科学研究費助成事業 研究成果報告書



平成 27 年 5 月 17 日現在

機関番号: 12601

研究種目: 挑戦的萌芽研究 研究期間: 2012~2014

課題番号: 24651004

研究課題名(和文)直達発生種の遺伝的集団構造に基づく巨大津波による三陸沿岸の生態系撹乱履歴解明

研究課題名(英文)History of ecosystem disturbances associated with mega-tsunamis in the Sanriku Coast reveled by genetic population structure of direct-developing species

研究代表者

小島 茂明 (Kojima, Shigeaki)

東京大学・新領域創成科学研究科・教授

研究者番号:20242175

交付決定額(研究期間全体):(直接経費) 2,900,000円

研究成果の概要(和文):2012年5月に三陸海岸における巻貝類の分布状況を調査した。いくつかの場所では主要な生息地が失われたりしていたが、いずれも近隣に少数の個体が生存している事を確認した。三陸北部における直達発生種ホソウミニナの新規加入は春と秋にピークを持つ事が示された。本種を対象にコアレセント理論に基づく系統地理解析をおこない過去の集団サイズの変動を推定した。ミトコンドリアDNAのCOI遺伝子および核DNAのITS1領域の塩基配列に基づく解析では最終氷期中の集団サイズの減少とその後の回複が検出された。28種類のマイクロサテライトデータに基づく解析では、東日本大震災およびチリ津波による集団サイズの減少が検出された。

研究成果の概要(英文): Distribution of tideland snails on the Sanriku Coast was surveyed in May 2012. In some areas, their main habitats have been lost but a few individuals survived in the neighboring habitats. Peaks of recruitment of the Asian horn snail Batillaria attramentaria, which is a direct-developing species, were recognized each once in spring and summer in the northern part of the Sanriku region. Phylogeographic analyses based on the coalescence theory were conducted to reveal historical changes of population size of this species. By analyses using nucleotide sequences of a mitochondrial COI gene and a nuclear ITS1 region, a rapid decrease of the population size during the last glacial period and a subsequent recovery were shown. Analyses using 28 kinds of microsatellites showed rapid decreases of the population size corresponding to the 2011 Tohoku Earthquake and the Chile Tsunami in 1960.

研究分野: 分子生態学

キーワード: 三陸海岸 巨大津波 ホソウミニナ コアレセント理論 ベイス法 集団サイズ変動

1.研究開始当初の背景

2011年3月に発生した東日本大震災では、 巨大津波が東北地方の沿岸域に大きな被害 をもたらした。三陸沿岸にはリアス式海岸の 中に干潟が分布しているが、今回の津波で多 くの干潟が壊滅的な被害を受けた一方で、松 島湾の湾奥部の様に閉鎖性の高い場所の干 潟では比較的影響が小さかったことが報告 されている (Miura et al., 2012)。 三陸沿 岸はこれまでにも繰り返し巨大津波に見舞 われたが、その都度、被害の小さい干潟から の個体の移入により、干潟の生態系が比較的 速やかに回復したと考えられるが、近年の沿 岸開発により干潟の連続性が低下しており、 今回の津波の被害からの回復が遅れる可能 性が懸念されている。干潟の生態系には陸か ら流入する栄養塩や有機物を除去して、好適 な沿岸環境を維持する働きがある。また、干 潟は高い生産性を有し、多くの水産有用種の 成育場となるとともに渡り鳥の休憩地とな るなど、生物多様性保全の面からも重要な場 である。三陸沿岸の復興に際しても干潟など の自然環境と調和的な計画の立案が望まれ る。そのためには、どの程度の間隔で干潟が あれば、巨大津波による生態系の崩壊を回避 できるかを知ることが重要である。今回の震 災を受けて、陸域および海域の地質調査や古 文書の分析によって、三陸沿岸における過去 の巨大津波の発生履歴がより詳細に解明さ れつつあるが、そうした解析だけから過去の 巨大津波が沿岸生熊系に及ぼした影響の大 きさ、地域差や回復過程を知る事は極めて困 難である。

