

令和 4 年 6 月 3 日現在

機関番号：82708

研究種目：国際共同研究加速基金（国際共同研究強化(B)）

研究期間：2018～2021

課題番号：18KK0182

研究課題名（和文）チリ沿岸に貝毒原因藻と薬剤耐性菌はいつ出現し、どう分布を拡大させたのか？

研究課題名（英文）When did toxic microalgae and drug resistant bacteria appear in Chilean coastal waters and how they spread the distributions?

研究代表者

長井 敏 (Nagai, Satoshi)

国立研究開発法人水産研究・教育機構・水産技術研究所(横浜)・主幹研究員

研究者番号：80371962

交付決定額（研究期間全体）：（直接経費） 13,800,000円

研究成果の概要（和文）：日本、韓国、ベーリング海、チャクチ海、北米西岸、チリ沿岸から単離した有毒渦鞭毛藻*Alexandrium catenella*の複数の培養株（250株）を対象に、ゲノムワイドな解析手法として知られているMIG-seqを用いた集団遺伝学解析を実施し、大きく分けて、日本・韓国・ベーリング海・チャクチ海の集団で一つのグループ、北米西岸・チリでもう一つのグループに区分され、これら2つのグループの間に大きな遺伝障壁の有ることが示唆された。北海道の厚岸の集団が、ベーリング海・チャクチ海の集団と遺伝的に近く、日本国内の集団の起源が北方起源である可能性が示されるなど、新たな知見を得ることができた。

研究成果の学術的意義や社会的意義

日本、韓国、北極海、北米西岸、チリ沿岸から単離した有毒渦鞭毛藻*Alexandrium catenella*の集団を対象に、ゲノムワイドな解析手法であるMIG-seqを用いた集団遺伝学解析を実施し、大きく分けて、日本・韓国・北極海の集団で一つのグループ、北米西岸・チリでもう一つのグループに区分され、これら2つのグループの間に大きな遺伝障壁の有ることが示唆された。北海道の厚岸の集団が、北極海の集団と遺伝的に近く、日本国内の集団の起源が北方起源である可能性が示されるなど、新たな知見を得ることができた。世界的に大きな関心のある*A. catenella*の集団分化の歴史の一端が明らかに出来た意義は大きい。

研究成果の概要（英文）：In this study, MIG ISSR (multiplexed Genotyping inter simple sequence repeats)-seq was employed to reveal the genetic relatedness among Pacific Rim populations. We obtained 349 SNPs in 165 samples isolated from Atsukeshi, Sendai, Osaka, Hiroshima Bays, Jinhae Bay (Korea), Bering Sea, Chukchi Sea, Puget Sound (USA) and Chile. Pairwise  $F_{ST}$  values showed significant differences among most of the pairwise samples except between Osaka & Jinhae Bay and Osaka & Hiroshima Bay. Also, results of the bar plot by STRUCTURE analysis suggested that when  $K = 3$ , each cluster was grouped as 1) Japan and Korean except for Akkeshi Bay, 2) Akkeshi Bay and the Bering/Chukchi Sea, 3) Puget Sound and Chilean samples. These data suggested the presence of large genetic breaks between the Bering Sea and Puget Sound populations and genetic connectivity between Akkeshi Bay and the Bering/Chukchi Sea populations.

研究分野：集団遺伝学、環境DNA

キーワード：分布拡大 *Alexandrium catenella* 集団遺伝学 有毒渦鞭毛藻 遺伝的多様性 サケ養殖 チリ

1. 研究開始当初の背景

(1) 近年、日本沿岸のみならず世界各地で新奇の有害・有毒赤潮藻(Harmful Algal bloom: HAB)が新たに台頭し、養殖漁場の魚介類のみならず、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しており、海洋生態系の崩壊の一大要因と指摘されている。HAB種は、分布拡大の一途を辿っており、被害金額の大きさから、その原因究明が緊急を要する研究課題である。しかし、HAB種の全地球規模での移送・拡散過程等の伝播ルートや歴史的な背景を明らかにした集団遺伝学解析事例はほとんどない。チリ中南部沿岸において、2016～2018年の3年連続、夏季を中心に有害赤潮、有毒渦鞭毛藻による赤潮が発生し、サケ養殖だけを見ても1,000億円を超える未曾有の漁業被害が生じた。

