

マナマコの種苗生産の障害となる胃萎縮症の微生物群集構造を解析

～マナマコ種苗の安定的な生産基盤の構築に期待～

ポイント

- ・ マナマコ種苗生産の障害となる胃萎縮症を発症した幼生のメタゲノム解析を初めて実施。
- ・ 健全な幼生の微生物群集構造と比べ、胃萎縮症を発症した幼生で占有率が有意に高い微生物群を把握。
- ・ その中で、魚介類に対して病原性を示す *Tenacibaculum* 属を胃萎縮症の一因として示唆。

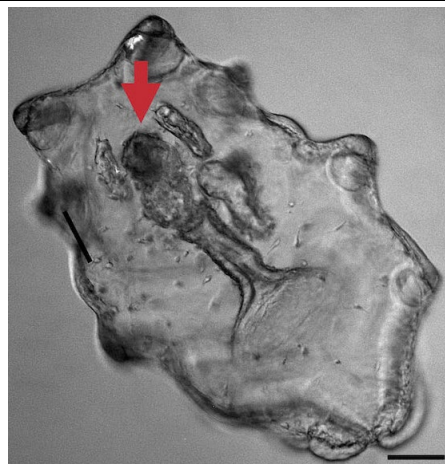
概要

北海道大学大学院水産科学院博士後期課程3年の俞 隼文氏（北海道大学 DX 博士人材フェローシップ生）、同大学大学院水産科学研究所の澤辺智雄教授、北海道立総合研究機構水産研究本部函館水産試験場の酒井勇一主任主査らの研究グループは、メタゲノム技術^{*1}を用い、マナマコの種苗生産の障害となる胃萎縮症^{*2}の原因微生物を初めて推定しました。

高たんぱく質で栄養価が高いマナマコは、アジア圏で取引が多くなっている水産物の一種ですが、乱獲などによって天然資源が著しく減少しています。マナマコの一大産地でもある北海道では、酒井主任主査らの尽力により、開発されたマナマコの種苗生産技術が実用化されています。しかし、浮遊幼生期に原因不明の疾病による減耗が生じることがあり、その安定的な種苗生産に向け、多面的な研究が必要不可欠でした。

マナマコ幼生の胃萎縮症は、浮遊幼生期に起こる疾病の一つですが、今まで原因究明が行われておらず、有効な防除法はありません。本研究では、種苗生産施設にて、胃萎縮症を発症したマナマコ幼生の微生物群集構造を、メタゲノム技術を用いて、初めて明らかにしました。その結果、健康なマナマコ幼生の微生物群集構造に比べ、胃萎縮症のマナマコ幼生では、6種の細菌と2種の真核微生物の占有率が有意に増加していました。このうち、*Tenacibaculum* 属は、魚介類の病原性種を含む細菌であることから、胃萎縮症の一因として見いだされました。また、追加実験として、同施設にて過去にウニの病原菌として単離された *Tenacibaculum* 属細菌^{*3}を用い、マナマコ幼生に人為感染実験を行ったところ、胃萎縮症様症状が再現されたため、この菌群が一因であると示唆されました。今後、マナマコ幼生からの原因細菌の分離とその感染動態の解明及び防疫対策が必要になりますが、本研究成果はマナマコ種苗の安定的な生産基盤の構築に対する貢献が期待されます。

なお、本研究成果は2023年8月30日（水）に *Frontiers in Marine Science* 誌に公開されました。



胃萎縮症のマナマコ幼生

【背景】

マナマコは乱獲などにより、天然資源が著しく減少しています。酒井主任主査らの尽力によって開発されたマナマコの種苗生産技術は、北海道内の多くのマナマコ種苗生産施設で利活用され、全道的な種苗の供給体制の構築に寄与しています。

しかしながら、この種苗生産の過程で、原因不明の疾病による減耗が生じることがあり、マナマコの安定的な種苗生産に向け、原因究明が待たれています。稚ナマコの採苗にいたるまでの減耗の一要因として知られているマナマコ幼生の胃萎縮症 (p1 図) も、今まで原因究明が行われていなかった疾病の一つです。

