

科学研究費助成事業 研究成果報告書

平成 29 年 6 月 5 日現在

機関番号：14501

研究種目：基盤研究(C) (一般)

研究期間：2014～2016

課題番号：26440217

研究課題名(和文) 震災由来の大型漂着物に着生した海藻類の種多様性解明とDNAバーコードの基盤構築

研究課題名(英文) Genetic diversity of the macroalgal species associated with the Japanese tsunami marine debris, and accumulation of DNA barcoding information

研究代表者

羽生田 岳昭 (HANYUDA, TAKEAKI)

神戸大学・内海域環境教育研究センター・助教

研究者番号：40379334

交付決定額(研究期間全体)：(直接経費) 3,600,000円

研究成果の概要(和文)：本研究では、北米西海岸の大型漂着物に着生する海藻類の遺伝的種同定を行うとともに、DNAバーコード情報の蓄積を行った。

大型漂着物に着生していた海藻類や北米西海岸に生育する海藻類を入手し、種の同定を行った。その結果、津波に由来する日本産の種として計49種を同定した。約20種は、外部形態による当初の同定では別種として認識されており、分子マーカーを利用した種同定の有用性が示された。

また自然集団との遺伝的な比較から、セイヨウハバノリ、ダルス、マツモ、スジメにおいて、日本と北米の集団間に遺伝的差異が見られることが明らかになり、新たに移入が起こった場合、遺伝的な攪乱が引き起こされることが危惧された。

研究成果の概要(英文)：Since 2012 a huge amount of marine debris caused by the 2011 Great East Japan Earthquake and Tsunami has been arriving on Northeastern Pacific shores. Often healthy macroalgae were attached to them, which may become introduced to the Northwestern Pacific coasts and disturb their ecosystems.

In order to elucidate the diversity of those macroalgae, and to establish a basis for detecting their new introduction to Northwestern Pacific coasts, we have examined their species diversity by morphology and genetic identifications. We have obtained gene sequences for 205 specimens, and identified 49 species as JTMD macroalgae. Most of them are known to be distributed in Japan and showed identical or very closely related genetic types to those of Tohoku, and confirmed to be originated from the area. In addition, for several species, there were genetic differences among Japanese and North American populations. Therefore, genetic disturbance is feared by introduced individuals.

研究分野：系統分類、生物地理

キーワード：大型漂着物 DNAバーコード

1. 研究開始当初の背景

東日本大震災時の津波の影響により、大量のがれきが太平洋上に流出し、一部が北米西海岸の沿岸域に漂着すると予想されている。そうした漂着物に着生した東北地方原産の海洋生物が外来種となり、現地の生態系に悪影響を与える可能性が高いという点で大きな問題である。

2. 研究の目的

本研究では、分子系統学的手法を用いて、北米西海岸の大型漂着物に着生する海藻類の遺伝的種同定を行うとともに、周辺海岸の海藻類のモニタリング調査を行うことを目的としている。また、漂着物に着生した海藻類や漂着先の生態系に侵入した海藻類の迅速かつ正確な同定を可能とするため、DNA バーコード情報の蓄積を行った。

3. 研究の方法

北米西海岸の大型漂着物に着生していた海藻類や北米西海岸の自然海岸や港湾内の浮き桟橋などに着生していた海藻類を入手し、核コードの ITS 領域、18S rRNA 遺伝子、28S rRNA 遺伝子、葉緑体ゲノムコードの *rbcL* 遺伝子、*tufA* 遺伝子、*atpH-I* 遺伝子間領域、ミトコンドリアゲノムコードの *cox1* 遺伝子、*cox3* 遺伝子、*trnA-N* 遺伝子間領域の塩基配列をもとに種の同定を行った。加えて、複数の種について種内の遺伝的多様性の解析を行った他、アオサ属、シオミドロ属、カヤモノリについては最尤系統樹の構築を行った。

4. 研究成果

津波に由来する日本産の種として約 50 種を同定した(表 1)。このうち約 20 種は、外部形態による当初の同定では別種として認識されており、分子マーカーを利用した種同定の有用性が示された。

