

機関番号：82708

研究種目：基盤研究 (B)

研究期間：2007～2010

課題番号：19380116

研究課題名 (和文) 有害・有毒渦鞭毛藻の個体群における遺伝的分化と遺伝子交流に及ぼす要因の解明

研究課題名 (英文) Elucidation of the factors which influence genetic differentiation and gene flow in populations of harmful algal bloom causing species

研究代表者

長井 敏 (NAGAI SATOSHI)

水産総合研究センター・瀬戸内海区水産研究所・主任研究員

研究者番号：80371962

研究成果の概要 (和文)：

本研究課題では、3種の有害・有毒プランクトンについて、各種個体群の遺伝的構造に影響を及ぼす要因の解明を試みた。その結果、有毒渦鞭毛藻 *Alexandrium tamarense* および有害赤潮渦鞭毛藻 *Heterocapsa circularisquama* では人為的な要因、おそらくカキやアコヤガイなどの水産種苗の移植に伴い移送された可能性を強く示唆する結果を得た。有毒渦鞭毛藻 *Alexandrium catenella* では、フランス地中海沿岸と日本の集団とは遺伝的に有意に異なることが明らかとなり、これまで指摘されてきた日本からのカキの移植に伴う本種の地中海への移入は否定された。

研究成果の概要 (英文)：

In this study, we examined the factors influencing to population genetic structures of three harmful algal bloom causing microalgal species in Japanese coastal waters. The population genetics analysis by use of highly polymorphic microsatellite markers strongly suggested that population expansion and new introduction in *Alexandrium tamarense* and *Heterocapsa circularisquama* has occurred by gene flow through human-assisted dispersal, namely transfers of vegetative cells via translocation of the Japanese oyster and Japanese pearl oyster's spats. In *Alexandrium catenella*, we obtained negative data in the population genetic study to proof the human-associated introduction from Japan to Thau lagoon (French coasts in Mediterranean Sea).

交付決定額

(金額単位：円)

	直接経費	間接経費	合計
19年度	4,900,000	1,470,000	6,370,000
20年度	3,800,000	1,140,000	4,940,000
21年度	3,200,000	960,000	4,160,000
22年度	3,200,000	960,000	4,160,000
総計	15,100,000	4,530,000	19,630,000

研究分野：農学

科研費の分科・細目：水産学・水産学一般

キーワード：プランクトン・個体群構造

1. 研究開始当初の背景

平成 17 年 6 月 1 日に「特定外来生物による生態系等に係る被害の防止に関する法律」が施行され、官民をあげて外来種、移入種の定着や増殖等による被害や生態系の攪乱について積極的な取り組みが求められている。移

入種の問題は、植物プランクトンなど海洋微生物の分野でも例外ではなく、近年、日本沿岸のみならず世界各地で新奇の有害・有毒プランクトンが新たに台頭し、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、新たな社会問題となっている。これら

害・有毒プランクトンの地球規模での分布拡大現象については、船舶のバラスト水や水産種苗の移植、木材や海砂の運搬等を介した海外からの移入や国内での移送が要因として考えられてきた。現時点において、同一種内における異なる地域個体群間の遺伝的類縁関係を明らかにし、新たな海域への移入等を科学的に知る方法は、顕微鏡を使った形態学的手法では達成不能であり、マイクロサテライトなどの高度多型分子マーカーを用いた集団遺伝学的解析が最も有効と考えられる。しかし、これまで植物プランクトンにおいて種内の遺伝的分化を解析し、それらの情報に基づいた地域個体群間の移動・交流を証明した学術報告はほとんど見られなかった。

2. 研究の目的

本申請者らは有毒渦鞭毛藻 *Alexandrium tamarense* が地理的に離れていない海域間で遺伝的分化が見られ、かつ集団の交流が海流以外の人為的な経済活動による可能性を世界で初めて明らかにした。このように本来それぞれの地域の海洋環境に適応して進化してきた微生物群が、人為的活動により異なる環境に移送され、そこで新たに飛躍的な個体群の増大を引き起こし、生態系の攪乱を引き起こすのみならず、水産業などの産業活動やヒトの健康にまで悪影響を及ぼす事例が顕在化しており、何らかの対策が必要である。

