

令和 7 年 6 月 16 日現在

機関番号：14501

研究種目：基盤研究(C)（一般）

研究期間：2022～2024

課題番号：22K06372

研究課題名（和文）瀬戸内海の褐藻ワカメ集団の起源—系統地理解析と人為的導入の影響評価

研究課題名（英文）Analyses on the origins of Undaria populations in the Seto Inland Sea

研究代表者

上井 進也（Uwai, Shinya）

神戸大学・内海域環境教育研究センター・教授

研究者番号：00437500

交付決定額（研究期間全体）：（直接経費） 2,800,000円

研究成果の概要（和文）：瀬戸内海の褐藻ワカメについては、遺伝的構造が明らかにされていない。また、ワカメ海面養殖に伴い、養殖種苗の地域間移動が行われたことが知られている。本研究では、ミトコンドリアマーカーと核ゲノム中の一塩基多型を用いて、瀬戸内海沿岸のワカメの地理的構造を解析した。いずれのマーカーにおいても、高い遺伝的多様性が存在することがしめされ、とくに紀伊水道に固有性の高い集団が存在することがしめされた。また、現在使用されている養殖種苗が東北地方に起源しており、養殖個体と在来系統との交雑が強く示唆された。本研究の結果は、瀬戸内海のワカメ集団において、Cryptic Invasionが生じていることを示している。

研究成果の学術的意義や社会的意義

海藻養殖にともない、種苗が他地域から持ち込まれることは古くから行われていることであるが、その結果として他地域の個体群が野生化していることを、本研究は示した。他地域の同種個体の人為的移入は、認識されにくく、Cryptic Invasionと呼ばれているが、その存在はあまり認識されておらず、その影響もほとんど研究されていない。本研究の成果は、海藻類におけるCryptic Invasionの研究の足掛かりとなるものである。一方で、本研究は、瀬戸内海の中でも紀伊水道のワカメ個体群が高い固有性をもつことを示しており、海水温上昇への適応策としての活用の可能性を示している。

研究成果の概要（英文）：In this study, genetic structure of Undaria populations in the Seto Inland Sea was analyzed using mitochondrial markers and SNPs in the nuclear genome. Both markers showed large genetic diversity were there among the populations analyzed; especially the populations along Kii-suido strait were highly diverged from the populations in other regions. Present result also showed mariculture materials currently used in the Seto Inland sea has origins in Pacific coast of northern Japan (Tohoku region) and hybridization between the mariculture strains and the native populations occurred, suggesting a cryptic invasion of Undaria pinnatifida occurred in the Seto Inland sea.

研究分野：藻類学 集団遺伝学

キーワード：海藻 瀬戸内海 ワカメ 一塩基多型 SNP Cryptic Invasion 海藻養殖

1. 研究開始当初の背景

褐藻ワカメは、日本沿岸や中国、韓国など東アジア全域に自生する一年生の褐藻で、1950年代から盛んに養殖され、また、外洋船への船体付着やバラスト水への混入などを通じて、世界各地の温帯域に分布を拡大して移入種として知られるなど、人間社会との関わりの大きい海藻の一つである。本種については、2000年代に申請者らによって、中国や韓国を含めた自生地域の遺伝的多様性の研究が実施され、日本沿岸に「地理的分布」と「塩基配列の類似」から認識されるいくつかの地理的グループが確認されている。しかしながら、瀬戸内海、とくに大阪湾周辺海域のワカメについては、地理的まとまりと遺伝的近縁性の一致が見られないことが示唆されており、周辺海域に生育する地理的グループとの遺伝的關係も含め、詳細が解析が必要とされていた。