また自然集団との遺伝的な比較から、セイヨウハバノリ(*Petalonia fascia*, 図 1)、ダルス(*Palmaria mollis*, 図 2)、マツモ(*Analipus japonicus*, 図 3)、スジメ(*Costaria costata*, 図 4)において、日本(東北地方)と北米の集団間に遺伝的差異が見られることが明らかになり、新たに移入が起こった場合、遺伝的な攪乱が引き起こされることが危惧された。例えばセイヨウハバノリの場合、種内に大きく 2 つの遺伝的グループが認められ、1 つは主に日本の本州沿岸に広く分布していた。一方、もう 1 つは日本の北海道沿岸と北米西岸など主に海外に広く分布していた。津波に由来する漂着物に着生していたものは全て前者のグループに含まれていた(図 1)。これらの他、ムチモ(*Mutimo cylindricus*, 図 5)、ワカメ(*Undaria pinnatifida*, 図 6)、マコンブ(*Saccharina japonica*, 図 7)についても種内の遺伝的多様性の解析を行い、

ハプロタイプの分布を示した。

アオサ属(図 8)、シオミドロ類(図 9)、カヤモノリ(*Scytosiphon lomentaria*, 図 10)について、得られたデータをもとに系統樹を構築した。

表 1 遺伝的に同定された海藻類一覧

Ulvophyceae	Phaeophyceae
<i>Blidingia minima</i>	<i>Petroderma maculiforme</i>
<i>Bryopsis plumosa</i>	<i>Punctaria latifolia</i>
<i>Cladophora albida</i>	<i>Saccharina japonica</i>
<i>Cladophora vagabunda</i>	<i>Scytosiphon gracilis</i>
<i>Cladophora</i> sp.	<i>S. lomentaria</i>
<i>Codium fragile</i>	<i>Scytosiphon</i> sp.
<i>Ulva australis</i>	<i>Sphacelaria rigidula</i>
<i>U. compressa</i>	<i>Sphacelaria</i> sp.
<i>U. lactuca</i>	<i>Undaria pinnatifida</i>
<i>U. linza</i>	Rhodophyta
<i>U. prolifera</i>	<i>Bangia</i> sp.
<i>U. simplex</i>	<i>Ceramium cimbricum</i>
<i>Ulva</i> sp.	<i>Chondrus giganteus</i>
Phaeophyceae	<i>C. yendoi</i>
<i>Alaria crassifolia</i>	<i>Colaconema</i> sp.
<i>Analipus japonicus</i>	<i>Grateloupia livida</i>
<i>Costaria costata</i>	<i>G. turuturu</i>
<i>Desmarestia japonica</i>	<i>Neodilsea yendoana</i>
<i>Ectocarpus crouaniorum</i>	<i>Palmaria palmata</i>
<i>Ectocarpus</i> spp.	<i>Polysiphonia koreana</i>
<i>Feldmannia irregularis</i>	<i>P. morrowii</i>
<i>F. mitchelliae</i>	<i>Polysiphonia</i> sp.
<i>Kuckuckia spinosa</i>	<i>Pyropia yezeensis</i>
<i>Mutimo cylindricus</i>	<i>Pyropia</i> sp.
<i>Petalonia fascia</i>	<i>Schizymenia dubyi</i>
<i>P. zosterifolia</i>	<i>Tsunami</i> <i>transpacifica</i>

5. 主な発表論文等

(研究代表者、研究分担者及び連携研究者には下線)

[雑誌論文](計 3 件)

Hanyuda T., Heesch S., Nelson W., Sutherland J., Arai S., Boo S.M. and Kawai H., Genetic diversity and biogeography of native and introduced populations of *Ulva pertusa* (Ulvales,

Chlorophyta)、Phycol. Res.、査読有、64
 巻、2016、pp. 102-109
 DOI: 10.1111/pre.12123

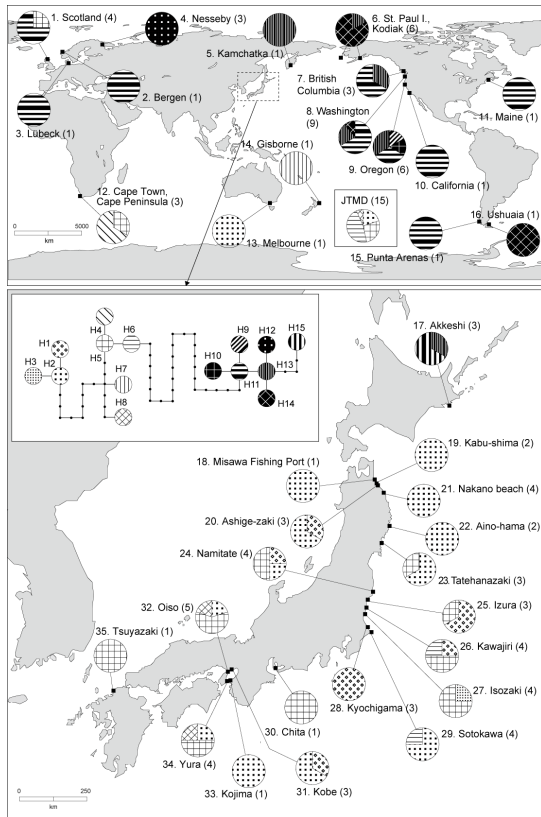


図1 ハプロタイプの分布(セイヨウハバノリ)