2016年には、養殖サケ(ギンザケ、トラウトサーモン、アトランティックサーモン)(4万トン)のみならず、天然イワシ(8000トン)等、天然魚介類(不明)、クジラ(300頭以上)、イルカ(700頭)、海鳥(>2,000羽)の大量斃死が見られ、これにより、チリ的大海は「死の海」として、大きな社会問題としてマスコミ等で取り上げられた。とりわけ、海産哺乳類や鳥類の大量斃死は、有毒渦鞭毛藻の*Alexandrium catenella*による赤潮が原因とされており、*Alexandrium*を捕食し、毒を蓄積した魚介類を大量に捕食したことが原因と考えられている。

チリ南部沿岸域においては、以前より*Alexandrium catenella*の出現は確認されていたが、近年、*A. catenella*の分布の北上が見られ、中南部域の、とりわけチロエ島周辺域の貝毒養殖漁場で麻痺性貝毒の発生頻度が高くなっており、養殖業者、漁業者の間では、大きな問題として取り上げられてきた。そのような折に、本研究のチリ側の共同研究者であるDr. Mardones から、「本種の出現は、チリ南部のマガリャネスから始まり、近年、その発生域がどんどん北上してきた(図1)。チリ中南部海域において、年々、貝毒による被害が大きくなり、対策を考えたい。分布拡大メカニズムの解明および貝毒対策のために、チリ中部～南部にかけての広い範囲で、海底泥の鉛直コアを採集し、本種の耐久性シスト(種)の分布域と出現の歴史を明らかにしたい。本種の集団遺伝学解析をお願い出来ないだろうか」と相談を受けた。これにより、本研究では、本種の分布拡大要因の解明、チリ国外の集団との遺伝的類縁性の解明を目指すことにした。

(2) 国内外の養殖場において、魚病対策のため、抗生物質等の薬剤が使われているが、それら薬剤が環境中に排出され、自然界の微生物が薬剤耐性を獲得し、生態系に重大な影響を与えていることが危惧されている。さらに、環境中に出現したそれら薬剤耐性菌が、海産物の生食や海水浴など何らかの経路を通じてヒトに感染し、健康に影響を与える可能性も危惧される。従って、どのような薬剤に対する耐性機構が自然界に伝播しやすいかを知ることは、養殖場における環境負荷の少ない薬剤の選択と薬剤耐性菌の蔓延を防止するために重要である。チリにおいて、サケ養殖は30年くらい前から開始され、ここ20年の間に爆発的な拡大を見せ、今や1兆円産業となっている。養殖サケに

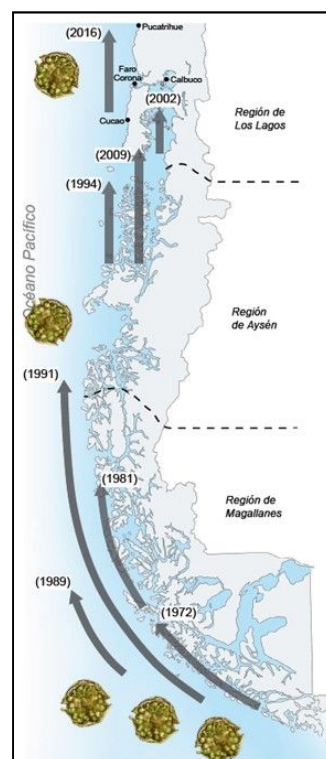


図1. チリにおける *A. catenella*の分布拡大の歴史

、抗生物質入りの餌が日常的に与えられており、相当数の薬剤耐性菌が出現し、さらにその

分布拡大が進行していると指摘されている。一部のマスコミは、非買運動を扇動するような記事を公開している（例えば、[https://www.huffingtonpost.jp/konomi-kikuchi/salmon-from-chile\\_b\\_10162068.html](https://www.huffingtonpost.jp/konomi-kikuchi/salmon-from-chile_b_10162068.html)）。これらの指摘を検証するべく、薬剤耐性菌の鉛直プロファイルやその多様性を解明することで、これらの細菌群が、どの海域にいつ頃出現し始めたのか、その出現時期および多様性とサケ養殖の歴史との関連を究明する絶好の機会になりうる。