近年、本申請者の研究グループでは、複数の有害・有毒プランクトンについて高度多型を有するマイクロサテライトマーカーの開発に成功し、各種個体群の遺伝的多様性などについての解析を進めてきた。その結果、個体群構造は種によって大きく異なることが明らかになってきた。本研究では、自然現象あるいは人為的な要因によると考えられる有害・有毒プランクトンの海域間移動によりそれらの分布拡大を引き起こすメカニズムを解明する手法として、3種の有害・有毒プランクトンの個体群構造について、詳細な集団遺伝学的解析を行い、とりわけ遺伝的分化と遺伝子交流に及ぼす要因を明らかにすることを目的とする。

3. 研究の方法

(1) 培養株の確立

日本を中心とした複数の海域から上記の3種についてサンプリングを行い、地点ごとに複数のクローン培養株 (30~50株) を確立する。各株につき拡大培養し、集藻後、DNA を抽出する。

(2) 分子同定

形態を指標とした種同定が困難な *A.*

tamarense, *A. catenella* については LAMP 法等の分子同定を実施し、種の判定を行う。

(3) ハプロタイプマーカーの探索

ミトコンドリア、葉緑体、リボソーム RNA 遺伝子 (5.8S-rDNA およびその ITS 領域)、あるいはマイクロサテライトのフランキンゲン領域を標的遺伝子として、ハプロタイプマーカーとなり得る多数の候補をスクリーニングした。*A. catenella* 個体群を地理的に区別できるマーカーを見出し、解析を行った。

(4) フラグメント解析

既に3種について、それぞれ複数のマイクロサテライトマーカーの開発に成功しており、これを用いて、抽出 DNA を鋳型に PCR 増幅を行い、ゲルシークエンサーを用いて各 PCR 産物のバンドサイズを決定する。

(5) 集団遺伝学的解析

解析ソフトを用いて (MStools, GENEPOP, TFPGA, GeneAIEx, PCAGEN, FSTAT, GENECLASS, STRUCTURE など)、集団遺伝学的解析を行う。各個体の遺伝子型の決定、各遺伝子座ごとに対立遺伝子頻度、遺伝子多様度、遺伝子流動指標値の計算、ペア個体群間の遺伝距離、集団分化指数などを求め、個体群内及び個体群間の遺伝的構造、地理的類縁性及び集団分化の程度を解析する。個体群間で移動 (遺伝子流動) が見られた場合、遺伝子流動が海流・潮流などの自然現象により生じたものか、あるいは何らかの人為的な要因によるものかについて検討を行う。一つの海域の個体群において、水平・経時的に個体群構造を解析し、個体群構造の変動範囲を明らかにする。さらに、遺伝的多様性や集団分化など各種個体群の遺伝子構造に及ぼす各種生物学的要因の影響について考察する。

4. 研究成果

(1) *Alexandrium tamarense*

A. tamarense については、広島湾、大阪湾、三重県英虞湾、仙台湾、北海道 (噴火湾、苫小牧、浦賀)、ロシアのアニヤ湾の海水及び海底泥サンプルから単離したクローン培養株 (合計 363 株) について、8 個の MS マーカーを用いて分析を行い、以前、解析を実施した 485 株のデータと合わせて解析した (合計 848 株)。*A. tamarense* の集団遺伝構造において、遺伝距離と地理的距離の間には、有意な正の相関関係が認められ、また、約半分のペア個体群間で有意な遺伝的分化が見られた。これらの結果は、基本的に本種の地方集団は遺伝的に分化しており、混合がほとんどないことを示す。一方で、地理的に 1,000km も離れた仙台・大船渡-広島湾・広島県呉湾

の個体群は、有意な遺伝的分化は見られず、むしろ遺伝的な類似（遺伝子流動）が検出された。おそらく、カキ種苗の大規模な移植に伴う本種の移送過程があることを示唆する。

別の研究予算で、実際に他海域へ移植のため移送中の稚ガキ（ホタテ貝のコレクターに多数付着、70枚のホタテ貝殻を1本のワイヤーで固定してあるもの）を入手し、地ガキ体内に含まれる *A. tamarense* の検出を試みたところ、消化管内から本種の細胞が高密度で含まれているのを確認した。消化管内の糞中で、本種は栄養細胞として生存しており、海水に放出されると、1、2時間で遊泳を始めることを明らかにした（松山ほか 2009）。以上の結果は、本研究において検出された遠距離（仙台湾ー広島湾）の個体群間における遺伝的類似性を支持した。

