

マコンブの育った海域が遺伝子から分かる？

～PCR 法に基づいて日本産マコンブの原産地を特定できる可能性を報告～

ポイント

- ・ 日本に生育するマコンブは地域ごとに独自の遺伝子型を持つことを確認。
- ・ マコンブの産地が推定できる可能性の高い遺伝子領域を示唆。
- ・ 原産地の虚偽表示防止に期待。

概要

北海道大学大学院水産科学院修士課程 2 年の地崎賢汰氏、同大学大学院水産科学研究院の秋田晋吾助教、宇治利樹助教、水田浩之教授らの研究グループは、日本に生育するマコンブが地域ごとに特徴的な遺伝子型を持つことを明らかにしました。

マコンブ *Saccharina japonica* は北朝鮮、極東ロシア、日本に分布する、水産的な価値が極めて高い海藻です。日本では北関東から北海道にかけて分布していますが、東北以南を含めた本邦の分布域全域で地域ごとの遺伝的な特徴を調べた研究はありませんでした。そこで、本研究では、各地から収集した 483 個体についてミトコンドリア遺伝子の *nad3*-16S rDNA 領域の配列を決定し、日本におけるマコンブの遺伝的地域性を調べました。その結果、日本に生育するマコンブは地域ごとに特徴的な遺伝子配列を持つことが分かりました。これを受けて、オンラインデータベースで公開されている塩基配列に基づいて、*nad3*-16S rDNA 領域でマコンブの産地が推定可能か評価し、既往研究で使用された領域と比較してより高解像で産地の推定が可能であることが分かりました。さらに、常磐地域である茨城県北部と福島県に不連続に分布するマコンブについては、遺伝的多様性が低いうえに、北海道や東北と共通した遺伝子型が検出されたため、国内移入によって形成された集団であることが示唆されました。これらの成果により、原産地の虚偽表示の防止が期待されます。

なお、本研究成果は、2024 年 11 月 6 日（水）公開の Journal of Applied Phycology 誌に掲載されました。

本研究

地域ごとに独自の遺伝子型を持つことを確認
46地点中28地点で独自の遺伝子型を確認
→ このデータにより、国内の産地推定可？

これまでと比較すると・・・

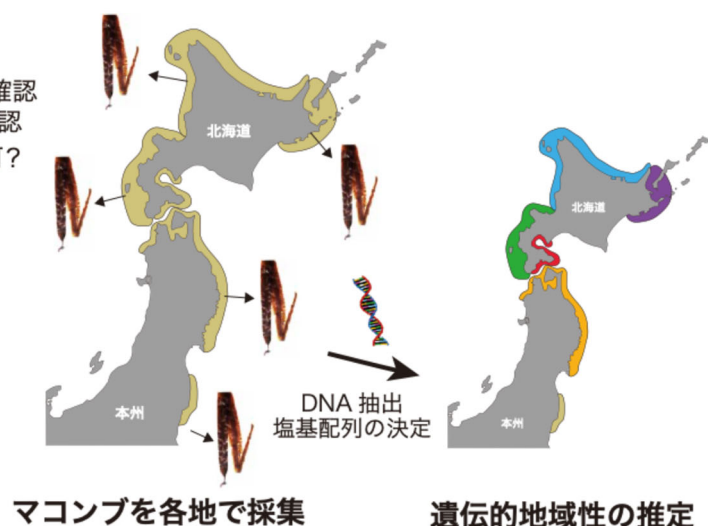
従来 (*nad5* 領域)

原産国判別率：98.3%
(日本 / 中国 / 韓国)

本研究 (*nad3*-16S 領域)

原産海域判別率：91.3%
(日本海 / 太平洋 / オホーツク海)

原産地判別率：25.5%
(地点単位での判別が可能)



