

赤潮プランクトンのルーツに迫る—DNAからわかる 分布拡大メカニズム—

メタデータ	言語: Japanese 出版者: 公開日: 2024-07-19 キーワード (Ja): キーワード (En): 作成者: 長井, 敏 メールアドレス: 所属:
URL	https://fra.repo.nii.ac.jp/records/2010341

This work is licensed under a Creative Commons Attribution 4.0 International License.



赤潮プランクトンのルーツに迫る

— DNAからわかる分布拡大メカニズム —

長井 敏（瀬戸内海区水産研究所 赤潮環境部 有毒プランクトン研究室）

1. はじめに

近年になり、世界各地の沿岸で海産ほ乳類の大量斃死や食用貝類の毒化現象を引き起こす新奇の有害・有毒プランクトンが台頭し、その地球規模の分布の拡大（以下、グローバル化）が新たな環境問題となっています。

このグローバル化の要因については、船舶の浮沈を調節するバラスト水や水産種苗の移植等を介した海外からの移入、さらに地球温暖化などによる沿岸域の環境変化の影響などが推測されています。バラスト水対策や水産種苗の運搬に対する規制が求められていますが、その間も有害・有毒プランクトンのグローバル化は続いており、それらの伝搬ルート解明や蔓延阻止については必ずしも実効性を伴っていないのが現状です。

伝搬ルートの解明には有害・有毒プランクトンの個体群を識別する技術、移入・侵入種を判別する技術が必要ですが、これまで植物プランクトンの種内で個体レベルの識別ができる遺伝子解析技術は開発されていませんでした。

2. コクロディニウムの発生と分布拡大

本研究の対象種である有害赤潮藻コクロディニウムは、近年その分布域を拡大させ、主に熱帯から温帯域を中心とした世界の沿岸域に広く分布するようになってきました。本種は、無性的二分

裂で栄養繁殖（図1左）し、環境不適期にはヒアリンシスト（図1右）と呼ばれる耐久性のある種（たね）を形成して過ごすと考えられています。

日本でのコクロディニウムによる最初の被害は、1979年に長崎県橋湾や熊本県八代海でブリやタイの斃死として発生し、それ以降、2000年代前半までの間に、8億円程度の漁業被害が生じています。

1970年代は、橋湾や八代海でのみ発生が見られたのに対して、それ以降は分布が拡大し、2000年代に入ると、浜名湖、日本海沿岸域（山陰沿岸）で赤潮が発生し（図2）、クロアワビ・サザエ・バフンウニなど、磯根資源として重要な魚介類を大量に死滅させ、日本海でも初めて有害赤潮による被害が生じました。特に、クロアワビ、サザエなどは、商品サイズにまで成長するのに、数年を要するといわれていますので、商品サイズが大量に死滅すると、大きな損害を被ることになります。山陰沿岸は、瀬戸内海より貧栄養で透明度も高く、これまで有害赤潮の発生とは無縁の海域といわれ

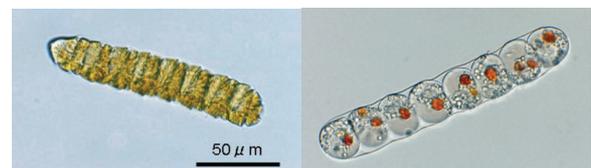


図1 有害赤潮藻コクロディニウム ポリクリコイデスの顕微鏡写真 左、栄養細胞；右、ヒアリンシスト（耐久性細胞）

ていました。

また、韓国沿岸域では、1992年から漁業被害が報告されていて、これまで200億円もの被害を被っており、深刻な社会問題となっています。

3. なぜ、貧栄養の山陰沿岸で赤潮が発生？

鳥取県の水産試験場の担当者によると、現場調査において、クロロディニウムが韓国沿岸で大量発生した数日～数十日後に山陰沿岸域でも本種の赤潮が観測されています。また、平成15年および17年に韓国沿岸で本種の大規模な赤潮が発生した時に、人工衛星画像により、クロロフィル a の高濃度帯が、韓国沿岸から東進し山口県萩市周辺沿岸へ漂着し、その後、さらに山陰沿岸に沿って東方へ流れていくのが確認されています。