## 2. 研究の目的

(1) 研究代表者の長井は、これまで複数の国と共同研究を行い、*Alexandrium* 属の集団遺伝学解析をリードしてきた。*A. catenella* に関しては、北海、グリーンランド、北極海、北米東岸および西岸、日本、オーストラリアのサンプルについて解析を行ってきた<sup>(1)</sup>。ただし、チリにおける *A. catenella* の集団遺伝学解析は本研究が初めての試みである。チリ国内の集団について、MS マーカーやゲノムワイドな SNPs 検出法である RAD-seq や MIG-seq 法を用いて遺伝子流動・集団分化を解析することで、分布拡大要因を明らかにできる可能性が高い。加えて、他海域の集団との比較も初めての試みであり、コアレセント理論を用いた解析等により、分岐年代推定などが可能とされ<sup>(2,3)</sup>、興味深い新知見が得られるものと期待する。

(2) これまで、魚病対策の一環として、特定の病原細菌に対する薬剤耐性に関する研究や約 200 種類の薬剤耐性遺伝子を搭載した DNA チップによる魚病細菌の薬剤耐性遺伝子の型別は行われてきたが、海洋環境中の薬剤耐性菌を包括的に調べた研究は見当たらない。一方、これまでに薬剤耐性データベース (ARDB) には、23,137 個もの薬剤耐性遺伝子が登録されている<sup>(4)</sup>。そこで、本研究において、ショットガンメタゲノム解析を行い、得られた配列を薬剤耐性データベースと照合することで、薬剤耐性遺伝子の網羅的な検出と同定が可能となり、新しい知見が得られると予想される。チリ沿岸域において、サケ養殖以前に大規模な魚類養殖の歴史はない。サケ海面養殖は比較的新しく、ここ 20 年間に爆発的な拡大を続け、かつ日常的に様々な抗生物質入りの餌を日常的に与えてきた歴史があり、海底泥の鉛直プロファイルを得ることで、サケ養殖の歴史と薬剤耐性遺伝子の多様性の時系列変化を明らかにする絶好のモデルケースになりうる。

## 3. 研究の方法

### (1) *Alexandrium catenella* の集団遺伝学解析

- 1) チリ沿岸の 9 地点 (マガリャネスからサンチアゴまでの間) の海底泥の鉛直コアを採集し、3 cm ごとの画分を作成し、シスト (種) の水平分布及び鉛直プロファイルを明らかにする。
- 2) 5 地点各 3 層 (最深部、中央部、表層) の泥から *A. catenella* の発芽を誘導し、20-25 株ずつクローン培養株を確立する。
- 3) 各地方集団の培養株の毒組成を分析機器にて解析する。
- 4) MS マーカーや NGS を用いた MIG-seq 法により、単離株の集団遺伝学解析を行う。
- 5) 採集された泥の年代測定を行う。
- 6) ネガティブコントロール海域としてメキシコ沿岸や北極海の鉛直コアを採集してチリの泥サンプルと比較。

### (2) 薬剤耐性菌の検出と定量

- 1) 1-1) で採集した鉛直コアのうち、古くからサケ養殖を行ってきた漁場で採集したコア 3 本を用いて 2 cm 毎に DNA 抽出を行う。4) の qPCR による薬剤耐性遺伝子の定量のため、9

地点のコアサンプルの各層の DNA 抽出を行う。

- 2) 薬剤耐性菌検出用のショットガン DNA ライブラリ - を作製する。
- 3) 1 サンプルあたり illumina 社の Next-seq で 10G 程度、読むことで網羅解析を行い、多様性の変化等を明らかにする。
- 4) ショットガンシーケンスにより、優占する薬剤耐性遺伝子を明らかにし、優占種の出現密度を把握するために、9 地点の鉛直コアサンプル、各層ごとに定量 qPCR 解析を行い、出現密度の変化を解析する。