そこで、研究代表者らは生物集団の個体数変動から巨大津波の影響を評価できるのではないかと考えた。主な対象としたホソウミニナは日本の干潟の代表的な底生生物であるウミニナ属巻貝類の一種で、卵からプランクトン幼生を経ずに稚貝が生まれる直達発生種である。そのため個体の移動能力が小さ

く、地域集団間に遺伝的差異が生じやすい。 このことは震災前の研究で約30kmしか離 れていない岩手県の山田湾と宮古湾に遺伝 的にほぼ完全に異なる集団が認められたこ とや東京湾の湾奥に人工的に作られた新浜 湖の干潟に 30 年以上、近隣の干潟からの自 然分散が確認されなかったことからも裏付 けられる。ホソウミニナは集団間の移動が極 めて少ないため、それぞれの干潟の歴史が地 域集団の遺伝的構造の中に記録されている。 実際、研究代表者らのミトコンドリア DNA の 塩基配列に基づく解析で、黒潮流域の集団と 対馬暖流流域の集団の間に大きな遺伝的分 化が見出されている (Kojima et al. 2004)。 2つの集団は多くの異なる塩基配列を持つ 個体から構成され、地域集団により遺伝的な 組成が異なっている。

歴史的に黒潮と対馬暖流の支流である津 軽暖流の影響を交互に受けてきた三陸沿岸 では、北上川以南では黒潮型個体が卓越し、 それより北側ではほぼ全ての個体が対馬暖 流型となるが、宮古湾以北で再び黒潮型個体 が卓越するという複雑な分布パターンが維 持されている。研究代表者らが東日本大震災 後におこなった予備的調査では、岩手県の宮 古湾と山田湾で地盤沈下により干潟がほと んど干出しなくなり、ホソウミニナの集団サ イズが大幅に縮小したことが確認されてお り、遺伝的多様性の喪失が生じているものと 推測された。分散能力が乏しいため最も撹乱 の影響を受けやすく、遺伝的多様性の回復に 時間がかかる直達発生種は、生態系の衰退や 回復を評価する際の指標として適している。

生物集団の遺伝的構造には過去の集団の変化に対応した特徴が数千年間に渡って保持されており、急速な集団拡大の検出などの解析に使われてきたが、今世紀に入って急速に普及した Coalescence theory に基づく系統地理解析は、解析した個体の遺伝子が共通祖先に収斂していく過程を過去に遡って、繰

り返しシミュレートすることで過去の集団の変化を推定する手法である。本研究では、そのうち有効集団サイズ(集団を構成する個体の数に比例するパラメタ)の歴史的変遷をベイズ法で推定する Bayesian skyline plot (Hey, 2010; Ho and Shapiro, 2011)を用いた。

2.研究の目的

本研究は、1)研究代表者らが 2000 年および 2006~2007 年に三陸沿岸で採集したホソウミニナのサンプルおよび本研究で新たに採集したサンプルを使って、東日本大震災に伴う巨大津波が直達発生種の集団構造をどう変化させたかを解析する、2)過去の巨大津波が本種の集団構造に残した痕跡を探索する、合わせて3)系統地理解析に必要であるが、北アメリカの移入集団(Yamada,1982)を除き知見が乏しい本種の個体群動態を定期調査により明らかにする事を目的とする。

3.研究の方法

三陸沿岸におけるホソウミニナの分布を調査し、サンプリングをおこなった。2012年5月から12月に、宮古湾の津軽石川河口干潟と山田湾の織笠川河口干潟において、毎月ホソウミニナの分布状況を調査し、殻長サイズに基づき個体群動態を解析した。

