

TUMSAT-OACIS Repository - Tokyo

University of Marine Science and Technology

(東京海洋大学)

第一部 海鷹丸航海調査報告 平成17年度(2005年度)
第18次航海報告

メタデータ	言語: jpn 出版者: 公開日: 2008-04-15 キーワード (Ja): キーワード (En): 作成者: メールアドレス: 所属:
URL	https://oacis.repo.nii.ac.jp/records/287

4.5.16 遺伝子情報を用いたカイアシ類の同定技術開発に関する研究

高橋邦夫¹・小達恒夫¹・福地光男¹

¹情報・システム研究機構国立極地研究所（〒173-8515 東京都板橋区加賀 1-9-10）

The development of the identification technique of Copepoda using genetic variation.

Kunio T. TAKAHASHI¹, Tsuneo ODATE¹ and Mitsuo FUKUCHI¹

¹National Institute of Polar Research, Research Organization of Information and Systems (1-9-10 Kaga, Itabashi-ku, Tokyo 173-8515, Japan)

はじめに

カイアシ類は南極海における動物プランクトンの約80%を占め、植物プランクトンの一次生産者と高次消費者をつなぐ重要な役割を担っている。そのため南極海生態系の物質循環を把握する上で、その生態学的役割を定量的に評価することは必要不可欠である。しかしながら、採集によって破損した試料や発生直後の幼生期には種間で形態的な差異がないため、従来の顕微鏡による形態観察では同定が困難であり正確性を欠いているのが現状である。南極海の物質循環をより正確に把握するため、それらの破損および小型試料の定量的解析方法の確立が急務の課題となっている。遺伝子はその生物の誕生から死まで不変なものであって、その遺伝子を解析することが出来れば、試料の状態や生育段階に関係なく種を同定することは容易である。本研究では、南極海に生息するカイアシ類に特徴的な遺伝子の構造を決定し、種特異的な領域を深索することで、カイアシ類を正確に同定する技術を開発することを試みる。

観測

試料採集はコットエンドを2Lの瓶に改良したノルパックネットを用いて、水深150mからの鉛直引きで行なった。採集はL4、L1、L5、L8、LG3の5観測点で実施した。試料は採集後、カイアシ類のソーティングを行ないDNA分析用試料としてISOGEN、またRNA分析試料としてRNAlater、エタノールで固定後、直ちに液体窒素およびディープフリーザーに保存した。試料は

国立遺伝学研究所および国立極地研究所にて DNA マーカーを指標とした遺伝子解析を行ない、
カイアシ類各種の同定に適した遺伝子の塩基配列を解析する予定である。

謝辞

試料採集の実施にあたり、東京海洋大学海鷹丸小池船長はじめ乗組員の方々には大変お世話になりました。また多大にサポートして頂いた同航海に乗船した研究者の方々、学生の方々に感謝いたします。