

DNA メタバーコーディングを用いた 駿河湾産ヘラツノザメ属の食性解析

○佐藤匠（東京海洋大学大学院・海洋研究開発機構）、河戸勝・土田真二・

藤倉克則・藤原義弘（海洋研究開発機構）

上位捕食者は生態系において重要な役割を担うことが知られており、その食性を明らかにすることは生態系の理解を深める有効な手段である。駿河湾の深海域には上位捕食者と考えられるサメ類が多く生息しているが、その中で優占種の1つであるヘラツノザメ属のサガミザメ *Deania hystricosa* は世界的にほとんど研究がなされておらず、食性の情報は皆無である。また、同属のヘラツノザメ *D. calcea* は栄養段階が高く、絶滅危惧種であることも知られているが、駿河湾における食性の情報は皆無である。北大西洋やオーストラリア近海におけるヘラツノザメの食性解析では、空胃率（目視判別できる固形物が入っていない割合）が高く、分析に大量のサンプルを必要としている。一方、近年では DNA メタバーコーディングを応用し、消化が進み生物種を同定できない胃内容物から餌生物の情報を得る手法が開発されており、ヘラツノザメ属に应用することでより効率的な食性解析が期待できる。そこで本研究では駿河湾に生息するヘラツノザメ属2種の食性情報を得ることを目的に、DNA メタバーコーディングを用いた手法の検討を行った。

胃内容物の DNA メタバーコーディングを行うための PCR プライマーとして、魚類や無脊椎動物の *COI* 配列を対象とした既報のユニバーサルプライマーを選定した。PCR を行うにあたり胃内容物内に含まれる捕食者自身の *COI* 領域の増幅を抑えるために、ヘラツノザメ属の鋳型 *COI* に対してのみプライマーのアニーリングを阻害できるようなブロッキングオリゴを設計した。ブロッキングオリゴの効果を確かめるためにサガミザメおよび駿河湾深海域に生息するギス、トウジンの硬骨魚類2種とユメザメの DNA を用いてそれぞれブロッキング PCR を試みた。その結果、ギス *Pterothrissus gissu*、トウジン *Caelorinchus japonicus*、ユメザメ *Centroscymnus owstonii* においては DNA の増幅を確認したが、サガミザメでは増幅を確認できなかったため、ブロッキングオリゴは有効に機能するものと推定した。そこで、深海底はえ縄によって採捕されたヘラツノザメ属の胃内容物から抽出した DNA を同様にブロッキングオリゴと共に PCR 増幅し、TA クローニングで作成した 96 クローンからサンガーシーケンスによって *COI* 配列を得た。相同性解析の結果、ある個体の胃内容物から得た配列はセンハダカ *Diaphus suborbitalis* の *COI* 配列と 99%の相同性を示し、従来の目視観察では空胃と扱われていたサンプルからの食性情報を得ることに成功した。今後、分析個体数を増やしていくことで、駿河湾深海域におけるヘラツノザメ属を中心とした食物網構造の解明が期待できる。本発表ではヘラツノザメ属食性解析における DNA メタバーコーディングの有用性を示すと共に、サンプル数は少ないながらも見えてきた駿河湾ヘラツノザメ属の食性情報について議論したい。