2. 研究の目的

瀬戸内海沿岸のワカメ集団のもつ地理的構造を明らかにし、系統地理および人為的移入の二つの観点から瀬戸内海集団の起源を明らかにすることを目的とした。世界的にデータが蓄積されているオルガネラマーカーで、種内系統の地理的起源を推定する。さらに核マーカーを用いて地域間や系統間の遺伝子流動に関する解析を実施する。これらのデータにもとづき瀬戸内海に分布するワカメの種内系統を明らかにするとともに、瀬戸内海の成立にともなう系統間の二次的接触の結果や、最近の人為的導入にともなう、いわゆる Cryptic Invasion の影響を明らかにする。通常に移入種とは異なり、他地域から持ち込まれた同種個体の移入を指す Cryptic Invasion については、肉眼的に確認することが難しいため実態把握やその影響についての研究が進んでいない。海藻類についても、海外での研究が一例のみである。近年になって国内のほかの地域から持ち込まれた養殖種苗の地理的起源を明らかにするとともに、養殖種苗由来の野生個体の分布や、在来系統との交雑などを遺伝的側面から解析し、瀬戸内海における Cryptic Invasion の有無や影響について評価する。

3. 研究の方法

研究全体として、瀬戸内海沿岸31地点(福岡県北九州市、和歌山県みなべ町を含む)から、ワカメタイプ、あるいはヒロメタイプの野生個体をサンプルとして用いた。サンプルは、葉状部の基部付近を湿重量で2gほど採取し、シリカゲルで乾燥させて保存した。また、兵庫県2漁協、大阪府2漁協、徳島県1漁協から、養殖種苗の提供を受け、遺伝的比較に用いた。

(1) ミトコンドリアマーカーについては、種内多型のデータが蓄積されている *cox3* 遺伝子、および *tRNA* 遺伝子群について DNA 塩基配列を決定し、比較を行った。DNA 抽出、PCR 条件、およびネットワーク系統樹作成、AMOVA などのデータ解析の詳細については、Uwai et al. (2024) に記載した通り。

(2) 核マーカーとしては、GRASDi 法により作成された一塩基多型 (SNP) データをもとに遺伝的構造の解析を実施した。DNA 抽出ののち、商業的サービスを利用して GRAS-Di 法により 100 ~ 300 Mb の塩基配列を取得した。塩基配列情報は、*fastp* を用いてクオリティチェックを行なった後、*BWA* を用いて既報のワカメゲノム (PRJNA575605: Shan et al. 2020. *Front. Genet.* 11:140) にマッピングを行なった。SNP の抽出については *stacks-2.60* の *ref_map.pl* により行い、SNP データについて、*plink* および *vcftools* を用いて、欠損率、および SNP 間の距離によるフィルタリングを実施した。

フィルタリング後の SNP データに基づいて、クラスタリング解析 (Admixture)、主成分分析 (Plink) および系統解析 (*splittree*) を実施した。地域間の遺伝的分化の程度については、*stacks* の *populations* を用いて算出した。

4. 研究成果

(1) 瀬戸内海沿岸19地点から188個体のワカメタイプ個体をサンプルとして用い、23のミトコンドリアハプロタイプを確認した。確認されたミトコンドリアハプロタイプは、中国・韓国でおもに確認されている系統も含め、これまでにワカメの自生地域全体から報告された4系統全てを含んでいた。瀬戸内海全体で見ると、本州日本海沿岸に広く分布する「日本海系統」がもっとも優占しており、日本海系統が瀬戸内海の在来系統であることが示唆された。しかしながら、瀬戸内海東部では、淡路島周辺を中心に北日本系統が高い割合で検出された。31個体の養殖サンプルから検出されたのは北日本系統のハプロタイプのみであり、東部瀬戸内海における高頻

度の北日本系統は、養殖による Cryptic Invasion の結果であると考察される。また、紀伊水道については、自生域内のほかの地域では報告されていない系統が優占しており、紀伊水道のワカメ集団が、瀬戸内海の他の地域の集団とは系統的に異なることが示された。ミトコンドリアハプロタイプの分析結果については、Botanica Marina 誌 (Uwai et al. 2024: doi.org/10.1515/bot-2024-0002) に発表した。