【研究手法】

本研究では、胃萎縮症を発症したマナマコ幼生の微生物群集構造を、メタゲノム技術 (16S アンプリコンシーケンス及びメタゲノムショットガンシーケンス) を用いて明らかにしました。この微生物群集構造と本学大学院水産科学研究院の海洋微生物研究室で集積していた健康なマナマコ幼生の微生物群集構造データと比較し、胃萎縮症のマナマコ幼生で有意に占有率が高い微生物の推定を行いました。

【研究成果】

胃萎縮症のマナマコ幼生では、*Oceanicoccus* (7.1%)、*Ruegeria* (5.6%)、*Nioella* (4.4%)、*Labrenzia* (4.2%)、*Tenacibaculum* (3.6%)、*Muricauda* (3.2%) に属する細菌の占有率が有意に高いことが分かりました。これらは健康なマナマコ幼生や飼育海水ではほとんど検出されませんでした。また、より詳しい群集構造解析によって、これら6種の細菌と胃萎縮症との関連性も視覚化されました (図1)。その中で、*Tenacibaculum* 属の細菌は、魚介類の病原性種を含む細菌であることから、胃萎縮症の一因として候補に挙がりました。その後の追加実験により、胃萎縮症が見られた種苗生産施設から、過去にウニの病原菌として分離された *Tenacibaculum* 属細菌を、マナマコの浮遊幼生に人為感染させたところ、胃萎縮症様の症状が再現されたことから、この菌群が胃萎縮症の一因であることが示唆されました。さらに、メタゲノム解析では、胃萎縮症のマナマコ幼生に、ビタミンB合成、炭水化物代謝、アミノ酸代謝、チトクロームC合成、ATP合成、病原性遺伝子アイランドに関わる遺伝子が有意に多く検出され、胃萎縮症個体における病原細菌の増殖を反映しているものと推察しました。

【今後への期待】

本研究では、マナマコ幼生の胃萎縮症が、微生物の感染により生じている可能性を示唆しました。しかしながら、胃萎縮症を発症した個体からの微生物の分離培養はまだできていません。今後、原因微生物の分離を進め、感染実験を繰り返すことにより、感染動態の解明が期待できます。また、これらの成果を蓄積することで、効果的な防疫対策の考案が可能になり、マナマコ種苗の初期減耗を抑制した一層安定的な種苗生産基盤の構築に資することが期待されます。

【謝辞】

本研究の一部は、北海道大学 DX 博士人材フェローシップ及び日本学術振興会の科学研究費補助金 (19K22262) の支援を受け、実施されました。

論文情報

論文名 Inferring potential causative microbial factors of intestinal atrophic disease in the sea cucumber *Apostichopus japonicus* (マナマコ幼生の胃萎縮症の潜在的な微生物要因の推測)
著者名 俞 隼文^{1*}、澤辺智雄^{2*}、山野瞭太¹、小池笙太郎¹、酒井勇一³、美野さやか² (1北海道大学大学院水産科学院、²北海道大学大学院水産科学研究院、³北海道立総合研究機構水産研究本部函館水産試験場) *共同筆頭著者
雑誌名 Frontiers in Marine Science (海洋科学を幅広く扱うオープンサイエンス誌)
DOI 10.3389/fmars.2023.1225318
公表日 2023年8月30日(水)(オンライン公開)

お問い合わせ先

北海道大学大学院水産科学研究院 教授 澤辺智雄 (さわべともお)

T E L 0138-40-5569 メール sawabe@fish.hokudai.ac.jp

U R L <https://www2.fish.hokudai.ac.jp/faculty-member/sawabe-tomoo/>

<https://researchers.general.hokudai.ac.jp/profile/ja.24b04e78bac629fd520e17560c007669.html>

配信元

北海道大学社会共創部広報課 (〒060-0808 札幌市北区北8条西5丁目)