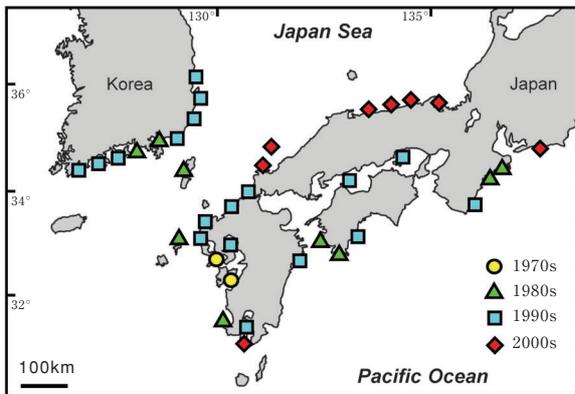


図2 コクロディニウムのグローバル化の様子

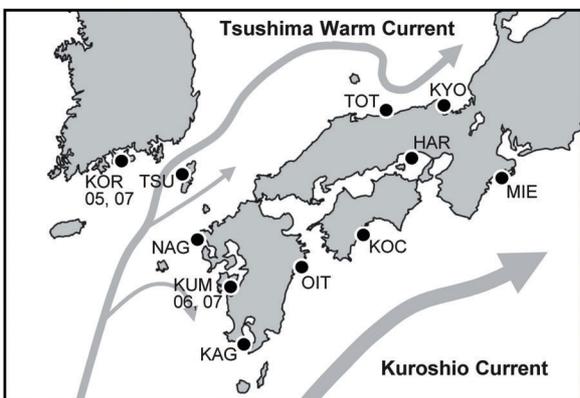


図3、表1 コクロディニウムの採集地点 (図中の文字は地点名の略称)

これらのことから、韓国沿岸を起源として植物プランクトンの分布が拡大し、それに伴いクロロディニウムが山陰沿岸まで広がってきたことが推測されます。

4. 赤潮プランクトンのルーツを探るためのツール開発

赤潮プランクトンのルーツを探るには、その遺伝情報 (DNA) を解析することが有効です。DNAは、「A」、「T」、「C」、「G」で表される塩基と呼ばれる4種類の物質が膨大な数でつながったものです。この中でもマイクロサテライト (以下、MS) と呼ばれる部分は、例えば「CA」や「CAGA」など単純な2～7個の塩基配列が繰り返し現れる特徴的な構造をしており、さらに、MSの構造は個体ごとに異なります。

このMSの性質を利用して、山陰沿岸に発生するクロロディニウムのルーツを調べられないかと考えました。このためにクロロディニウムのDNA解析を行い、個体群・個体判別が可能なMSの特徴的構造を検索し、MSマーカーと呼ばれる目印を15個見出すことに成功しました。

表1 コクロディニウムの採集地点と確立した株数

採集海域	略称	採集年	分析株数
大分県猪串湾	OIT	2005	22
長崎県九十九島	NAG	2005	45
兵庫県播磨灘	HAR	2005	33
韓国Yeosu	KOR05	2005	48
長崎県対馬	TSU	2005	47
鳥取県長早生	TOT	2005	25
三重県五ヶ所湾	MIE	2005	36
熊本県八代海	KUM06	2006	48
京都府栗山湾	KYO	2005	44
鹿児島県山川湾	KAG	2005	16
高知県野見湾	KOC	2005	32
熊本県八代海	KUM07	2007	18
韓国Yeosu	KOR07	2007	7

