

助成年度：平成 29 年度

[所属] 九州大学 農学研究院

[役職] 准教授

[氏名] 島崎 洋平

[課題]

## 環境 DNA 解析による有明海沿岸環境の人為的改変に伴う植物プランクトン相変遷の推定

[内容]

有明海では、干拓など古くから人為的な環境改変が行われてきたが、同時に有明海の基礎生産を担う植物プランクトンの出現動態にも影響を及ぼしてきたと予想される。そこで本課題では、有明海奥部の堆積物コアサンプルの放射年代測定と各堆積物層における環境 DNA 解析を行い、過去の植物プランクトン相の解明を試みた。

まず、有明海奥部 4 定点（白石沖、浜川沖、七浦沖、太良沖）から採取した堆積物コアサンプル中のラフィド藻 *Chattonella marina*, *Heterosigma akashiwo*, *Skeletonema* spp. (18SrRNA) の遺伝子を定量 PCR により調べた結果、全ての定点からこれら遺伝子が検出され、いずれも表層から深層にかけて遺伝子が減少する傾向が観察された。また、太良沖堆積物コアサンプルに対して実施した鉛-210 法による年代測定により得られた最も深い層の 7-9 cm 層で 1900 年前後まで遡ることが示唆された。*C. marina* 赤潮が奥部海域で初認された 1984 年以前と推定される層からは本種遺伝子は検出されず、年代測定結果と矛盾しなかった。*H. akashiwo* および *Skeletonema* spp. は全ての層から検出され、1900 年前後には既に有明海奥部に分布していたことが示唆された。また、太良沖サンプルについて、次世代シーケンサーによる DNA バーコーディング解析を行った結果、既知の光合成生物で 97% 以上の相同性をもつリードが 83 種検出された。そのうちには、*C. marina* および *H. akashiwo* も含まれており、定量 PCR の結果と同様に深層になるほど遺伝子量が減少したが、*C. marina* において定量 PCR では検出された 3-4 cm 層からは検出されず、本課題においては定量 PCR の方が検出感度は NGS 解析より高いことが示唆された。今後は、堆積物中の DNA 分解速度などを考慮し、過去の生物量の推定を目指す。

本課題により、豊穡の海といわれた有明海の過去の生物推定への可能性が示唆され、水産学上重要な進捗が得られた。