

How can environmental DNA help understanding chemosynthetic communities evolution and ecology?

How can environmental DNA help understanding chemosynthetic communities evolution and ecology?

Frederic Sinniger^{1*}, Hiromi WATANABE¹, Hiroyuki Yamamoto¹

Frederic Sinniger^{1*}, Hiromi WATANABE¹, Hiroyuki Yamamoto¹

¹Submarine Resources Research Project, JAMSTEC

¹Submarine Resources Research Project, JAMSTEC

Chemosynthetic environments in the deep sea harbor highly specialised communities. Those communities are often dominated by a few characteristic species. While the dominant macrofaunal species received lots of attention from the scientific community, other groups such as the meiofauna remain largely unknown. Benthic meiofauna groups organisms between 500 (1000) and 44 (31)micrometers living on or in the sediments. Meiofauna has been reported to be rare or less diverse in chemosynthetic environments such as hydrothermal vents compared to bathyal or abyssal plains. This is likely explained by the little availability of sediments samples as well as environmental characteristics of hydrothermal vents ecosystem. In shallow environments, meiobenthic communities have been shown to be sensitive to a variety of environmental parameters. In response to the steep gradients in multiple environmental parameters encountered in hydrothermal vents fields, it is expected that the patterns of chemosynthetic communities will be complex and meiobenthos will be reflecting such environmental changes accurately. However, low abundance of organisms and difficulty to collect samples from these environments are a major issue towards the investigation of meiofaunal diversity and biogeographical patterns.

Metagenetics is the part of metagenomics consisting in sequencing one homologous marker from environmental DNA. This method offers new perspectives to investigate the taxonomic composition of the communities inhabiting ocean seafloor. In comparison to more traditional methods based on sorting of organisms, environmental DNA allows to detect rare species in an environment, even if only fragment of organisms or DNA are present in the sampled sediments. Moreover, metagenetics approach allows the estimation of taxonomic richness and distribution across multiple phyla in parallel.

Our study focused on environmental DNA extracted from sediments samples collected in the Iheya North hydrothermal vent field in the Okinawa Trough. In the research cruise NT12-27, eight sediment cores were obtained from 3 sites within the vent field. One is located near a site of active hydrothermal venting, while the other two sites are distant from the active vent. The core samples were sliced in five layers of 1cm thickness, and three replicates were sub-sampled from each layer. Environmental DNA was extracted independently from less than 1 g sediments from each replicate.

Large amounts of DNA were obtained from the core sample from the active area covered by white matter, while the samples collected in inactive zones yielded very low amounts of DNA. Here we will present the preliminary results obtained from the sequence data of this environmental DNA, and discuss on the usefulness of this metagenetic protocol to determine the diversity of meiobenthic community.

キーワード: Biodiversity, Environmental DNA, Meiobenthos, Iheya North

Keywords: Biodiversity, Environmental DNA, Meiobenthos, Iheya North

グリグリできる 3D-CT 深海生物 WEB 版の公開 - CT データを利用した化学合成生物の研究と教育普及活動 - CT scanned deep-sea creatures -using CT data of chemosynthetic animals for research and education-

ジェンキンス ロバート^{1*}, 岩下 智洋²
Robert Jenkins^{1*}, Tomohiro Iwashita²

¹ 金沢大学理工研究域自然システム学系, ² 有限会社ホワイトラビット

¹School of Natural System, College of Science and Engineering, Kanazawa University, ²White Rabbit Corporation

【概要】

今回、現生の化学合成生物を含む深海生物の X 線 CT 撮影し、得られた断層画像から PC 上に深海生物を復元できる CT データを、東京大学大気海洋研究所ホームページにおいて、「グリグリできる!? 3D-CT 深海生物」として公開した (<http://www.aori.u-tokyo.ac.jp/project/3D/index.html>)。ホームページでは CT データに加えて、CT データから復元した深海生物の動画と解説も掲載している。本 CT データは、教育普及目的はもちろんのこと、研究にも利用できるので、積極的にご活用いただきたい。

【CT 撮影した標本】

これまでに約 40 種の深海生物の X 線 CT 撮影を行った。ホームページ上では現在約 20 種を公開しているが、順次追加予定である。撮影した標本の多くは、東京大学大気海洋研究所や JAMSTEC、国立科学博物館などに収蔵されており、CT データと実物標本とを対照させることが可能である。CT 撮影は、コムスキャンテクノ(株)において、ScanXmate-D150-S270 を利用して行った。

【CT データの利用】

CT データは、1 個体につき数百枚の断層画像 (Tiff 形式) と画像から 3 次元復元するための情報を書き込んだ mol ファイル (拡張子 .mol) からなる。mol ファイルを、(有) ホワイトラビットの Molcer (フリーソフト; Windows 専用) で開くと、PC 上で該当の深海生物を 3 次元復元できる。mol ファイルに書き込まれた情報によるが、深海生物の外形像やレントゲン写真のような透視像、軟体部と硬組織を色分けした像を復元可能である。3 次元復元した深海生物は、マウスのドラッグやスクロールによって、グリグリと回転させたり拡大縮小できる。外形像表示時にスライス機能を用いて深海生物の断面も表示できる。断面位置は自由に設定できる。