(2) 瀬戸内海沿岸のワカメ・ヒロメタイプの個体、および養殖個体に加え、東北地方、中国沿岸、日本海沿岸の野生個体を比較のために解析に加えた。フィルタリングの条件により、SNP 数と個体数の異なる 2 つのデータセットを用いて、遺伝的構造等について解析を実施したが、いずれのデータでも結果は変わらなかった。ここでは、SNP 数は少ない (704 サイト) が、欠損率が低く (<0.1)、個体数も多い (197 個体) データセットについて、結果を説明する。クラスタリング解析の結果からは、瀬戸内海沿岸の集団が、地域ごとに 4 つのグループに分かれており、一方で、隣接するグループ間には遺伝子流動が存在することが示唆された。かつては別種とされていたワカメタイプとヒロメタイプの集団間でも同様であった。ワカメタイプのサンプルをみると日本海沿岸のサンプルとの類縁性が高い個体が多くみられたが、紀伊水道のワカメタイプ個体は、SNP データでも、瀬戸内海のほかの地域とは明確に区別された。養殖個体は、遺伝的に東北地方の野生個体と区別ができず、養殖個体とそれぞれの海域の在来系統 (日本海系統・紀伊水道系統) の交雑由来と思われる個体が、播磨灘や大阪湾、紀伊水道沿岸で確認された。

5. 主な発表論文等

〔雑誌論文〕 計2件（うち査読付論文 2件 / うち国際共著 0件 / うちオープンアクセス 0件）

1. 著者名 Shinya Uwai, Satomi Takagi, Takuma Sekiguchi, Nozomi Emura, Teruwo Morita, Akira Kurashima, Yoichi Sato	4. 巻 66
2. 論文標題 Inconsistency between morphological diversity and genetic structuring: proposal for one species of <i>Undaria</i> in Japan	5. 発行年 2023年
3. 雑誌名 Botanica Marina	6. 最初と最後の頁 81-90
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.1515/bot-2022-0048	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 -

1. 著者名 Uwai Shinya, Saito Daisuke, Sato Yoichi	4. 巻 67
2. 論文標題 Evaluation of cryptic invasion in Japanese <i>Undaria</i> populations based on mitochondrial haplotypic analysis	5. 発行年 2024年
3. 雑誌名 Botanica Marina	6. 最初と最後の頁 411 ~ 419
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） 10.1515/bot-2024-0002	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 -

〔学会発表〕 計4件（うち招待講演 1件 / うち国際学会 1件）

1. 発表者名 上井 進也
2. 発表標題 海藻において見られる集団構造は何を教えてくれるか
3. 学会等名 藻類談話会（招待講演）
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 上井進也・斎藤大輔・佐藤陽一
2. 発表標題 一塩基多型にもとづく瀬戸内海のワカメの遺伝的多様性の解析
3. 学会等名 日本藻類学会第47回大会ーオンライン北海道2023ー
4. 発表年 2023年

1. 発表者名 Uwai S., Hoshino M., Saito D., Jiao T., Sato Y.
2. 発表標題 Genetic diversity of Undaria populations in Seto Inland Sea, an enclosed coastal sea of Japan
3. 学会等名 9th Asian Pacific Phycological Forum (国際学会)
4. 発表年 2024年

1. 発表者名 上井進也・星野雅和・焦天怡・白樫真・伊藤龍星・Shan Tifeng・斎藤大輔・佐藤陽一
2. 発表標題 瀬戸内海沿岸におけるワカメの遺伝的構造について
3. 学会等名 日本藻類学会第49回大会
4. 発表年 2025年

〔図書〕 計0件

〔産業財産権〕

〔その他〕

-

6. 研究組織

氏名 (ローマ字氏名) (研究者番号)	所属研究機関・部局・職 (機関番号)	備考

7. 科研費を使用して開催した国際研究集会

〔国際研究集会〕 計0件

8. 本研究に関連して実施した国際共同研究の実施状況

共同研究相手国	相手方研究機関		
中国	Institute of Oceanology		