(2) *Alexandrium catenella*

日本（8地点）、中国（3地点）およびフランスの地中海Thau lagoon（1地点）の計12地点から採集した海水および海底泥から、クローン培養株（合計644株）を確立した（図1）。開発した21個のマーカーのうち、PCR増幅が良好であった8個のマーカーを用いて全株から抽出したDNAを用いてPCR増幅を行った。日本、中国、日本海およびフランスの集団のバンドパターンが明らかに異なったため、AMOVA解析において、あらかじめ日本、日本海、中国、フランスの4集団に分けて解析を行ったところ、対立遺伝子の出現頻度（ F_{ST} ）および対立遺伝子のサイズ（ R_{ST} ）のいずれの場合についても、4集団は遺伝的に異なる集団であることが判明した。

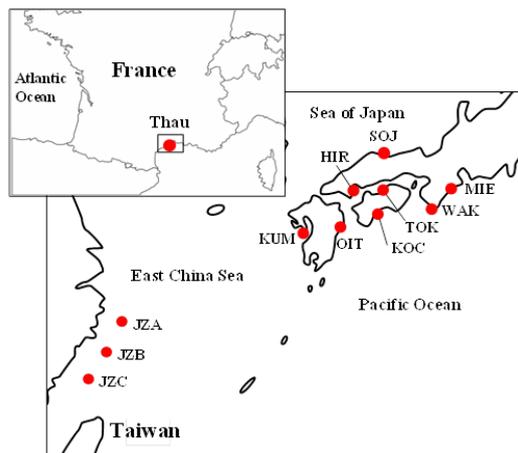


図1. *Alexandrium catenella* の採集地点図

ペアワイズ F_{ST} ・ R_{ST} ともに、ほとんど全てのペア集団間で有意な遺伝的分化（ F_{ST} で27/28ペア集団、 R_{ST} で25/28ペア集団）が認められた。

4集団のペアワイズ F_{ST} ・ R_{ST} に基づく集団分化の検定結果において、日本海とそれ以外（日本・中国・フランス）の集団間の遺伝的分化の程度が著しく大きく、とりわけペアワイズ R_{ST} では、日本ー日本海間で0.764、日本海ーフランス間で0.737という極めて大きな値を示した。この結果は、これらの集団が対立遺伝子の出現頻度の差だけでなく、特に対立遺伝子のサイズ差（繰り返し配列を含むPCR産物長の差）が大きいことを示すものであり、近年に分岐した集団というより、歴史的にずいぶん前に分岐した集団であることを強く示唆した。一方、中国のペア集団間では有意と認められない場合も認められた（ R_{ST} で2/3ペア集団）。おそらく、南シナ海から東シナ海にかけて北上する沿岸海流による集団の移送があり、ある程度の遺伝子流動が生じてきたと思われる。日本国内の集団については、統計学的に有意な集団分化が見られてはいるが、ペアワイズ F_{ST} ・ R_{ST} の値は国外の集団間の値に比べて大きな値ではなく、むしろ弱い集団構造の形成を示唆した。

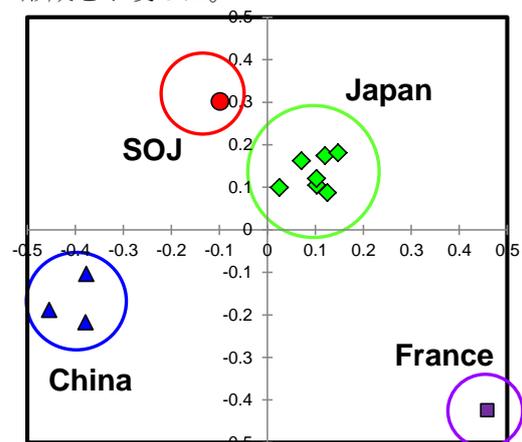


図2. 主成分分析の結果。 *A. catenella* 12集団（644個体）を8本のマイクロサテライトを用いて解析したデータを使用。Japan, 日本7集団; china, 中国3集団; SOJ, 日本の日本海1集団; France, フランスThau lagoonの1集団を示す。第1~3主成分の累積寄与率は77.1%であった。