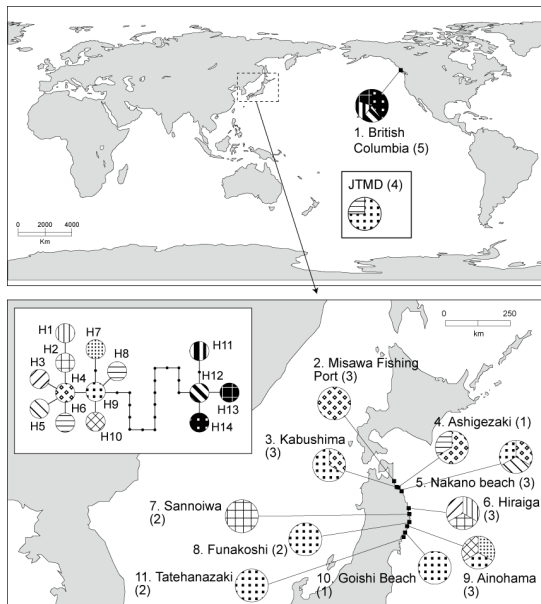


図2 ハプロタイプの分布(ダルス)

Kawai H., Miyoshi K. and Hanyuda T.,
 Taxonomic revision of *Papenfussiella*
 species (Chordariaceae, Phaeophyceae)
 in the Northern Hemisphere, Phycologia、
 55巻、2016、pp. 308-317
 DOI:10.2216/15-139.1

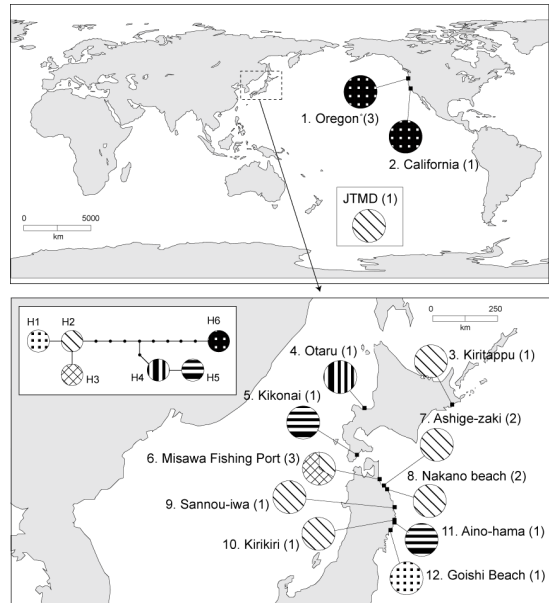


図3 ハプロタイプの分布(マツモ)

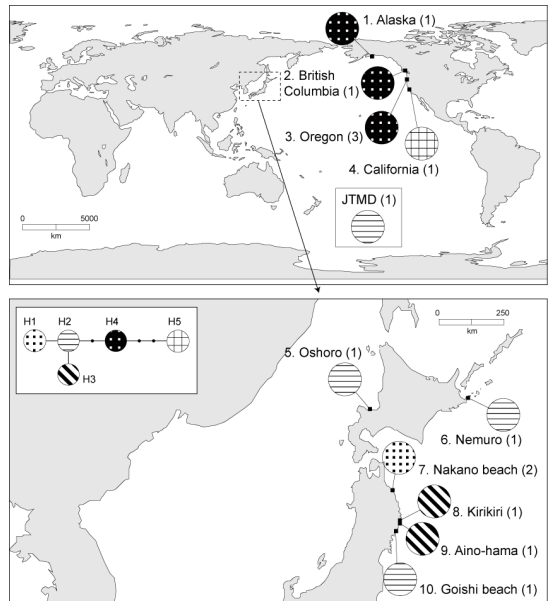


図4 ハプロタイプの分布(スジメ)