#### 4 . 研究成果

##### (1) *Alexandrium catenella* の集団遺伝学解析

A. *catenella* のマイクロサテライト(MS)マーカーの開発を行い、多型性を示す 23 個のマーカー開発に成功した。チリ沿岸域から単離した 31 株を用いて MS マーカーの特徴を調べたところ、開発した全ての MS マーカーにおいて良好な PCR 増幅が認められた。対立遺伝子数は 21 マーカーで 2 個、残りの 2 マーカーで 3 個であり、予想に反して小さな値を示した。今回、開発した MS マーカーを用いて、全地球規模における本種の集団遺伝学解析を実施するため、日本の広島県呉湾から単離したクローン株 20 株を用いて、23 個の MS マーカーのジェノタイピングを行い、チリ産の株との比較を行った。その結果、呉湾の株では、13 個の MS マーカーでのみ 60 - 100% ( $91.7 \pm 12.7\%$ , 平均 $\pm$ 標準偏差)の個体から PCR 増幅が認められ、その対立遺伝子数は 2-11 個の範囲 ( $6.0 \pm 2.6$ ) であり、チリ産の個体に比べて高い値を示した。

また、日本(厚岸湾、仙台湾、大阪湾、広島湾呉港)、韓国(Jinhae 湾)、ベーリング海、チャクチ海、北米西岸(Puget Sound 湾)、チリ沿岸から単離した有毒渦鞭毛藻 A. *catenella* の複数の培養株(250 株)を対象に、ゲノムワイドな解析手法として知られている MIG-seq を用いた集団遺伝学解析を実施した。その結果、日本国内、韓国、ベーリング海、チャクチ海、北米西岸、チリの集団間で、統計学的に有意な集団分化が見られた(呉港と大阪湾を除く)。

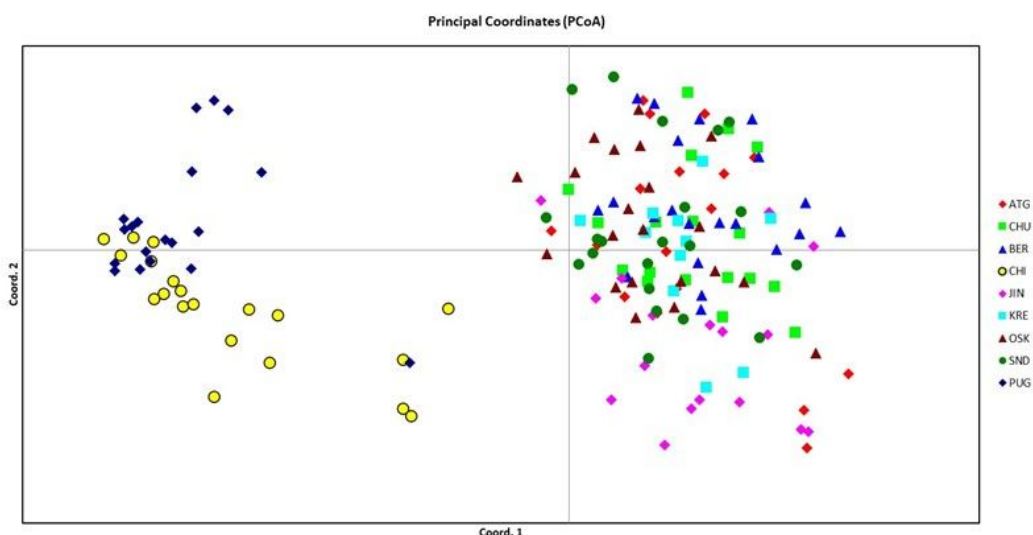


図 2. 主成分分析結果(GeneAIEx を用いた)

ATG, 厚岸湾; CHU, チャクチ海; BER, ベーリング海; CHI, チリ; JIN, 韓国; KRE, 呉湾; OSK, 大阪湾; SND, 仙台湾; PUG, Puget Sound 湾(左側にチリと Puget Sound 湾集団)

一方で大きく分けて、日本・韓国・ベーリング海・チャクチ海の集団で一つのグループ、北米西岸・チリでもう一つのグループに区分され、これら 2 つのグループの間に大きな遺伝障壁の存在が示唆された(図 2, 3)。北海道の厚岸の集団が、ベーリング海・チャクチ海の集団と

遺伝的に近く、日本国内の集団の起源が北方起源である可能性を示唆する結果を得た(図3)。日本集団の北方起源説は、長井ほか(2017)が MS マーカーで解析した結果からも支持される<sup>(5)</sup>。これまでの MS マーカーによる全地球規模の集団遺伝学解析の結果から、*A. catenella* は、北極海付近で種分化が起こり、そこを起点として大西洋、西太平洋、東太平洋へと分布を拡大させたと推測されている<sup>(1)</sup>。基本的には、本仮説は正しいと考えているが、一方で、北極海の集団との大きな遺伝学的分断が見られ、加えて、北米西岸およびチリに分布する個体の形態学的特徴が日本に出現する個体とで亜種レベルでの差異が見られており、今後、別種として報告される可能性も否定できない。今後の研究の進捗が期待される。