また、*Cochlodinium polykrikoides* で検出されたような人為的な要因によると思われる遺伝子流動、つまり人間活動による集団の海域間移送は、本種については検出されなかった。PCAgenを用いて主成分分析（図2）とSTRUCTUREを用いた集団帰属検定を実施したところ、AMOVA解析の結果およびペアワイズ F_{ST} ・ R_{ST} による集団分化の検定結果で示された通り、12集団は4個のクラスターに分けるのが最適であり、可視的にも集団分化の現

状を示すことに成功した。STRUCTUREによる集団帰属検定(図3)の結果は、日本および中国の集団はどちらかと言うと2、3のクラスターで構成される混成集団であることに對して、日本海およびフランスの集団は、単一のクラスターで構成されるピュアな集団であることを示した。とりわけ日本海の集団は、著しく高いペアワイズ R_{ST} 値が示す通り、他の集団とは遺伝的に大きく異なり、歴史的に異なる背景を持つ集団であることが強く示唆された。日本海集団の遺伝的異質性は、魚類や無脊椎動物においても報告されており、更新世期の海水面の低下や異なる海洋構造により、大きな遺伝的分断が生じた可能性が指摘されている。

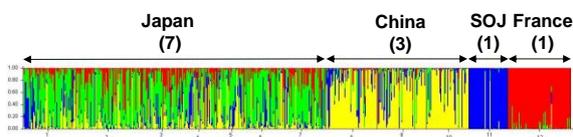


図3. STRUCTUREによるバープロット解析。A. catenella 12集団 644個体が幾つのクラスターに区分されるかを解析し、各個体が各クラスターにどの程度の割合で帰属するか割合を示した。Japan, 日本7集団; China, 中国3集団; SOJ, 日本の日本海1集団; France, フランス Thau lagoonの1集団。

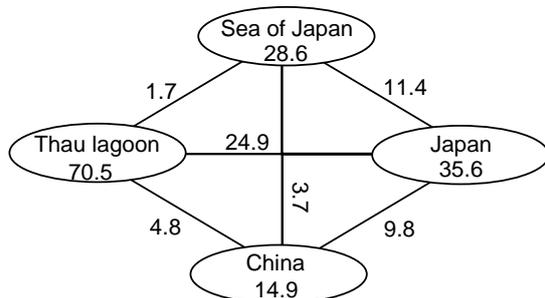


図4. 集団間のアリル共有度. 10個の遺伝子座のうち4個以上で同じ遺伝子型を共有したペア個体の出現割合を示し、集団内および集団間でそれぞれ示した。

各集団間の全てのペア個体間でアリル共有度を計算したところ、日本集団内で $38.7 \pm 12.4\%$ ($n = 45, 158$)、中国集団内で 27.4 ± 12.5 ($n = 8, 641$)、日本海集団内で 33.5 ± 15.2 ($n = 528$)、フランス集団内で 52.8 ± 13.2 ($n = 451$)となり、フランス集団内で高い値を示した ($p < 0.001$)。また、8個のマイクロサテライト遺伝子座のうち4個以上の遺伝子座で同じ遺伝子型を有するペア個体の割合を調べた結果、日本集団内で 35.6% 、中国集団内で 14.9% 、日本海集団内で 28.6% 、フランス集団内で 70.5% となり、やはりフランス集団では他より著しく高い値を示した ($p < 0.001$) (図4)。これは、フランス集団が、他の海域よりも親

兄弟・姉妹・親戚等の濃い血縁集団で構成されており、比較的最近、他の海域から持ち込まれた小さな遺伝的プールを持つ集団が分布している可能性が高い。他海域から持ち込まれた可能性は高いが、以上の解析結果は、地中海フランス Thau lagoon 沿岸の A. catenella 集団が、日本およびアジア起源にあるとする仮説に対して否定的である。現在、個体ごとに多型性を示すハプロタイプマーカーを用いた解析も行っており、その結果でも、地中海フランス集団の日本・アジア集団起源説は否定的である。また、アメリカ西岸やニュージーランドの集団の解析も実施しており、今後、さらに中近東、アフリカや南米の集団も含めた全地球規模の解析を実施したいと考えており、これらの解析の進行とともに、フランス集団の起源や本種のさらに詳細な集団遺伝構造が明らかになると期待される。

(3) *Heterocapsa circularisquama*

本種については、本研究期間の間に、赤潮の発生があまり見られず、これまで、三重県英虞湾(2005、2006年に2回採集)、静岡県浜名湖(2007年)、熊本県八代海楠浦(2009年)、新潟県加茂湖(2009、2010年に2回採集)から単離培養した株のみを用いて集団遺伝学的解析を実施した(全227株)。