平成17年から19年にかけて、日本および韓国沿岸の11地点（図3、表1）から本種を含む海水をサンプリングし、サンプル毎に7から48株の合計421株を培養株として確立しました。日本海に出現した個体群のルーツを明らかにするため、上記の見出したMSマーカーを用いて、集団遺伝学解析を実施しました。播磨灘と韓国沿岸から分離した株を解析すると、同じ種でありながらバンドパターンが大きく異なり、両者が明らかに異なる遺伝的背景を持つ個体群であることが判明しました。

5. 集団遺伝構造から見てきた分布拡大メカニズム

MSマーカーを使って個体群間の遺伝的距離を調べると、日本海に分布する個体群（赤色の枠）は遺伝距離が小さく、極めて近縁であることを示しています。（図4）の紺色の枠は八代海の個体群を示しますが、これからサンプリング年が異なっても遺伝子構造は安定で変化せず、八代海固有の個体群が存在することが判明しました。残りの個体群は、図の黄色の枠でまとまりましたが、遺伝距離が日本海や八代海の個体群より大きいことがわかります。

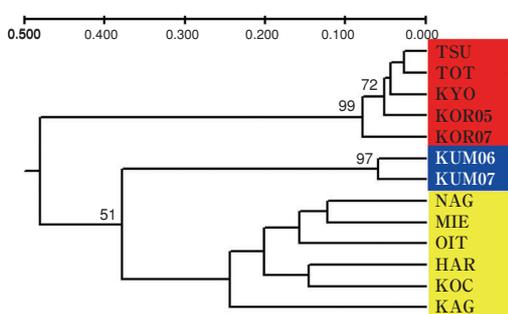


図4 UPGMA dendrogramによるココロディニウム個体群の遺伝的類縁性の推定

地理的な情報を入力せずに、全421株がいったい何個のクラスター（集団）に区分されるかについて調べてみると、大きく3つの集団に分けることができました（図5）。一つ目は、日本海の個体群（図5の赤色部分）、2つ目は八代海の個体群（図5の青色部分）、3つ目は瀬戸内海および太平洋側の個体群（図5の黄色部分）です。長崎県や三重県のほとんどの個体は第3のクラスターで占められ、この2つの個体群が起源である可能性の高いことが示唆されました。

有性生殖をする植物プランクトン種は、細胞同士の接合の後、遺伝子組み換えが起こるため、それぞれ片方の親の遺伝子型を持つ個体が生じるので、親と子供では異なる遺伝子型の個体ができます。例えば、父親、母親の遺伝子型をそれぞれ「ABC」、「CEG」というように3個のアルファベットで表現すると、その子供は、第1番目の遺伝子型がAかC、2番目がBかE、3番目がCかGのいずれかをとり、「AEG」、「CBC」などの遺伝子型を示します。ところが、これまでココロディニウムの有性生殖に関する報告はなく、基本的に無性生殖による2分裂で増殖する種であり、有性

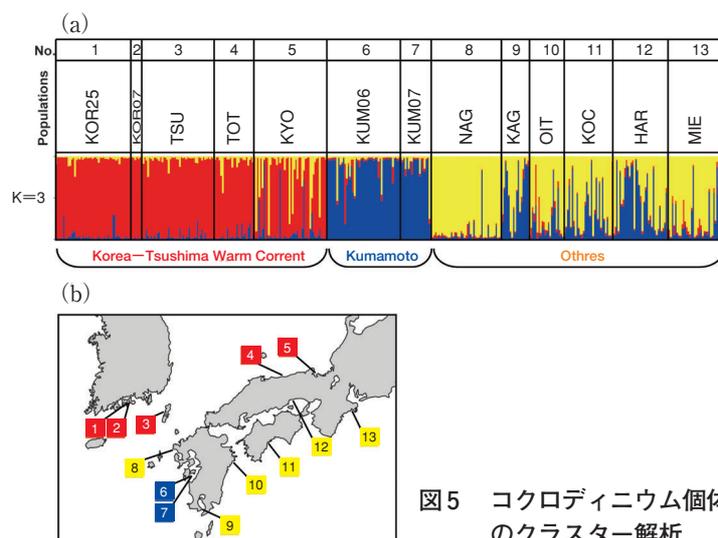


図5 ココロディニウム個体のクラスター解析

生殖をする種に見られるような親子間での遺伝子組み換えはほとんど生じていないと考えられます。このため2分裂だけを繰り返し、遺伝子型は急には変化しません。本種のこの性質を利用して、同じ遺伝子型を持つ個体を調べてみました。解析に用いた10個のMSマーカーのうち、7個以上の同じ遺伝子型を享有する個体の割合を%で示しています（図6）。