一方、チリ国内における地方集団間の遺伝構造の解析については、コロナ禍にあり、チリ国内でもロックダウンが長期化し、研究所への立ち入り制限等があるなど、十分なサンプリングができず、また、*A. catenella* の耐久性胞子(シスト)を豊富に含む底泥が採取できなかった。このため、解析に十分な培養株の確立ができず、解析を実施することができなかった。

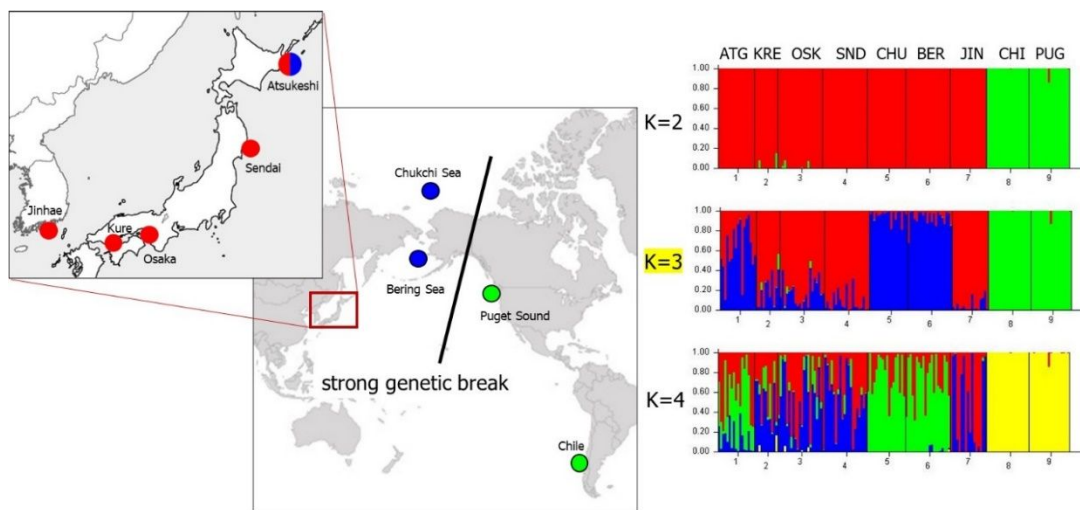


図3. MIG-seqによる *Alexandrium catenella* の集団遺伝学解析結果  
右図は、STRUCTURE<sup>(6)</sup>による Barplot 解析の結果を示す。

## (2) 薬剤耐性菌の検出と定量

チリ沿岸から採集した泥からの薬剤耐性遺伝子の検出に関しては、コロナウイルス感染拡大の影響により、研究の進展に大幅な遅れが生じた。2021年11月に、ようやくチリから泥が送付されてきた。2022年1月に配列取得を外部委託し、2月末に配列を取得したところである。2022年度中に薬剤耐性遺伝子の検出に関する解析を進めることができる状況にある。

## < 引用文献 >

- John U, Alpermann T, Nagai S, Litaker W, Murray S, Anderson D, Bolch C. Detailed insights into *A. catenella* (Dinophyceae) population structure and evolution. Abstract in ICHA18 in Nante, France
- Li H and Durbin R. (2011). Inference of human population history from whole genome sequence of a single individual. *Nature* 475 (7357): 493-496.
- Pellissier et al. Quaternary coral reef refugia preserved fish diversity (2014). *Science* 344: 1016.
- Liu B and Pop M. (2008). ARDB-Antibiotic resistance genes database. *Nucleic Acids Res.* 37: D443-447. doi: 10.1093/nar/gkn656.
- Nagai S, Lian CL, Yamaguchi S, Hamaguchi M, Matsuyama Y, Itakura S, Shimada H, Kaga S, Yamauchi H, Sonda Y, Nishikawa T, Kim CH, Hogetsu T. (2007). Microsatellite markers reveal population genetic structure of the toxic dinoflagellate *Alexandrium tamarense* (Dinophyceae) in Japanese coastal waters. *Journal of Phycology* 43: 43-54.
- Pritchard JK, Matthew Stephens M, Donnelly P (2000) Inference of population structure using multilocus genotype data. *Genetics*, 155, 945-959.