表1. *Heterocapsa circularisquama*の各集団の各マイクロサテライト座における遺伝子多様度の比較(灰色枠の文字は、他海域の集団より、値が著しく低いことを示す)。

遺伝子座	サンプリング海域					
	英虞湾05	英虞湾06	浜名湖	楠浦	加茂湖09	加茂湖10
HC06	0.420	0.637	0.727	0.419	0.620	0.664
HC14	0.347	0.513	0.310	0.359	0.232	0.174
HC15	0.332	0.362	0.397	0.369	0.318	0.342
HC16	0.222	0.282	0.343	0.359	0.367	0.365
HC18	0.305	0.330	0.468	0.129	0.310	0.247
HC21	0.365	0.427	0.374	0.269	0.348	0.397
HC58	0.365	0.384	0.359	0.375	0.305	0.375
HC61	0.406	0.275	0.612	0.427	0.348	0.369
HC62	0.389	0.598	0.456	0.195	0.043	0.174
HC63	0.000	0.202	0.288	0.289	0.354	0.207
HC65	0.442	0.346	0.291	0.129	0.221	0.180
HC73	0.420	0.555	0.611	0.372	0.348	0.402
HC75	0.259	0.500	0.468	0.048	0.125	0.090

加茂湖の個体群について遺伝子多様度を調べた結果、熊本県楠浦の個体群とよく似た傾向が認められ、複数の遺伝子座において三重県英虞湾や静岡県浜名湖の個体群より著しく低い遺伝子多様度を示すことがわかった。各遺伝子座における対立遺伝子の出現頻度を調べたところ、サンプル間で大きな差は見出せなかった。UPGMA デンドログラムで見ると、加茂湖(2009、2010)・楠浦の個体群で一つのクラスター、英虞湾(2005、2006)・浜名湖の個体群で一つのクラスターを形成し、これらの関係は、高いブートストラップ値によ

り支持された (図5)。

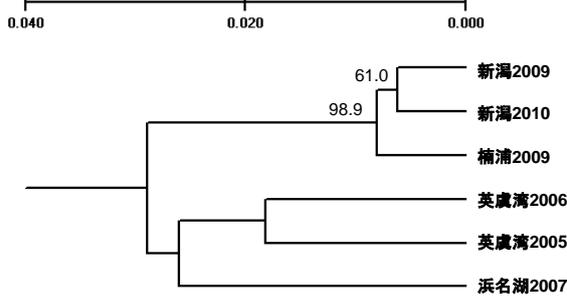


図5. UPGMA デンドログラム. 13 個のマイクロサテライトマーカーを用いて 227 株を解析した結果を示す。図中の値はブートストラップ値。50%以下の値は削除した。

ペアワイズ F_{ST} および R_{ST} による集団分化の検定の結果、 F_{ST} では全てのペア個体群間で有意差が見られ、一方 R_{ST} では、英虞湾-浜名湖間および楠浦-加茂湖間で有意差が見られなかった。アレル共有度分析 (13 個の MS マーカーを用いた解析で検出された対立遺伝子のうち、ペア個体間で何個、同じ対立遺伝子を保有しているか) を行い、親兄弟、親戚関係すなわち濃い血縁関係にある個体を探索したところ、英虞湾および浜名湖の各個体群内のペア個体間では、アレル共有度の中心は 0.5 付近を示した一方、楠浦および加茂湖のそれでは 0.7 付近を示した。この結果は、楠浦および加茂湖の個体群内の方が英虞湾および浜名湖より濃い血縁関係にある個体が多いことを示しており、遺伝子多様度が著しく低い結果と併せて考えると、加茂湖におけるこの結果は、ごく少数の個体が他海域から新たに移入してきたことを強く示唆するものである。各サンプル間のアレル共有度の比較をしてみると、楠浦内・加茂湖内あるいは加茂湖-楠浦間で著しく高い値を示した。これは、楠浦と加茂湖の個体群が遺伝的に近縁であり、共通の個体群からその一部がおそらく人為的な要因により移送されて分布を広げたことを示唆する。2010 年の加茂湖においては、他海域から水産種苗の持ち込みは、基本的に禁止されており、他海域からの持ち込みがなかったにもかかわらず、2010 年に本種の赤潮発生が見られた。この事実は、2009 年に持ち込まれた集団が、加茂湖に生き残り、一部の集団が越冬に成功したことを強く示唆するものである。また、加茂湖 2009 年と 2010 年の集団が楠浦 2009 年の集団より近縁であるという解析結果も、加茂湖における本種の越冬、定着を支持する。