震災前および 2011 年夏に採集・保存されていたサンプルと合わせて、分子進化速度の異なるミトコンドリアDNAのチトクローム c オキシダーゼ・サブユニット I (C O I) 遺伝子および核DNAのリボゾームRNA遺伝子の内部転写スペーサー領域 (I T S 1) の塩基配列および I toh et al. (2013) と Miura et al. (2013) が開発した計 28 種類のマーカーを用いて算出したマイクロサテライトデータに基づいて、 Bayesian skyline plot 法で過去の集団サイズの変遷を

推定した。

4. 研究成果

2012 年 5 月に、過去(2006~2007 年)に 巻貝類の分布調査と採集をおこなった岩手 県宮古湾から宮城県松島湾までの 8 地点で ホソウミニナおよび近縁巻貝類の分布状況 を調査した。宮古湾、山田湾、長面浦、雄勝 湾では主要な生息地が巨大津波により破壊 されたり、地盤沈下により失われたりしてい たが、いずれも近隣に少数の個体が生存して いる事が確認された。

宮古湾の津軽石川河口干潟と山田湾織笠 川河口干潟において個体群の回復過程を追 跡調査したところ、津軽石川河口干潟の砂泥 底の地点では、6月と9月から10月に殻長6 ~8mmにモードをもつ新規加入群が認められ た(図1)。織笠川河口干潟の砂礫底の地点 においても7月および9月に明らかな新規加 入群が確認され、三陸北部におけるホソウミ ニナの新規加入は春と秋にピークを持つと 考えられた。一方、織笠川河口干潟上部の砂 泥底では津波直後から比較的多数の個体が 確認されていたが、幼貝の新規加入は認めら れず、再生産の場としては不適であると考え られた。

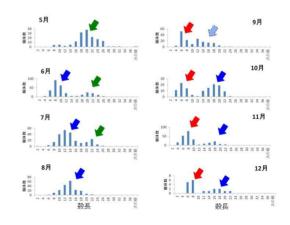


図1 津軽石川河口干潟におけるホソウミナ集団のサイズ組成の季節変化。矢印は同じ時期に生まれた個体群 (コホート)を示す。

継続的な野外調査から、本種の宮古湾個体 群密度が 2013 年に急激に増加し、震災前の 状態に近づきつつある事が示された。塩分変動や乾燥への耐性が比較的強いため、津波の様な大規模撹乱に遭遇しても少数の個体が生き残る可能性が高い種では、直達発生という繁殖様式が撹乱後に確実に遺伝子を残す戦略として有効であると考えられる。一方、津波によって新たに形成された潮間帯への移入には時間を要し、自然な状況では本種の分散能力が極めて低いことが再確認された。

震災前に日本および韓国で採集、保存され ていたホソウミニナを用いて、マイクロサテ ライトマーカーによる集団構造解析をおこ なった。ほぼ全ての地域集団間に有意な遺伝 的分化が検出されたにも関わらず、青森県尾 駮沼の集団と愛知県汐川干潟の集団間およ び岩手県宮古湾と宮城県万石浦の集団間に は遺伝的差異がみられなかった。尾駮沼およ び宮古湾は、より近隣の地域集団との間に有 意な遺伝的差異が示されており、本種がプラ ンクトン幼生期を持たない直達発生をおこ なう事から、こうした遺伝的類似性は最近起 きた非意図的な人為的移動の結果と考えら れる。実際、ミトコンドリア DNA のデータを 綜合した解析から、尾駮沼の集団が移入個体 のみで形成されたものであるのに対し、宮古 湾の集団は移入個体と在来個体に由来する 遺伝子を併せ持つ事が示された。これらの結 果は、過去の分布調査や潮干狩り用のアサリ の輸送記録と整合的であった。各地域集団の 遺伝的特性に基づく集団史推定の精度を向 上させるためには、こうした人為的移入の影 響を取り除く事が必要である。

震災前および 2011 年夏に採集し、保存されていたホソウミニナ個体を用いて、ミトコンドリアDNAとマイクロサテライトマーカーを併用した集団解析をおこなった。その結果、三陸沿岸に同所的に出現する対馬暖流流域に分布する個体群と黒潮流域に分布する個体群の間にマイクロサテライト組成の有意な差異は認められず、両者が自由に交配