West J.A., Hansen G.I., Hanyuda T. and
 Zuccarello G.C., Flora of drift plastics:
 a new red algal genus, *Tsunami*
transpacifica (Stylonematophyceae) from
 Japanese tsunami debris in the northeast
 Pacific Ocean, Algae, 31巻、2016、pp.
 289-301
 DOI: 10.4490/algae.2016.31.10.20

〔学会発表〕(計6件)

羽生田岳昭・Hansen Gayle I.・川井浩
 史、東日本大震災由来の漂着物に着生して
 いた海藻類の種多様性及び遺伝的多様性、
 日本藻類学会第40回大会、日本歯科大學生
 命歯学部、2016年3月18-20日

Hansen G., Hanyuda T. and Kawai H.,
 Marine algae carried across the North

Pacific on Japanese Tsunami Marine Debris (JTMD) and their invasion threat to the coasts of Oregon and Washington, USA., 9th International Conference on Marine Bioinvasions, The Menzies Sydney Hotel, Sydney, 19-21 January, 2016

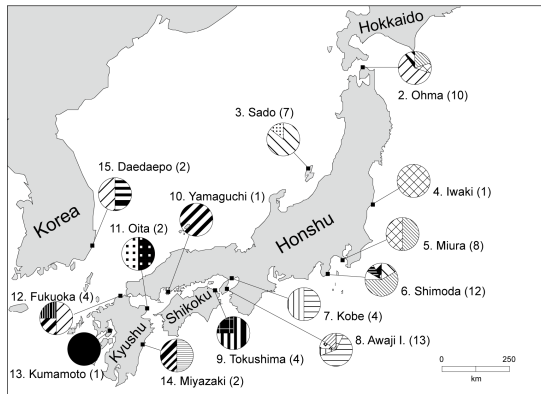
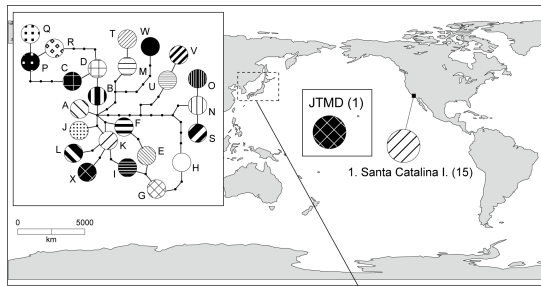


図5 ハプロタイプの分布 (ムチモ)

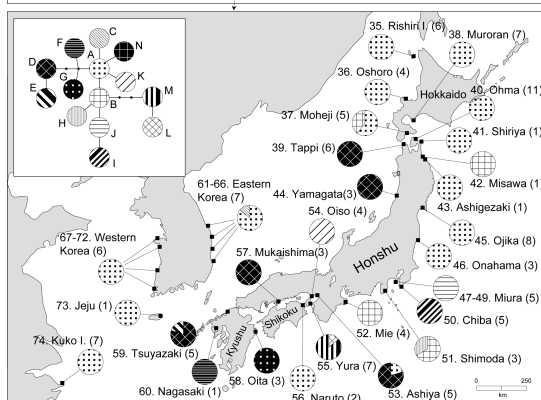
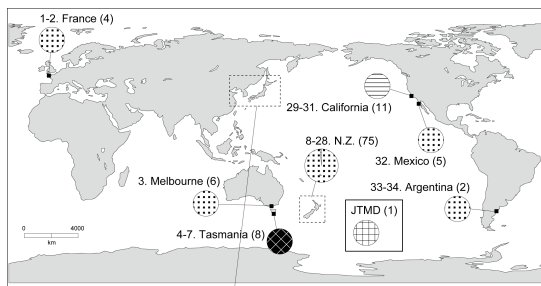


図6 ハプロタイプの分布 (ワカメ)

羽生田岳昭・牛原康博・鈴木雅大・川井浩史、淡路島沿岸の潮間帯における海藻植生モニタリング調査に関して、日本藻類学会第41回大会、高知大学、2017年3月23-25日

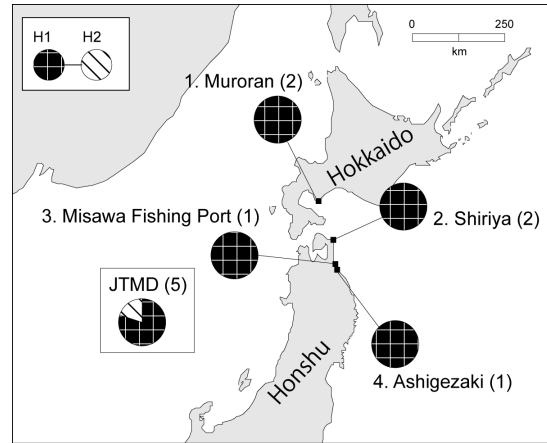


図7 ハプロタイプの分布 (マコンプ)