5. 主な発表論文等

〔雑誌論文〕 計12件（うち査読付論文 12件／うち国際共著 12件／うちオープンアクセス 7件）

1. 著者名 Yarimizu Kyoko, Fujiyoshi So, Kawai Mikihiro, Satoshi Nagai, et al.	4. 巻 17
2. 論文標題 Protocols for Monitoring Harmful Algal Blooms for Sustainable Aquaculture and Coastal Fisheries in Chile	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 International Journal of Environmental Research and Public Health	6. 最初と最後の頁 7642 ~ 7642
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.3390/ijerph17207642	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 該当する
1. 著者名 Kenneth Neil Mertens, Masao Adachi, Donald M. Anderson, Satoshi Nagai, et al.	4. 巻 98
2. 論文標題 Morphological and phylogenetic data do not support the split of Alexandrium into four genera	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 Harmful Algae	6. 最初と最後の頁 101902-
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1016/j.hal.2020.101902	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 該当する
1. 著者名 Nina Dzhembekova, Fernando Rubino, Satoshi Nagai, Nataliya Slabakova, Petya Ivanova, Ivelina Zlateva, Violeta Slabakova, Snezana Moncheva	4. 巻 8
2. 論文標題 Comparative analysis of morphological and molecular approaches integrated into the study of the dinoflagellate biodiversity within the recently deposited Black Sea sediments - benefits and drawbacks	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 Biodiversity Data Journal	6. 最初と最後の頁 e55172-
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.3897/BDJ.8.e55172	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 該当する
1. 著者名 Fujiyoshi So, Yarimizu Kyoko, Miyashita Yohei, Rilling Joaquin, Acuña Jacqueline J., Ueki Shoko, Gajardo Gonzalo, Espinoza-González Oscar, Guzmán Leonardo, Jorquera Milko A., Nagai Satoshi, Maruyama Fumito	4. 巻 28
2. 論文標題 Suitcase Lab: new, portable, and deployable equipment for rapid detection of specific harmful algae in Chilean coastal waters	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 Environmental Science and Pollution Research	6. 最初と最後の頁 14144 ~ 14155
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1007/s11356-020-11567-5	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 該当する

1. 著者名 Kyoko Yarimizu, Sirje Sildever, Yoko Hamamoto, Satoshi Tazawa, Hiroshi Oikawa, Haruo Yamaguchi, Leila Basti, Jorge I. Mardones, Javier Paredes-Mella, Satoshi Nagai	4. 巻 103
2. 論文標題 Development of an absolute quantification method for ribosomal RNA gene copy numbers per eukaryotic single cell by digital PCR	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 Harmful Algae	6. 最初と最後の頁 102008-
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1016/j.hal.2021.102008	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 該当する

1. 著者名 Nagai Satoshi, Chen Hungyen, Kawakami Yoko, Yamamoto Keigo, Sildever Sirje, Kanno Nanako, Oikawa Hiroshi, Yasuike Motoshige, Nakamura Yoji, Hongo Yuki, Fujiwara Atushi, Kobayashi Takanori, Gojobori Takashi	4. 巻 89
2. 論文標題 Monitoring of the toxic dinoflagellate Alexandrium catenella in Osaka Bay, Japan using a massively parallel sequencing (MPS)-based technique	5. 発行年 2019年
3. 雑誌名 Harmful Algae	6. 最初と最後の頁 101660 ~ 101660
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1016/j.hal.2019.101660	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 該当する

1. 著者名 Basti Leila, Go Jyoji, Okano Sho, Higuchi Keita, Nagai Satoshi, Nagai Kiyohito	4. 巻 103
2. 論文標題 Sublethal and antioxidant effects of six ichthyotoxic algae on early-life stages of the Japanese pearl oyster	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 Harmful Algae	6. 最初と最後の頁 102013 ~ 102013
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1016/j.hal.2021.102013	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 該当する