マコンブを各地で採集

遺伝的地域性の推定

本研究の概念図

【背景】

マコンブ *Saccharina japonica* は北朝鮮、極東ロシア及び日本に分布する、水産的な価値の極めて高い海藻です。マコンブには、それぞれ生育する地域が異なることからマコンブという種の下位の分類のランクに充てられているオニココンブ (*Saccharina japonica* var. *diabolica*) (流通名：羅臼昆布)、リシリコンブ (*Saccharina japonica* var. *ochotensis*) (流通名：利尻昆布)、ホソメコンブ (*Saccharina japonica* var. *religiosa*) (流通名：細目昆布) が含まれています。日本においてマコンブとその変種は北関東から北海道にかけて分布しますが、東北以南を含めた本邦の分布域全体に及ぶ遺伝的な地域性を調べた研究はありませんでした。そこで、本研究では、ミトコンドリア遺伝子の *nad3*-16S rDNA 領域を用いて、日本におけるマコンブの遺伝的地域性を解明することを目的としました。加えて、天然個体群の遺伝的地域性を把握することは、PCR 法に基づいて食品の原産地を特定する際に役立つことから、今回の遺伝的地域性のデータからマコンブの産地推定が可能か、オンラインデータベースで公開されている塩基配列を用いて評価しました。

【研究手法】

2022 年から 2023 年にかけて 6 道県 46 地点で 483 個体を採集しました。HEPES/CTAB 法を用いて DNA を抽出し、PCR 法でミトコンドリア遺伝子の *nad3*-16S rDNA 領域を増幅させ、塩基配列を決定しました。決定した塩基配列を基に、遺伝的構造と遺伝的多様性を算出し、その解像度について既往研究と比較しました。また、産地推定の能力の検証については、オンラインデータベースで公開されている塩基配列を用いて評価しました。

【研究成果】

今回使用した 483 個体から 88 個の遺伝子型を検出しました。このうち 19 の遺伝子型は複数の地点で共有され、広範囲の地点で共有される H4 及び H5 (図 1、2) と、狭い地域間のみで共有されるその他の遺伝子型 (例えば、H6：道東、H23：後志、H30：檜山) に分かれました。残りの、69 の遺伝子型は地点特異的でした (図 1 のアンダーバーなしの遺伝子型、図 2 の白の遺伝子型)。遺伝子型の分布に地域性が見えたものの、遺伝子型同士の近縁度は高かった (塩基配列の変異数が少ない) ことから、日本のマコンブは遺伝的に 1 集団であると示されました。一方で、H4 と H5 を除いた 86 の遺伝子型は、分布に地域性を持っていたため、マコンブの産地を推定するために活用できると考えられました。なお、今回の決定した塩基配列は無料のオンラインデータベースからアクセスできるため、それらをデータベースとして産地を推定することが可能となります。一般的に、遺伝的多様性が高い集団は長期間維持されている個体群と考えられ、今回の研究では北海道で高く、常磐地域である茨城や福島で低いことが明らかになりました。常磐地域の集団は遺伝的多様性が低いうえに、北海道や東北と共通した遺伝子型が検出されたため、遥か昔から存在していたのではなく、かつて他の地域に生育していた個体は何らかの形で移入して集団が形成された可能性が指摘されました。この地域では、江戸時代からコンブの養殖が試みられたという文献が残っています。

【今後への期待】

本研究で開発された技術を用いることで原産海域が 91.3% と高精度で判別できたため、原産地の虚偽表示の防止に役立つと期待されます。そのうち 25.5% は漁港単位での原産地が判別できたため、各地のブランド力の強化にも役立つと期待されます。また、本研究で日本のマコンブは 1 集団であることが明らかになったことから、今後はマコンブとその変種の分類学的な再検討が必要です。

【謝辭】

本研究は JSPS 科研費「基盤研究 (C) (JP22K05781)」 「若手研究 (JP24K17948)」 の助成を受けたものです。

論文情報

論文名 Genetic structure of *Saccharina japonica* in Japan and evaluation of a potential mitochondrial region for identification of geographic origin (日本に生育するマコブの遺伝的構造と地理的起源を同定できる可能性があるミトコンドリア領域の評価)