一方で、Smayda (2002) のように "hidden flora

concept" を唱える研究者は、人間活動が原因となり新たに移入された新奇種によってブルームが発生するとする説に懐疑的な意見を持つ。この説は、それまで非常に低密度に出現してきたせいで、その種の存在に誰も気づかなかったが、富栄養化等の環境条件の変化により徐々に出現密度が増すことで新たにニッチを獲得し、優占種へと変貌するというものである。Smayda (2002) は、日本の *H. circularisquama* も隠蔽種 (hidden species) の一つではないかと述べているが、本研究の成果から、本種への "hidden flora concept" の適用には否定的である。何故なら、もし *H. circularisquama* が隠蔽種として長い間、西日本沿岸各地に存在していたのなら、当然、各 MS 遺伝子座の遺伝子多様度はもっと高い値を示し、異なる海域の集団間で対立遺伝子の出現頻度およびサイズにもっと大きな有意差が生じていても不思議ではないが、実際には大きな差異は見られない。加えて、本種は増殖速度が大きく、現場海域で頻繁に赤潮を形成しているため、少数でも存在すれば、その海域で赤潮を形成していた可能性は高く、従って、本種の場合、やはり新規移入種と考えるのが妥当である。

5. 主な発表論文等

[雑誌論文] (計 9 件)

- (1) Genovesi G, Nishitani G, Wang, J, Masseret E, Grzebyk D, Berrebi P, **Nagai S**. Genetic structure of Asian geographic populations in *Alexandrium catenella* (Dinophyceae): a study using microsatellite markers. Proceedings of XIII International Conference on Harmful Algae in Hong Kong. 査読有, 2010, 161-165.
- (2) Matsuyama Y, Nishitani G, **Nagai S**. Direct detection of harmful algae from the oyster spat and live fish transporting trailers. Proceedings of XIII International Conference on Harmful Algae in Hong Kong. 査読有, 2010, 185-189.
- (3) Man DG, Evans KM, Chepurinov VA, **Nagai S**. Morphology and formal description of *Sellaphora bisexualis*, sp. nov. (Bacillariophyta). Fottea 査読有, 9, 2009, 199-209.
- (4) Cho SY, **Nagai S**, Han MS. Development of microsatellite markers in red-tide causative species *Prorocentrum micans* (Dinophyceae). Conservation Genetics, 査読有, 10, 2009, 1151-1153.
- (5) Cho SY, **Nagai S**, Nishitani G, Han MS. Development of compound microsatellite markers in red-tide causing species *Akashiwo sanguinea* (Dinophyceae). Mol. Ecol. Res. 査読有, 9, 2009, 915-917.
- (6) Linda A. R. McCauley, Erdner DL, **Nagai S**, Richlen ML and Anderson DM. Biogeographic analysis of the globally distributed harmful algal bloom species *Alexandrium minutum* (Dinophyceae), based on LSU rDNA and ITS sequences, and microsatellite markers. J. Phycol. 査読有, 45, 2009, 454-462.

(7) Masseret E, Grzebyk D, Nagai S, et al. Unexpected genetic diversity among and within populations of the toxic dinoflagellate *Alexandrium catenella* revealed with nuclear microsatellite markers. Applied Environ. Microbiol. 査読有, 75, 2009, 2037-2045.

(8) Genovesi B, Reyaud N, Nishitani G, Wang J, Masseret E, Berrebi P, Nagai S. *Alexandrium catenella* in Thau lagoon (France) is not a recent introduction from Asia? Harmful algal News, 査読無, Vol. 40, 2009, 1-3.

(9) 長井 敏. 高度多型分子マーカーを用いた有害・有毒赤潮生物の個体群構造の解析と分布拡大機構の解明、海洋と生物、査読無、29、2007、423-431

〔学会発表〕(計 12 件)

(1) Kremp A, Mäenpää P, Suikkanen S, Krock B, Kankaanpää H, Sillman P, Nagai S, Lim PT. Phylogenetic Relationships, Morphological Variation and Toxicity Patterns in the *Alexandrium ostenfeldii*/*Alexandrium peruvianum* species complex. 14th International Conference on Harmful Algae, 2010, Crete island, Greece.