1. 著者名 Yarimizu K, Fujiyoshi S, Kawai K, Acuna JJ, Rilling JI, Campos M, Vilugron J, Cameron H, Vergara K, Gajardo G, Espinoza-Gonzalez O, Guzman L, Nagai S, Riquelme C, Jorquera MA, Maruyama F	4. 巻 -
2. 論文標題 A Standardized Procedure for Monitoring Harmful Algal Blooms in Chile by Metabarcoding Analysis	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 JoVE (Journal of Visualized Experiments)	6. 最初と最後の頁 e62967-
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) なし	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 該当する

1. 著者名 Jerney Jacqueline, Rengefors Karin, Nagai Satoshi, Krock Bernd, Sj?qvist Conny, Suikkanen Sanna, Kremp Anke	4. 巻 31
2. 論文標題 Seasonal genotype dynamics of a marine dinoflagellate: Pelagic populations are homogeneous and as diverse as benthic seed banks	5. 発行年 2021年
3. 雑誌名 Molecular Ecology	6. 最初と最後の頁 512 ~ 528
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1111/mec.16257	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 該当する

1. 著者名 Mardones Jorge I., Krock Bernd, Marcus Lara, Alves-de-Souza Catharina, Nagai Satoshi, Yarimizu Kyoko, Cl?ment Alejandro, Correa Nicole, Silva Sebastian, Paredes-Mella Javier, Von Dassow Peter	4. 巻 -
2. 論文標題 From molecules to ecosystem functioning: insight into new approaches to taxonomy to monitor harmful algae diversity in Chile	5. 発行年 2022年
3. 雑誌名 Advances in Phytoplankton Ecology	6. 最初と最後の頁 119 ~ 154
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1016/B978-0-12-822861-6.00011-X	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 該当する

1. 著者名 Nagai Satoshi, Sildever Sirje, Nishi Noriko, Tazawa Satoshi, Basti Leila, Kobayashi Takanori, Ishino Yoshizumi	4. 巻 6
2. 論文標題 Comparing PCR-generated artifacts of different polymerases for improved accuracy of DNA metabarcoding	5. 発行年 2022年
3. 雑誌名 Metabarcoding and Metagenomics	6. 最初と最後の頁 27 ~ 39
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.3897/mbmg.6.77704	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 該当する

1. 著者名 Dzhembekova Nina, Rubino Fernando, Belmonte Manuela, Zlateva Ivelina, Slabakova Nataliya, Ivanova Petya, Slabakova Violeta, Nagai Satoshi, Moncheva Snejana	4. 巻 9
2. 論文標題 Distribution of Different Scrippsiella acuminata (Dinophyta) Cyst Morphotypes in Surface Sediments of the Black Sea: A Basin Scale Approach	5. 発行年 2022年
3. 雑誌名 Frontiers in Marine Science	6. 最初と最後の頁 -
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.3389/fmars.2022.864214	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 該当する



〔学会発表〕 計10件（うち招待講演 2件 / うち国際学会 10件）

1. 発表者名 Sirje Sildever, Jacqueline Jerney, Anke Kremp, Hiroshi Oikawa, Setsuko Sakamoto, Mineo Yamaguchi, Katsuhisa Baba, Akihiro Mori, Toshinori Fukui, Takumi Nonomura, Akiyoshi Shinada, Hiroshi Kuroda, Nanako Kanno, Lincoln Mackenzie, Donald M. Anderson, Satoshi Nagai
2. 発表標題 Genetic relatedness of a new Japanese isolates of <i>Alexandrium ostenfeldii</i> bloom population with global isolates
3. 学会等名 Harmful Organisms 2019 (国際学会)
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 Nagai S, Kawakami Y, Minei R, Ogura A, Sildever S, Mineta K, Gojobori T
2. 発表標題 Whole genome analysis of the genus <i>Skeletonema</i> reveals evolution of genes supporting harmful algal blooms
3. 学会等名 The Molecular Life in Diatom (国際学会)
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 Nagai S
2. 発表標題 Development of an absolute quantification method for ribosomal RNA gene copy numbers per eukaryotic single cell by digital PCR
3. 学会等名 1st International Congress of Biotechnology and Bioengineering in Peru (招待講演) (国際学会)
4. 発表年 2021年

1. 発表者名 Andres Avila-Mariela, Gonzalez-Flores, Milko Jorquera, Joaquin, Rilling, Carlos Riquelme, Henry Cameron, Leonardo Guzman, Gonzalo Gajardo, Fumito Maruyama, Satoshi Nagai, Shoko Ueki
2. 発表標題 Long-term composition of 16S-based bacterial communities associated with algal bloom events in northern Chile
3. 学会等名 19th International Conference on Harmful Algae (国際学会)
4. 発表年 2021年

