

## アミノ酸窒素同位体比分析による海洋生態系の栄養段階推定(2): 宿主・共生系の仕組みの解明

### Estimation of trophic position in marine ecosystems based on nitrogen isotope of amino acids: host-symbiont relationship

土屋 正史<sup>1\*</sup>, 吉田 尊雄<sup>1</sup>, 力石 嘉人<sup>1</sup>, 藤原 義弘<sup>1</sup>, 梅津 裕一<sup>2</sup>, 永堀 淳志<sup>2</sup>, 藤倉 克則<sup>1</sup>, 大河内 直彦<sup>1</sup>  
TSUCHIYA, Masashi<sup>1\*</sup>, Takao Yoshida<sup>1</sup>, CHIKARAIISHI, Yoshito<sup>1</sup>, Yoshihiro Fujiwara<sup>1</sup>, Yuichi Umezu<sup>2</sup>, NAGAHORI, Atsushi<sup>2</sup>, FUJIKURA, Katsunori<sup>1</sup>, OHKOUCI, Naohiko<sup>1</sup>

<sup>1</sup> 独立行政法人海洋研究開発機構, <sup>2</sup> 広島大学大学院生物圏科学研究科環境循環系制御学専攻

<sup>1</sup>Japan Agency for Marine-Earth Science and Technology, <sup>2</sup>Graduate School of Biosphere Science, Hiroshima University

アミノ酸の窒素同位体比分析技術を用いて、海洋生態系を構成する海洋生物の進化や共生現象を介した環境への適応様式を理解し、海洋生物の共生系の仕組みを明らかにすることを目標に、化学合成生態系の二枚貝と化学合成微生物の共生系について、アミノ酸の窒素同位体比に基づく栄養段階の推定が共生系で適応できるか検討し、さらに共生系内での各組織における栄養段階を解析した。また、遺伝子からその代謝機能を推定するとともに、宿主の共生生物への依存度を明らかにし、共生を介した生態や進化を理解することは重要である。そこで本研究では、化学合成生態系で代表的な生物であるシロウリガイ類やシンカイヒバリガイ類と鰓組織に共生する化学合成微生物(以後共生菌と呼ぶ)との共生系について共生系内の窒素の動きを始めとした物質の動きを捉えることを目的とした。これまでの解析の結果、1) 宿主?共生系でも栄養段階推定を適用できることを明らかにした、2) 共生菌の種類や共生の様式によらず、シンカイヒバリガイ類とシロウリガイ類の栄養摂取形態に明瞭な違いが見られた。

シンカイヒバリガイ類では、共生菌の種類がメタン酸化細菌あるいは硫黄酸化細菌であっても、共生の様式が外部共生と内部共生の違いがあっても、基本的には、鰓と筋肉、共生菌のそれぞれの部位で栄養段階が1を示し、同じ栄養段階を示した。また、共生細菌を除去した個体では、栄養段階は部位ごとに変化し、天然の濾過食者のムラサキガイと同様の値をとることが明らかになった。多くのシンカイヒバリガイ類は、共生菌を獲得することで、共生菌と宿主の間のアミノ酸のやり取りが可能となることを示すとともに、共生菌によって産生されたアミノ酸が、分解をへずそのまま宿主で使われる可能性と、一部が共生菌に再利用されている可能性などが考えられた。

これに対してシロウリガイ類では、共生菌が存在する鰓と共生菌の存在しない組織で比較したところ、鰓に比べると共生菌の存在しない組織では、栄養段階が1上昇した。このことは、共生菌を保持し共生菌が産生するアミノ酸ごと消化するか、あるいは、共生菌が産生したアミノ酸を何らかの形で宿主が利用している可能性が考えられる。シマイシロウリガイ共生菌では、アミノ酸のトランスポーターが存在せず、細胞内の超微細構造の観察からも、共生菌自体の消化が検出されにくいことから、共生菌が宿主側に何らかの機能があるのかもしれない。

キーワード: アミノ酸窒素同位体比, 栄養段階, 宿主・共生系, 化学合成生態系, シロウリガイ類, シンカイヒバリガイ類  
Keywords: nitrogen isotope of amino acids, trophic position, host-symbiont relationships, chemosynthetic ecosystem, Calyptogena species, Bathymodiolus species