

研究成果報告書

研究テーマ (和文)	集団ゲノム解析を用いた日本の宝石サンゴの系統遺伝解析および遺伝構造の解明		
研究テーマ (英文)	Phylogenetics and Population genetic structure of Japanese precious corals using population genomic analysis		
研究期間	2018年 ~ 2020年		研究機関名 宮崎大学
研究代表者	氏名	(漢字)	安田 仁奈
		(カタカナ)	ヤスダ ニナ
		(英文)	Nina Yasuda
	所属機関・職名	宮崎大学 准教授	
共同研究者 (1名をこえる場合は、別紙追加用紙へ)	氏名	(漢字)	
		(カタカナ)	
		(英文)	
	所属機関・職名		

概要 (600字~800字程度にまとめてください。)

宝石サンゴは地中海・日本・台湾・ミッドウェー・ハワイなどに分布する八放サンゴ8種の総称で、日本の宝石サンゴの原木は大きく美しいために世界的にも人気が高く、アカサンゴ、シロサンゴ、モモイロサンゴの3種は、日本の数少ない天然資源である。しかし近年の日本の宝石サンゴの人気と需要にともない、2014年以降、中国の日本国内における違法漁業が問題になるほか、宝石サンゴの漁獲圧は高まる一方である。宝石サンゴの成長速度は非常に遅く、1年間に0.15mmしか成長しないことが分かっており、このまま宝石サンゴの生殖の実態や再生産のメカニズムも分からないまま漁獲を続ければ絶滅の一途を辿る危険性がある。宝石サンゴは固着性の生物であるものの、受精したのちに浮遊幼生期間を持ち、親とは異なる場所に着底する。そのため、宝石サンゴを保全していくためには、まず、どの程度の空間範囲で互いに受精をしたり、幼生が行き来したりする生殖集団を形成しているのかを調べるのが重要な知見となる。また、環境変化に対する脆弱性の指標として、遺伝的多様性の評価を行ったり、種の位置づけがはっきりしないものについては、遺伝的にはっきりとさせたりすることが重要である。本研究では、最新のゲノムワイド解析であるMIG-seq法を用いて、集団ゲノム解析および系統地理解析を行った。まず、既存の遺伝子マーカーでは種の区別がつかず、同種かどうかは明らかではなかったシロサンゴとモモイロサンゴについて、ゲノムワイド解析でははっきりと異なる2種であることが証明され、両種間では交雑もほとんど起きていないことを明らかにした(Takata et al. 2019 PeerJ)。さらに、四国の南西の海域で、シロサンゴとアカサンゴの遺伝的多様性と遺伝分化係数を調べたところ、シロサンゴの方が遺伝的多様性は低く、環境変化への脆弱性が示唆されたのに対して、アカサンゴでは分化係数が大きく、地域絶滅のリスクが高いことを明らかにした(Takata et al. CWMD 2019)。さらにアカサンゴで空間自己相関解析を行った結果、アカサンゴの配偶子や幼生は、11km以内の範囲にしか分散できないため、この空間範囲内で漁業圧が過剰にかけると地域絶滅するリスクが高いことを明らかにした(Takata et al. 2021 Frontiers in Marine Science)。

発表文献（この研究を発表した雑誌・図書について記入してください。）						
雑誌	論文課題	Genome-wide SNPs data revealed significant spatial genetic structure in the deep-sea precious coral <i>Corallium japonicum</i>				
	著者名	Kenji Takata, Fumihito Iwase, Akira Iguchi, Hideaki Yuasa, Hiroki Taninaka, Nozomu Iwasaki, Kouji Uda, Tomohiko Suzuki, Masanori Nonaka, Taisei Kikuchi and Nina Yasuda	雑誌名	Frontiers in Marine Science (Accepted on May 19 2021)		
	ページ	～	発行年	2 0 2 1	巻号	
雑誌	論文課題	Multiplexed ISSR genotyping by sequencing distinguishes two precious coral species (Anthozoa: Octocorallia: Coralliidae) that share a mitochondrial haplotype				
	著者名	Kenji Takata, Hiroki Taninaka, Masanori Nonaka, Fumihito Iwase, Taisei Kikuchi, Yoshihisa Suyama, Satoshi Nagai and Nina Yasuda	雑誌名	PeerJ		
	ページ	～	発行年	2 0 1 9	巻号	
雑誌	論文課題	Comparison of the genetic diversity and connectivity of the commercially important precious corals <i>Corallium japonicum</i> and <i>Pleurocorallium konojoi</i> using high throughput sequencing and the implications for conservation				
	著者名	Kenji Takata, Hiroki	雑誌名	CWMD Proceedings		
	ページ	～	発行年	2 0 1 9	巻号	1

英文抄録 (100 語～200 語程度にまとめてください。)

Despite being one of the few importance marine resources of Japan, precious coral species are one of the most threatened marine organisms that suffered from overharvesting and poaching. To obtain basic knowledge for the conservation of previous coral species, we have applied genome-wide population genomic analysis called MIG-seq for three major precious coral species in Japan. First we clarified the species boundaries between *Pleurocorallium elatius* and *P. konojoi* are distributed in Japanese waters that shared mitochondrial haplotypes (Takata et al. 2019 PeerJ). Then we compared genetic diversity and structure of *P. konojoi* and *Corallium japonica*, *P. konojoi* has lower genetic diversity indicating more vulnerable for environmental change while *C. japonica* has stronger genetic differentiation between neighboring populations indicating limited larval dispersal (Takata et al. 2019 CWMD). Finally, by applying spatial autocorrelation analysis, we demonstrated larval and gamete dispersal of *C. japonica* is limited within 11 km that is very useful for conservation (Takata et al. 2021 Frontiers in Marine Science).

研究代表者名 安田仁奈

共同研究者	氏名	(漢字)		
		(カタカナ)		
		(英文)		
	所属機関・職名			
	氏名	(漢字)		
		(カタカナ)		
		(英文)		
	所属機関・職名			
	氏名	(漢字)		
		(カタカナ)		
		(英文)		
	所属機関・職名			
氏名	(漢字)			
	(カタカナ)			
	(英文)			
所属機関・職名				