1 . 発表者名 Paredes Mella Javier, Jorge I. Mardones, Norambuna Luis, Fuenzalida Gonzalo, Satoshi Nagai
2 . 発表標題 First culture of <i>Dinophysis acuminata</i> from southern Chile: ecophysiology, toxin production and phylogeny
3 . 学会等名 19th International Conference on Harmful Algae (国際学会)
4 . 発表年 2021年

1 . 発表者名 Kyoko Yarimizu, Carlos Riquelme, Henry Cameron, Vladimir Avalos, Stephanie Barria, So Fujiyoshi, Joaquin-Ignacio Rilling, Emma-Karin Cascales, Jonnathan Vilugron, Oscar Espinoza-Gonzalez, Leonardo Guzman, Milko A. Jorquera, Satoshi Nagai, Fumito Maruyama
2 . 発表標題 Harmful Algae Monitoring on San Jorge Bay in Antofagasta, Chile
3 . 学会等名 19th International Conference on Harmful Algae (国際学会)
4 . 発表年 2021年

1 . 発表者名 Satoshi Nagai, Horoiwa Mizuki, Nina Yasuda, Noriko Nishi, Sirje Sildever, Natsuike Masafumi, Yamamoto Keigo, Hiroshi Yamauchi, Kim Chang-Hoon, Vear Trainer, Varela Daniel, Mardones Jorge, Paredes-Mella Javier, Ichiro Imai
2 . 発表標題 Genetic analysis revealed large genetic breaks among Pacific Rim populations in <i>Alexandrium catenella</i>
3 . 学会等名 19th International Conference on Harmful Algae (国際学会)
4 . 発表年 2021年

1 . 発表者名 Leila Basti, Go Jiyoji, Satoshi Nagai, Nagai Kiyohito
2 . 発表標題 Ichthyotoxicity of mixed blooms of <i>Dinophysis</i> , <i>Alexandrium</i> and <i>Cochlodinium</i>
3 . 学会等名 19th International Conference on Harmful Algae (国際学会)
4 . 発表年 2021年

1. 発表者名 Bernd Krock, Urban Tillmann, Luisa Hintze, Kristof Moller, Haifeng Gu, Satoshi Nagai, Kimberly Reece, Aaron J. C. Andersen, Thomas M. Harris
2. 発表標題 Chasing a moving target: The intriguing diversity of goniodomins
3. 学会等名 19th International Conference on Harmful Algae (国際学会)
4. 発表年 2021年

〔図書〕 計1件

1. 著者名 Satoshi Nagai, Sirje Sildever, Toshiyuki Suzuki, Goh Nishitani, Leila Basti, Takashi Kamiyama	4. 発行年 2020年
2. 出版社 Nova Scientific Publishers, Inc.	5. 総ページ数 729
3. 書名 Dinoflagellates - Classification, evolution, physiology and ecological significance	

〔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
研究分担者	安池 元重 (Yasuike Motoshige)  (20604820)	国立研究開発法人水産研究・教育機構・水産資源研究所・グループ長  (82708)	
研究分担者	本郷 悠貴 (Hongo Yuki)  (20737316)	国立研究開発法人水産研究・教育機構・水産資源研究所・主任研究員  (82708)	
研究分担者	宮下 英明 (Miyashita Hideaki)  (50323746)	京都大学・人間・環境学研究所・教授  (14301)	

6. 研究組織（つづき）

	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
研究分担者	及川 寛  (Oikawa Hiroshi)  (80371855)	国立研究開発法人水産研究・教育機構・水産技術研究所・研究主幹   (82708)	
研究分担者	安田 仁奈  (Yasuda Nina)  (00617251)	東京大学・大学院農学生命科学研究科・教授   (12601)	

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			
				他1機関
チリ	Instituto de Fomento Pesquero (IFOP)	Universidad de La Frontera	Antofagasta University	
ブルガリア	Bulgarian Academy of Science			
イタリア	National Research Council CNR-IRSA			
エストニア	Tallinn University of Technology			
メキシコ	National Autonomous Univ of Mexico			
韓国	Pukyong National University			
米国	NOAA			