CT データをうまく活用すれば、採集しにくい深海生物の形態情報を簡易的に得ることができ、また、ある部位の表面積や体積などの計算も可能となるので、研究にも広く用いることができると期待している。

キーワード: 断層撮影, X 線, 化学合成生物, 生体鉱物

Keywords: X-ray, chemosynthetic animals, biomineralization, 3D

フィリピン, レイテ島北西部の鮮新 更新統から産出する化学合成群集と共産する底生有孔虫群集 Benthic foraminiferal assemblages associated with chemosynthetic bivalves from the Plio-Pleistocene in the Leyte Island

岡田 明莉^{1*}, 間嶋 隆一¹, 河潟 俊吾¹, 加瀬 友喜², 南條 雄大¹, 野崎 篤¹, 宇都宮 正志¹, ジェンキンス ロバート³, 和仁 良二¹, Maac-Aguilar, Yolanda⁴, Fernando, Alan Gil S.⁵, 林 広樹⁶

Akari Okada^{1*}, Ryuichi Majima¹, SHUNGO KAWAGATA¹, Tomoki Kase², Takehiro Nanjo¹, Atsushi Nozaki¹, Masayuki Utsunomiya¹, Robert Jenkins³, Ryoji Wani¹, Yolanda Maac-Aguilar⁴, Alan Fernando Gil S.⁵, Hiroki Hayashi⁶

¹ 横浜国立大, ² 国立科学博物館, ³ 金沢大, ⁴ フィリピン鉱山地質局, ⁵ フィリピン大, ⁶ 島根大

¹Yokohama Natl. Univ., ²Natl. Mus. Nat. Sci., ³Kanazawa Univ., ⁴Mines Geosci. Bureau, Philippines, ⁵Univ. Philippines, ⁶Shimane Univ.

レイテ島北西部の Cambuntug 岬 (Majima et al., 2010 の locality 1 と 3) に露出する泥岩層からシロウリガイ類化石が、また Antipolo 岬に露出する砂質泥岩層からツキガイ類化石が産出する。浮遊性有孔虫化石と石灰質ナンノ化石から、両層とも 3.97-1.77 Ma の間に堆積した地層である。本研究では、メタン湧水活動と底生有孔虫群集の関係を明らかにするために、メタン湧水場の指標である化学合成二枚貝化石群集や自生炭酸塩と、底生有孔虫化石群集の解析試料の位置関係及び層位関係を明確にした上で、底生有孔虫化石群集を記載、比較した。

堆積物試料は、Cambuntug 岬のシロウリガイ類化石産出層の基質から S551, S556 (以上の 2 試料は locality 1), B2-B3, C2-C3 (以上の 2 試料は locality 3) の 4 試料、シロウリガイ類化石が産出しない地層から B1, C1, B4, C4, S605, S606 の 6 試料を採取した。Antipolo 岬では、ツキガイ類化石産出層の基質から S703, S704, S707 の 3 試料、ツキガイ類化石の産出しない地層から S701, S702 の 2 試料を採取した。堆積物試料から 125 μm サイズ以上の底生有孔虫化石を 1 試料あたり約 200 から 300 個体拾い出した。

得られた全 15 試料の底生有孔虫化石群集を Q モードクラスター解析した結果、大きくは Cambuntug 岬の試料と、Antipolo 岬の試料の 2 つのグループに分かれた。両者は岩相が異なることから、この結果は堆積環境に規制されたものと考えられる。さらに Cambuntug 地域の試料は、以下の 2 つのサブグループに分かれた。第一のサブグループは、シロウリガイ類化石と共産する底生有孔虫化石群集 S551, S556, B2-B3, C2-C3 と、シロウリガイ類化石とは共産しない B1, C1 からなる。第二のサブグループはシロウリガイ類化石とは共産しない B4, C4, S605, S606 からなる。シロウリガイ類化石と共産する試料の底生有孔虫化石群集はひとつのグループにまとめられることから、メタン湧水の影響が反映された群集であると考えられる。シロウリガイ類化石とは共産しない B1, C1 が、共産する S551, S556, B2-B3, C2-C3 と同じグループになったのは以下の理由が考えられる。B1, C1 は、シロウリガイ類化石が産出する B2-B3, C2-C3 の直下の層準である。B1, C1 を採取した層準と、その上位のシロウリガイ類化石が産出する B2-B3, C2-C3 試料を採取した層準との間で、シロウリガイ類化石が徐々に産出する。このことから、B1, C1 試料の層準では、既にメタン湧水が始まっていた可能性が考えられる。一方、Antipolo 岬の試料では、ツキガイ類と共産する試料と共産しない試料の間に違いは見られず、明確なグループ分けは出来なかった。