(2) Mäenpää P, Figueroa R, Blomster J, Nagai S, Kremp A. Spatial and temporal intragenetic variation of *Alexandrium ostenfeldii* in the Baltic Sea. 14th International Conference on Harmful Algae, 2010, Crete island, Greece.

(3) Imai I, Shiraiishi T, Yamamoto K, Nakajima M, Nagai S. Detection of *Alexandrium tamarense* (Dinophyceae) cysts in bottom sediments with real-time PCR assay; Cyst dynamics and occurrence of bloom Osaka Bay, the Seto Inland Sea. PICES-2010 annual meeting, W3 MEQ Workshop and a laboratory demonstration new technologies and methods in HAB session: I. 2010, Portland, USA.

(4) 長井 敏. 海産有害・有毒プランクトンの分布と集団遺伝構造、日本植物学会第74回大会、2010、中部大学

(5) Evans KM, Nagai S, et al. Huge diversity of microalgae; how have so many species arisen? International Phycological Congress 2009, 2009, Tokyo, Japan .

(6) 宮園 章、長井 敏、工藤 勲、噴火湾における麻痺性貝毒原因プランクトン *Alexandrium tamarense* シストの発芽能の維持年数、2009年度日本ベントス学会・日本プランクトン学会合同大会、2009年、北海道大学

(7) 長井 敏. 有害・有毒プランクトン-DNAからわかる分布拡大メカニズム、日本DNA多型学会第18回学術集会シンポジウム「DNA多型分析による環境診断の試み」、2009年、福岡県久留米市

(8) Masseret E, Grzebyk D, Nagai S, et al. Microsatellite

markers reveal unexpected diversity among and within populations of the toxic dinoflagellate *Alexandrium catenella*. 13th International Conference on Harmful Algae, 2008, Hong Kong, China.

(9) Genovesi B, Nishitani G, Masseret E, Grzebyk D, Berrebi P, Nagai S. Genetic structure of Asian geographic populations in *Alexandrium catenella* (Dinophyceae). 13th International Conference on Harmful Algae, 2008, Hong Kong, China.

(10) Evans K, Nagai S, Chepurinov VA, Vanormelingen P, Mann DG. Highly restricted gene flow between populations of freshwater diatoms: implications for species. International Diatom Symposium 2008, 2008, Dubrovnik, Croatia.

(11) Nagai S. Genetic structure and gene flow of populations in several harmful algal bloom species in Japanese coastal waters revealed by microsatellites. 2007. ASLO, 2007, Aquatic Scientific Meeting.

(12) 山口早苗、長井 敏、Lian C、西谷 豪、板倉 茂、山口峰生、有害渦鞭毛藻 *Heterocapsa circularisquama* のマイクロサテライトマーカーの開発とその特徴、2006年度日本ベントス学会・日本プランクトン学会合同大会、2006、広島

〔図書〕(計 1 件)

長井 敏、Maenpaa P, Kremp A, 馬場勝寿、宮園 章、Godhe A, Mackenzie L, Anderson D、有害渦鞭毛藻 *Alexandrium ostenfeldii* の殻リボソーム RNA 遺伝子領域に見られる多型と LAMP 法を用いた 1 細胞からの検出、DNA 多型、Vol.18、2010、122-126

〔その他〕

(1) 日本植物学会ホームページ、植物科学の最前線、B. 日本食物学会第 74 回大会本部企画シンポジウム、「分子でみる光合成性物の多様性・生態・環境」、5. 海産有害・有毒プランクトンの分布と集団遺伝構造。

<http://bsj.or.jp/frontier/BSJreview2010B5.pdf>

(2) 瀬戸内海区水産研究所ホームページ

<http://feis.fra.affrc.go.jp/>

6. 研究組織

(1) 研究代表者

長井 敏 (Satoshi Nagai)

水産総合研究センター・瀬戸内海区水産研究所・環境保全研究グループ・主任研究員
研究者番号：80371962

(2) 研究分担者

山口峰生 (Mineo Yamaguchi)

水産総合研究センター・瀬戸内海区水産研究所・環境保全研究グループ・主任研究員
研究者番号：00371956