している事が示された。また人間活動による 移入が集団構造に及ぼす影響を評価するためのデータを得る事を目的に、人的影響が顕 著な東京湾周辺の個体群を対象に同様の解析をおこなったところ、いずれの遺伝子マーカーでも小櫃川河口干潟と谷津干潟の集団で、水産種苗と共に移入したと考えられる遺伝子が検出された。

2012 年に岩手県山田湾から宮城県櫃ヶ浦 にかけての7地点で採集したホソウミニナを 対象にミトコンドリアDNAのチトクロー ムcオキシダーゼ・サブユニットI(COI)遺 伝子および核DNAのリボゾームRNA遺 伝子の内部転写スペーサー領域(ITS1)の塩 基配列を用いてコアレセント理論に基づい てベイス法により集団サイズ (集団に属する 個体数)の変動を推定した。2つの領域単独 および両者を合わせた解析のいずれも最終 氷期中の減少と氷期終了から現在まで続く 急速な増加が示された一方で、近年の巨大津 波による集団サイズの変動は検出されなか った(図2)。これは巨大津波後の集団サイ ズの回復が、両遺伝子領域の分子進化速度に 対して短い時間で完了するためと考えられ た。

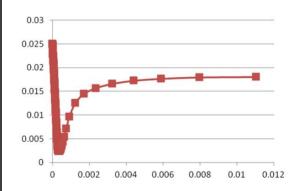


図2 COI 遺伝子と ITS1 領域の塩基配列基づく三陸海 岸産ホソウミニナの Bayesian skyline plot。縦軸は集 団サイズの相対値、横軸は現在からの時間の相対値で、 COI 遺伝子の分子造化速度から集団サイズの急激な減少 が始まったのが約83000年前、集団サイズが最低となる のが約10500年前と推定された。

次に 28 種類のマーカーを用いて算出した 2000、2006、2008、2011(震災後)、2012、2014年に採集された個体のマイクロサテライトデータに基づいて過去の集団サイズの変動を推定したところ、東日本大震災後のサンプルでのみ、直近の急激な集団サイズの減少が検出され、東日本大震災に伴う巨大津波によるものと考えられた(図3)。採集場所ごとの減少率は55~80%であった。

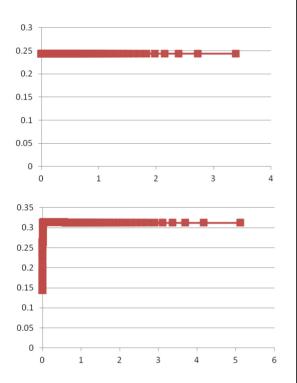


図3 震災前(上)および震災後(下)に岩手県および 宮城県で採集された個体のマイクロサテライトデータ に基づく Bayesian skyline plot。縦軸は集団サイズの 相対値、横軸は現在からの時間の相対値。

2011 年の震災でほとんど被害を受けなかった福島県松川浦 (Miura et al., 2012)のサンプルから、より古い年代の集団サイズの減少が検出された。減少率は86%で、推定年代は1960年のチリ津波と概ね一致した。松川浦も含めて異なる年に三陸海岸各地で採集された個体から得られたデータを統合した解析をおこなったところ、東日本大震災とチリ津波による集団サイズの減少が検出され、減少率はそれぞれ72%と74%と同程度

であった(図4)。plot 上でチリ津波後に集団サイズの回複が認められないのは、ホソウミニナがプランクトン幼生期を持たない直達発生種である事に加えて、第二次大戦後の沿岸開発により三陸海岸の干潟が分断され、地域集団間の分散が困難になったためである可能性がある。

