

平成 21 年度
調査研究・技術開発助成事業

サンゴ礁域におけるサンゴ病原細菌の迅速モニタリング技術の開発
成果報告書

平成 22 年 3 月
長崎大学大学院生産科学研究科
和田 実

実施内容及び成果の要約

サンゴの病原菌として知られるビブリオ科細菌基準株について、16S-23S リボソーム RNA 遺伝子間に存在する Internal Transcribed Spacer 領域の断片長多型 (ITS フラグメントパターン) を明らかにするとともに、沖縄美ら海水族館サンゴ水槽の海水、および同水槽内のコエダミドリイシサンゴに存在する細菌群集についても、同様に ITS フラグメントパターンの解析技術を確立した。その技術を用いて、表皮組織の壊死症状が認められるコエダミドリイシサンゴと、その近傍海水中の細菌群集、およびサンゴ組織から分離した細菌株について ITS フラグメントパターンを比較し、ビブリオ科細菌によるサンゴ感染症の指標となる特定の ITS フラグメントを複数見いだした。罹患サンゴから分離された細菌株の 16S rRNA 遺伝子配列は、*Vibrio harveyi* および *V. shiloi* と高い相同性を示し、これらのビブリオ科細菌がコエダミドリイシサンゴの組織壊死症状の原因菌である可能性が強く示唆された。

今後予想される効果

本事業で確立した 16S-23S リボソーム RNA 遺伝子間の ITS フラグメントパターンの解析技術 (RISA 法) は、簡便、迅速かつ高い再現性で、サンゴの感染症と関連する細菌群を検出、判別することができる。一般に、RISA 法による ITS フラグメントのシグナル強度は、その由来となる細菌の存在量と正の相関があることから、今後、この技術を用いることで、美ら海水族館におけるコエダミドリイシサンゴの感染症原因細菌の動態、すなわち、水槽内における数的な変動を容易に監視できると期待される。また、この手法の簡便さを活かして、水槽内の全常在細菌群集モニタリングをルーチン的に実施できるため、水質の変動や、他の病原微生物の監視にも役立つと期待される。さらに、水族館だけでなく、野外のサンゴ生息環境にも、本技術を適用することにより、サンゴ礁生態系における細菌群集の動態を把握することが容易になり、細菌によるサンゴ感染症の予防や保全対策に貢献するものと期待される。