シロウリガイ類は半埋没性の二枚貝で海底の極近傍にまで硫化水素が達する環境に生息すると考えられる。一方のツキガイ類は深潜没性の化学合成二枚貝類として知られており、シロウリガイ類よりも海底深く潜没する。このことを考えると、ツキガイ類が生息している場所においては、硫化水素は海底深くに存在し、海底表層部にはなかった可能性がある。以上のことから海底面表層に生息する底生有孔虫群集は、シロウリガイ類生息地では硫化水素の影響を強く受け、ツキガイ類生息地ではその影響を殆ど受けなかった結果、共産する化学合成二枚貝によって、底生有孔虫群集の構造に差異を生じたと考えられる。

キーワード: 底生有孔虫, メタン湧水, 化学合成群集, フィリピン, 鮮新世, 更新世

Keywords: benthic foraminifera, methane seepage, chemosynthetic assemblages, Philippines, Pliocene, Pleistocene

神奈川県中央部に露出する更新統中津層群塩田層から産出する冷湧水性化学合成化石群集

A fossil cold-seep assemblage from the Pleistocene Shioda Formation, Nakatsu Group, central Japan

辻 健太¹, 南條 雄大², 宇都宮 正志^{2*}, ジェンキンス ロバート³, 野崎 篤², 間嶋 隆一¹, 和田 秀樹⁴

Kenta Tsuji¹, Takehiro Nanjo², Masayuki Utsunomiya^{2*}, Robert Jenkins³, Atsushi Nozaki², Ryuichi Majima¹, Hideki Wada⁴

¹ 横浜国大教育人間科学部地球環境課程, ² 横浜国大環境情報学府, ³ 金沢大学理工研究域, ⁴ 静岡大学理学部

¹Faculty of EdHS, Yokohama Nati. Univ., ²Env. and Info. Sci., Yokohama Nati. Univ., ³Institute of Science and Engineering, Kanazawa Univ., ⁴Department of Science, Shizuoka Univ.

神奈川県中央部の相模川沿岸には鮮新統から更新統の中津層群が露出する。本研究の対象である相模原市田名の相模川左岸の露頭には、中津層群上部の更新統塩田層が露出し (Ito, 1985; 植木ほか, 2007), 化学合成大型二枚貝であるツキガイ類化石やオウナガイ類化石が産出する (Okumura and Ueda, 1998)。これらの二枚貝化石群集が冷湧水に依存していた可能性を検証するため、大型二枚貝化石の産状や炭酸塩コンクリーションの記載および分析を行った。

研究対象である露頭 (全層厚 11.4 m) においては軽石質凝灰岩層 (層厚数 cm から数 10 cm) や泥質砂岩層 (層厚数 10 cm) を挟在する砂質泥岩層が卓越し、上部 1.4 m に泥岩層が露出する。大型二枚貝化石は泥質砂岩層、砂質泥岩層および泥岩層から散在的に産出する。採取された大型二枚貝化石は *Lucinoma* sp. (ツキガイ類) と *Conchocele* sp. (オウナガイ類) と同定された。合併率を露頭下底から上位 2.86 m の区間で調べたところ、85%であった。このことから、大型二枚貝化石は生息場からほとんど運搬されていないと考えられる。

自生炭酸塩コンクリーションは泥質砂岩層と砂質泥岩層および軽石質凝灰岩層から散在的に産出する。このうち、軽石質凝灰岩層直上の層状コンクリーション (試料 A: 露頭下底から上位 3.7 m)、ノジュール状コンクリーション (試料 B: 露頭下底から上位 2.9 m) およびノジュール状コンクリーション (試料 C: 露頭下底から上位 1.7m) の 3 試料を採取した。各試料からドリルで採取した粉末試料に含まれる炭酸塩鉱物は、A-1, A-2 (ともに試料 A から採取) は high-Mg calcite, B (試料 B から採取) は high-Mg calcite 88.6 wt% と dolomite 11.4 wt%, C (試料 C から採取) は dolomite であった。また、炭素・酸素同位体比 (^{13}C , ^{18}O vs PDB) はそれぞれ A1 (-31.2 ‰, 1.3 ‰), A-2 (-33.3 ‰, 1.3 ‰), B (-30.6 ‰, 1.2 ‰), C (-22.6 ‰, 2.6 ‰) となった。このように high-Mg calcite が優占する A-1, A-2 および B は低い炭素同位体比を示し、嫌氣的メタン酸化由来の溶存無機炭素から沈殿した自生炭酸塩鉱物であることを示している。

以上の結果から、調査露頭から産出するツキガイ類化石やオウナガイ類化石は、メタンを含む冷湧水に依存していた化学合成化石群集であると考えられる。

キーワード: 中津層群, 冷湧水性化学合成化石群集, 更新世

Keywords: Nakatsu Group, fossil cold-seep assemblage, Pleistocene