T E L 011-706-2610 F A X 011-706-2092 メール jp-press@general.hokudai.ac.jp

【参考図】

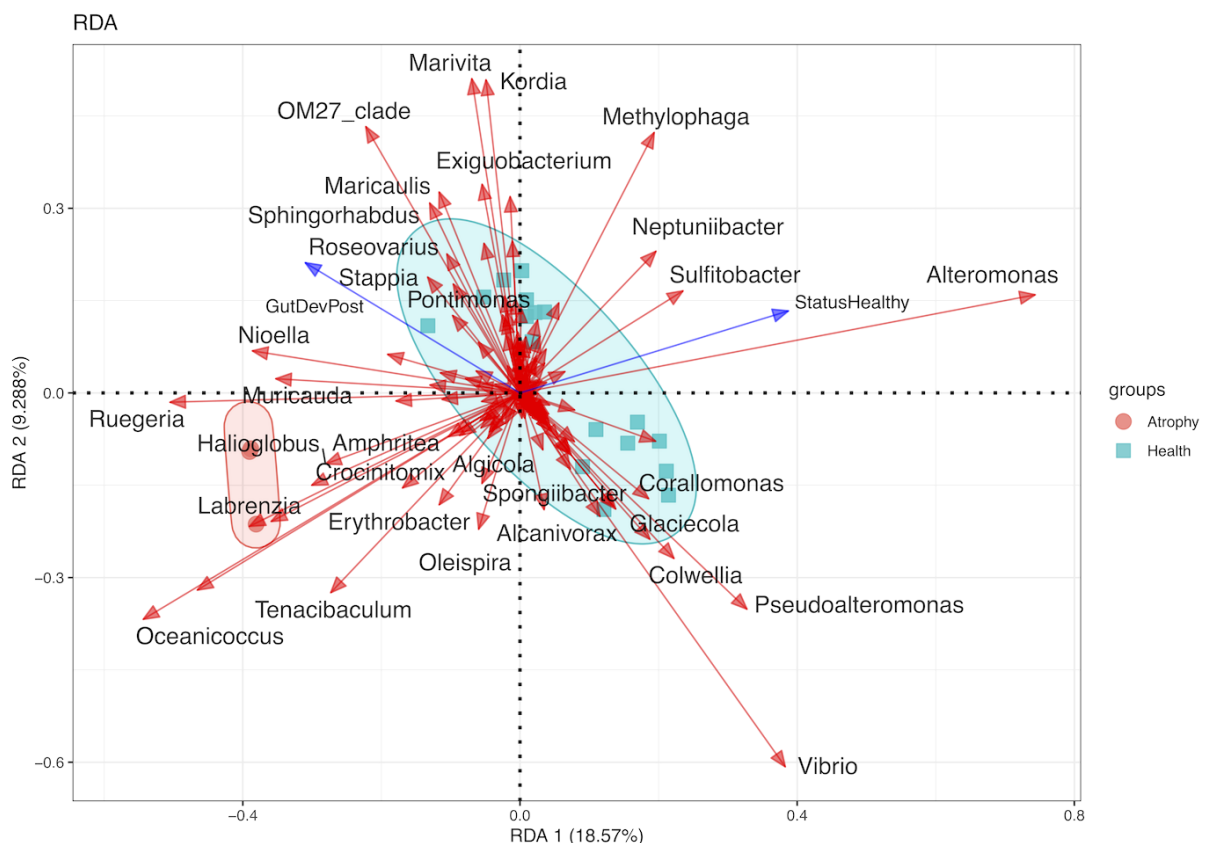


図 1. 胃萎縮症を発生したマナマコ幼生の微生物群集構造解析例

【用語解説】

- *1 メタゲノム技術 … 微生物の培養を行うことなく、特定の遺伝子（小サブユニット rRNA 遺伝子など）やゲノムの断片の塩基配列を決定することで、環境に存在する微生物の群集構造、ゲノム配列及び遺伝子機能を推定または特定する技術。
- *2 胃萎縮症 … マナマコの浮遊幼生の胃が退縮し、摂餌不良となることで、減耗につながる原因不明の疾病。
- *3 *Tenacibaculum* 属細菌 … グラム陰性の比較的長い桿状の海洋細菌で、魚介類の病原性種を含むことが知られている。*T. maritimum* が最もよく知られている病原種であり、魚類の体表の潰瘍、壊死などの症状を引き起こす。