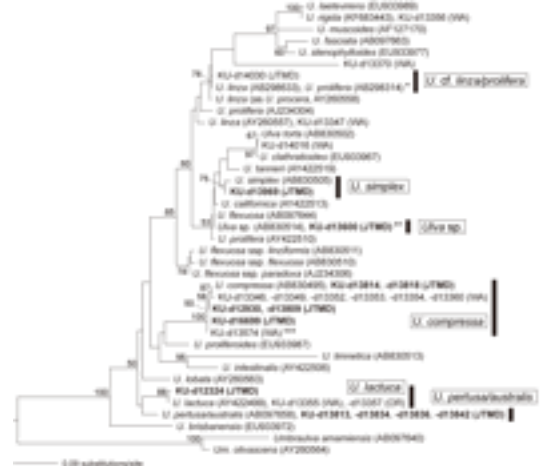


図8 アオサ属の系統関係

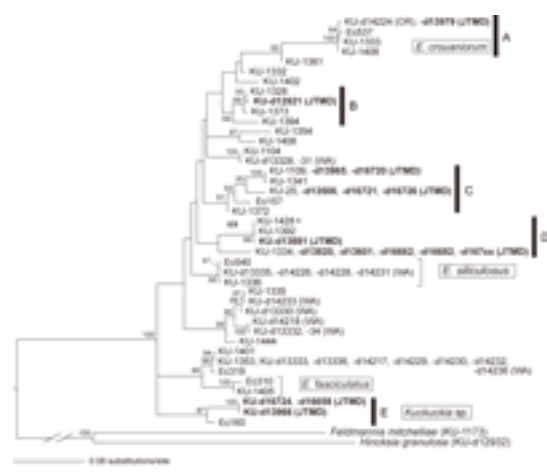
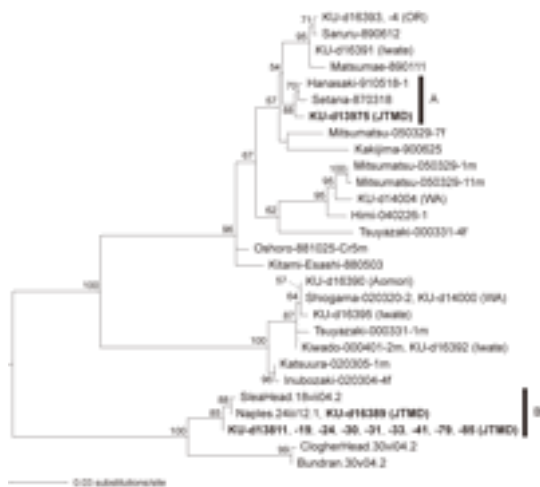


図9 シオミドロ類の系統関係

Hanyuda T., Hansen G. and Kawai H., Genetic diversity and biogeography of the macroalgal species associated with the Japanese tsunami marine debris, PICES



Maximum likelihood tree based on the mitochondrial *cox3* gene sequences (500 bp). Numbers at nodes indicate bootstrap values in maximum likelihood analysis. Only bootstrap values >50% are shown.

図 10 カヤモノリの系統関係

Kawai H., Hanyuda T. and Hansen G.,
Species diversity and the threat of
introduced macroalgal species arriving
on Northwestern American shores via
Japanese Tsunami Marine Debris (JTMD)、
11th EMECS Conference, Azimut Hotel, St.
Petersburg, Russia, 22-27 August, 2016

Kawai H., Hanyuda T. and Hansen G.,
The threat of introduced macroalgal
species arriving on Northwestern
American shores associated with Japanese
tsunami marine debris (JTMD)、9th
Asia-Pacific Conference on Algal
Biotechnology, Century Park Hotel,
Bangkok, Thailand, 15-18 November, 2016

6. 研究組織

(1) 研究代表者

羽生田 岳昭 (HANYUDA, Takeaki)
神戸大学・内海域環境教育研究センター・
助教
研究者番号：40379334

(2) 研究協力者

Hansen Gayle
オレゴン州立大学・准教授