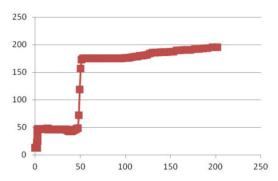


図4 2000 年から 2014 年に岩手県、宮城県および福島 県で採集された個体のマイクロサテライトデータに基 づく Bayesian skyline plot。縦軸は集団サイズの相対 値、横軸は 2014 年からの時間(年)。

ホソウミニナに近縁で、しばしば同所的に 分布するウミニナについて 11 種類のマイク ロサテライトマーカーを開発し、それらを一 度に解析できるマルチプレックス系を設計 し、有効性を確認した。この解析系を用いて、 三陸海岸の万石浦の集団の遺伝的特性を解 析した。

本研究ではミトコンドリアDNAに比べて進化速度が速いマイクロサテライトについて、多くの変異サイトのデータを用いることで、巨大津波によるホソウミニナの個体数の変動を捉えることに成功した。残念ながら、おそらく新しい年代の変動が過去の変動の痕跡を覆い隠してしまうために、チリ津波までしか遡る事ができなかったが、福島県松川浦の様に新しい年代の津波の被害を受けていない地域集団を探索することで、より古い津波の影響評価ができる可能性が示された。海岸生物の集団遺伝学的情報を巨大津波の

影響評価に結び付けた研究例は世界的にも 皆無であり、次世代シークエンサーなどの利 用により、網羅的に遺伝子のデータを取得し て解析することで、解析の精度と解像度を向 上させる事ができると期待される。それによ り三陸沿岸に限らず、過去の津波による生態 系への影響の評価と沿岸環境を撹乱に強い 形で保全しながら持続的に利用する沿岸管 理の実現に貢献するものと期待される。

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2件)

Itoh, H., S. Kamimura, K. Hirose and <u>S. Kojima</u>: Isolation and characterization of microsatellite loci in the intertidal snail Batillaria multiformis (Mollusca Gastropoda). Conservation Genetics Resources, 6, 193-195 (2014) 査読有 松政正俊・木下今日子・伊藤 萌・小島 茂明:三陸の渚:その大規模撹乱に対する脆弱性と頑強性.DNA多型(印刷中) 査読有

〔学会発表〕(計7件)

伊藤 萌・小島茂明・上村了美:東京湾 におけるホソウミニナの遺伝的集団構造. 2012 年度日本プランクトン学会・日本ベ ントス学会合同大会 2012 年 10 月 7 日 東邦大学

伊藤 萌・上村了美・小島茂明:東京湾におけるホソウミニナの遺伝的集団構造. 第60回日本生態学会大会 2013年3月6日 静岡県コンベンションアーツセンター

松政正俊・木下今日子:新しい潮間帯は どうなっているか 広田湾・小友浦を中 心に.第60回日本生態学会大会(企画集 会T11-4) 2013年3月6日 静岡県コ ンベンションアーツセンター

伊藤萌・<u>小島茂明</u>:日本各地のホソウミニナの遺伝的集団構造.第61回日本生態学会大会 2014年3月16日.広島大学

伊藤萌・小島茂明:日本周辺のホソウミニナの遺伝的集団構造.2014年度日本プランクトン学会・日本ベントス学会合同大会 2014年9月6日.広島大学松政正俊・木下今日子・世良耕一郎:津波による海底泥の移送と汽水域における食物網を介した重金属動態.第30回PIXEシンポジウム 2014年10月23日.岩手 医科大学附属病院循環器医療センター

松政正俊: 三陸の渚: その大規模撹乱に 対する脆弱性と頑強性. DNA 多型学会第 23 回学術集会 2014年11月28日. 愛 知県産業労働センター「ウインクあい ち」

[図書](計0件)

6. 研究組織

(1)研究代表者

小島 茂明 (KOJIMA, Shigeaki) 東京大学・大学院新領域創成科学研究科・ 教授

研究者番号: 20242175

(2)研究分担者

松政正俊 (MATSUMASA, Masatoshi)岩手医科大学・共通教育センター・教授研究者番号:50219474