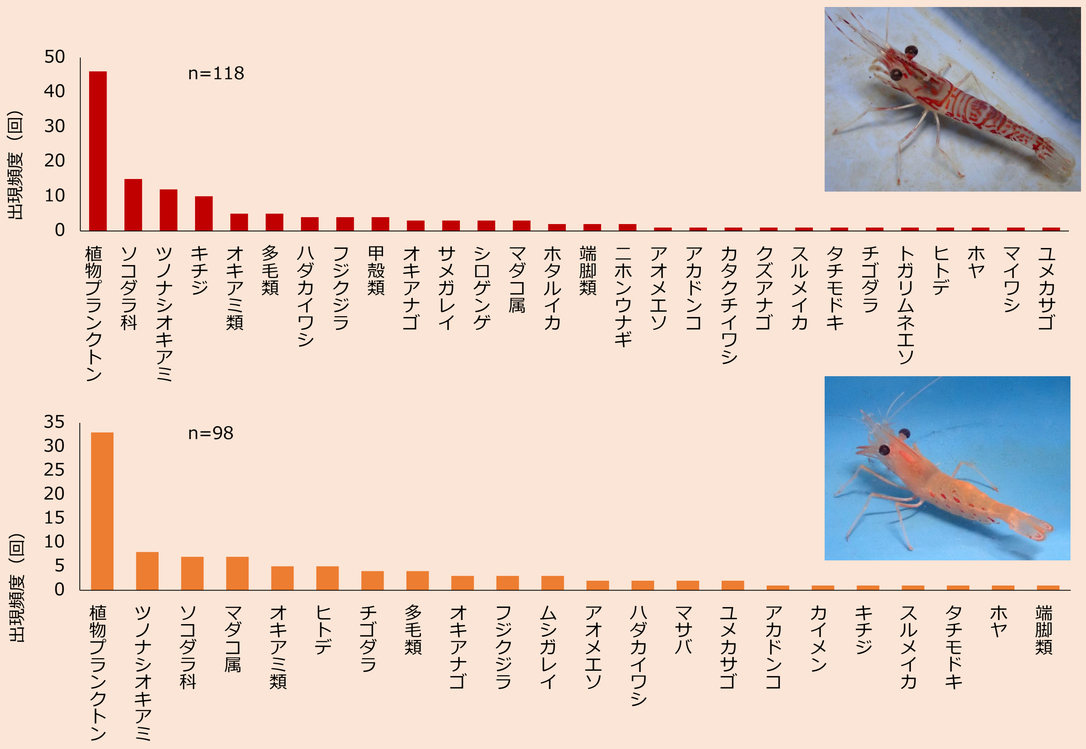

図２．ヒゴロモエビ（上）とボタンエビ（下）の胃内容物から検出された生物とその出現頻度

②天然エビ・餌生物の炭素・窒素安定同位体比分析

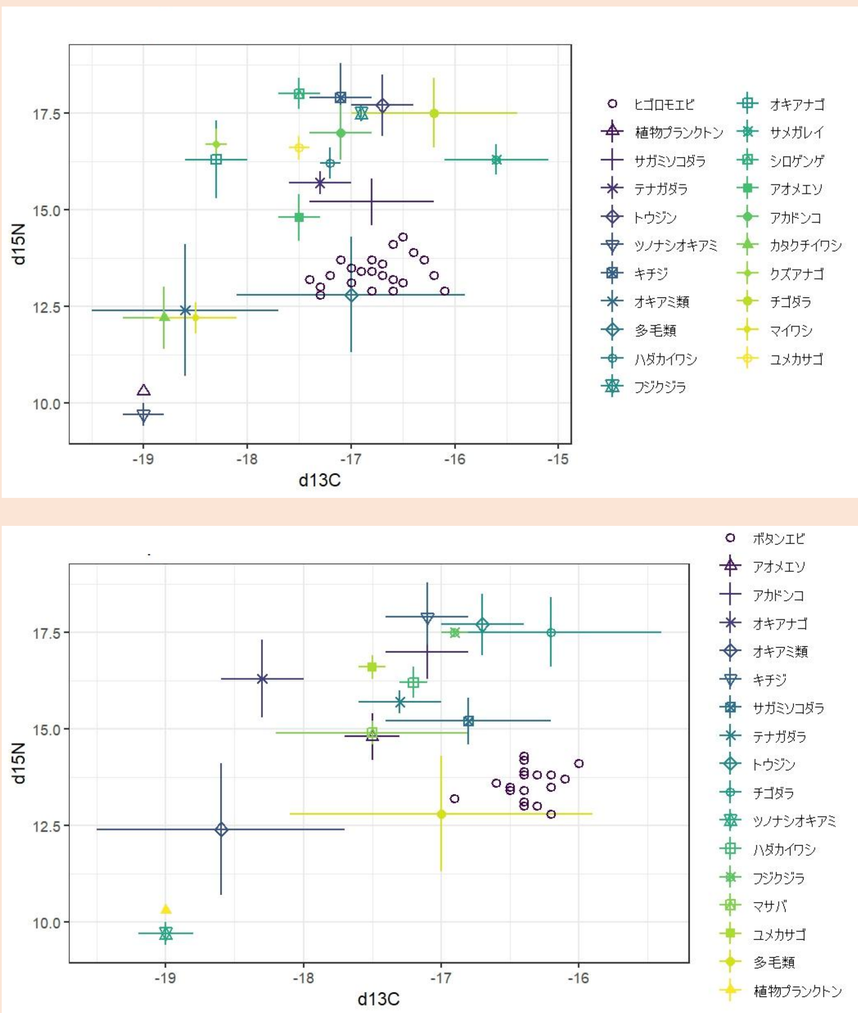

図３．ヒゴロモエビ（上）とボタンエビ（下）と餌生物のCNマップ

③ベイズ推定による食性解析

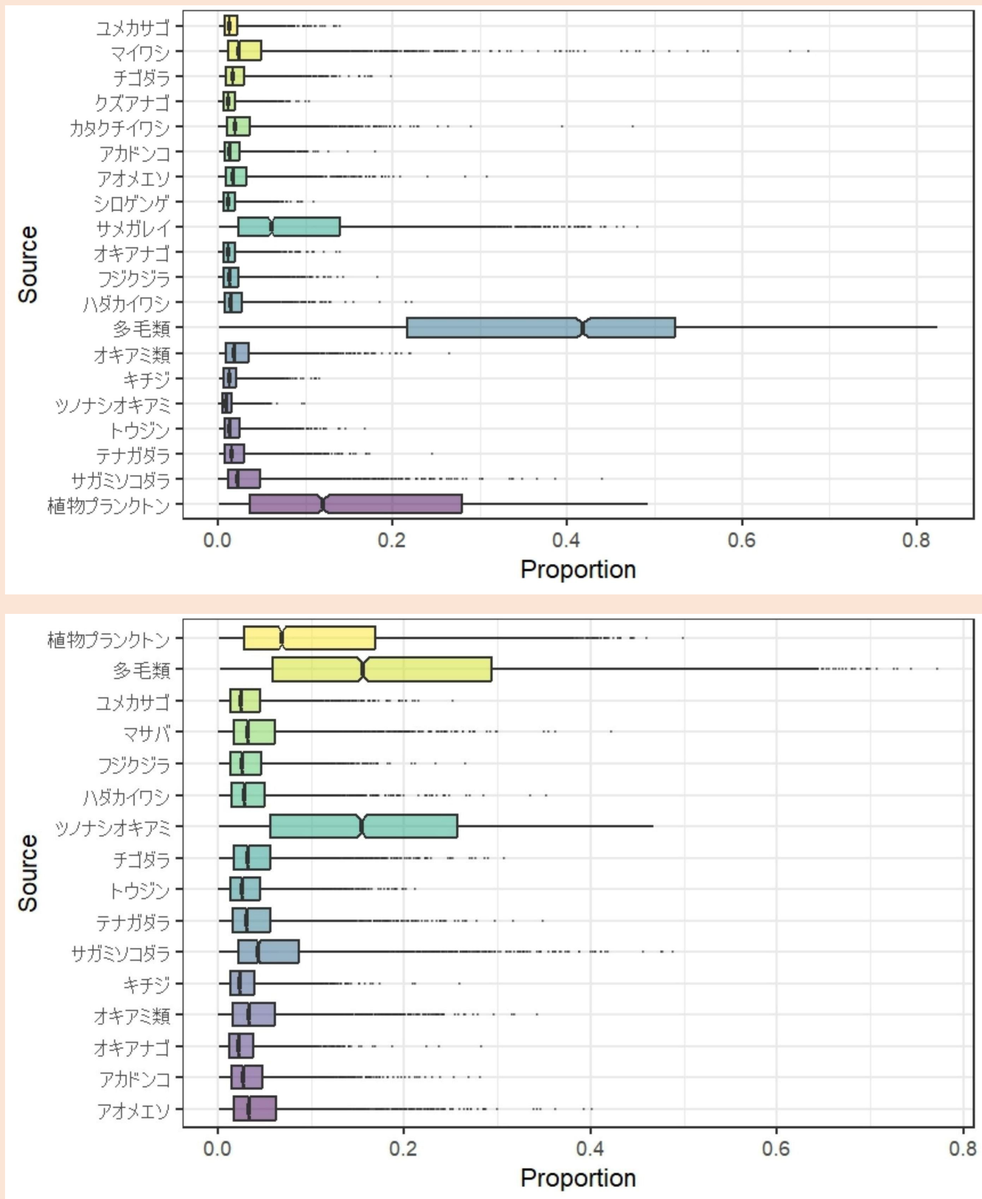

図４．ヒゴロモエビ（上）とボタンエビ（下）の餌生物の貢献割合

- ●胃内容物のDNA網羅的解析の結果、ヒゴロモエビの胃内容物からは、植物プランクトンやソコダラ科等28種、ボタンエビの胃内容物からは植物プランクトンやツノナシオキアミ等22種の生物が検出（生産者、低次～高次消費者のDNAを検出）
- ●炭素・窒素安定同位体比分析の結果、**ヒゴロモエビ・ボタンエビは、ともに本県沖の食物網の構成員**であり、窒素安定同位体比は比較的高い値を示すが、高次消費者と同等以上の値ではない

⇒両種は**海底の堆積物や、海底に沈降した生物の死骸を主に摂餌**していると考えられる

- ●ベイズ推定の結果、**両種は様々な生物を摂餌しているが、**ヒゴロモエビでは多毛類、植物プランクトン、サメガレイ、ボタンエビでは多毛類、ツノナシオキアミ、植物プランクトンと**特定の生物の貢献割合が高い**ことが判明

今後の展望

- ●餌料開発には、必須栄養素やその要求量の推定、物性等の設計が必要
- ●本研究の結果を、**餌料開発の基礎的な知見として活用**
  →**餌料開発の迅速化が期待**される
- ●開発餌料の生産コストが高額になる可能性も…
  →専用餌料の代替としての、**既存餌料活用の検討材料**にも

※本研究は、文部科学省交付金特別電源所在県科学技術振興事業により行った。