日本海の個体群間では、同じ遺伝子型を持つ個体の割合が著しく高く、他方瀬戸内海や太平洋沿岸の個体群と同じ遺伝子型を持つ個体が全く検出されませんでした。以上の結果から判断して、近年、本種が山陰沿岸域で発生した赤潮は、韓国沿岸で大発生したコクロディニウム赤潮の一部が、対馬暖流によって輸送され、山陰沿岸へ漂着したことによることが明らかとなりました。

一方、瀬戸内海や太平洋沿岸の個体群では、特に長崎と三重県や播磨灘の間で共通した遺伝子型を持つ個体の割合が多いことは、これらの海域が拠点となり、他海域へ個体群が移動・混合していることを示唆しています。3定点の距離から考え

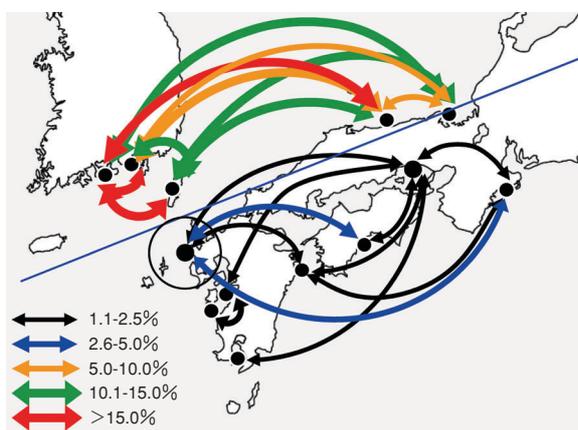


図6 同じ遺伝子型を持つ個体の追跡結果（今回の解析に用いた10個のMSマーカーのうち、7個以上の同じ遺伝子型を共有する個体の割合）

て、潮流による混合よりむしろ、人為的な要因による個体群の混合が推測されました。長崎と三重県は真珠養殖の日本有数の産地であり、特に長崎県は、移植用に種苗を育成する一大産地として知られています。毎年、春から夏にかけて稚貝や母貝を他の海域に大量に移植してきた経緯があり、従って、コクロディニウムがこれらの種苗の移送に伴い、他の海域に運搬され、運搬先の海域で新たな個体群として定着した可能性が十分考えられます。

本種は、10℃以下の低水温では生存できないため、これまで、日本の沿岸各地で越冬しているのか、外洋で越冬しているのか不明でした。しかし、同一海域から、異なる年に採集した個体群の遺伝子型の組成がほとんど変わらず、海域固有の組成を示したことから、独自の海域で越冬していることが判明したことも、本研究の大きな成果です。

6. おわりに

コクロディニウムの場合、分解能が高いMSマーカーを用いた集団遺伝学解析により、対馬暖流による赤潮の大規模な輸送過程や、人為的な要因によると思われる個体群の混合について、ある程度、追跡することが可能になりました。現在、人為的な要因、とりわけ水産種苗の移植に伴う、有害・有毒プランクトンの輸送過程について、実際に業者間で売買され、海域間移送中の種苗から、直接、プランクトンを検出する研究も行っており、かなりの量の生きたプランクトンが輸送されていることがわかってきました。

今後は、中国・東南アジアの個体群の解析も行い、日本海や瀬戸内海・太平洋沿岸に分布する個体群のルーツを明らかにしたいと考えています。