著者名 地崎賢汰¹、川越 力²、伊藤慶子³、水田浩之⁴、吉田侑矢⁵、宇治利樹⁴、藤田大介⁶、秋田晋吾⁴ (¹北海道大学大学院水産科学院、²共和コンクリート工業株式会社海藻技術研究所アルガテック Kyowa、³株式会社 WMI、⁴北海道大学大学院水産科学研究院、⁵株式会社アルファ水工コンサルタンツ、⁶東京海洋大学海洋科学部 (研究当時))

雑誌名 Journal of Applied Phycology (藻類学の専門誌)

D O I 10.1007/s10811-024-03379-8

公表日 2024 年 11 月 6 日 (水) (オンライン公開)

お問い合わせ先

北海道大学大学院水産科学研究院 助教 秋田晋吾（あきたしんご）

T E L 0138-40-5532 F A X 0138-40-5532 メール sakitam@fish.hokudai.ac.jp

配信元

北海道大学社会共創部広報課（〒060-0808 札幌市北区北8条西5丁目）

T E L 011-706-2610 F A X 011-706-2092 メール jp-press@general.hokudai.ac.jp

【参考図】

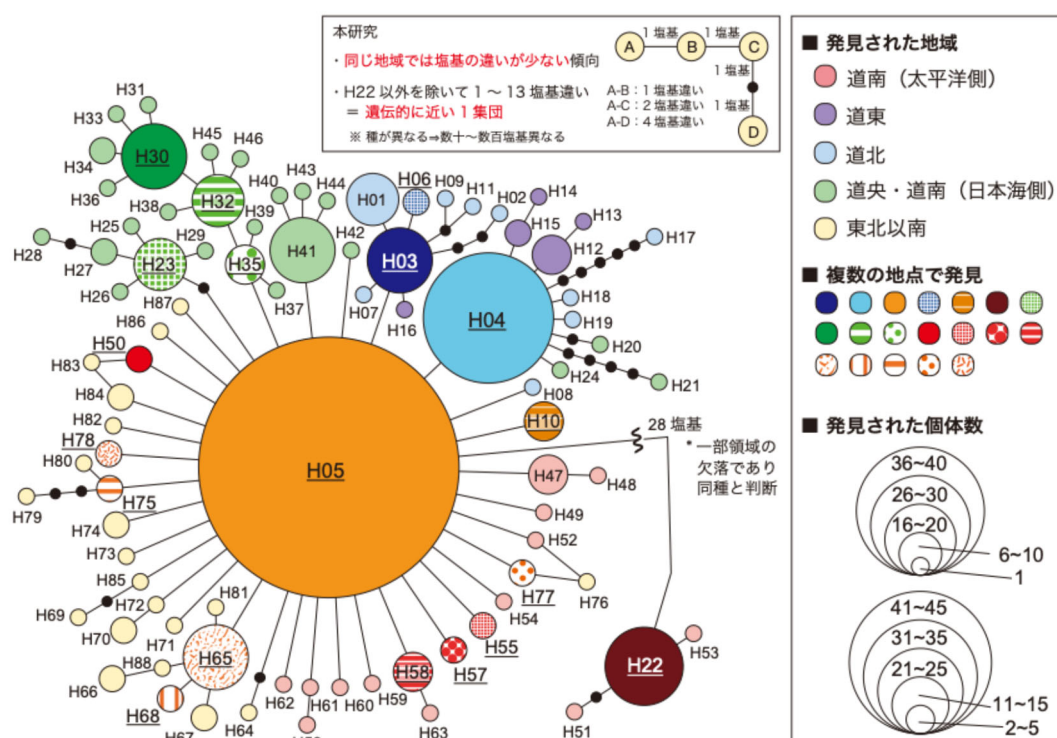


図 1. 検出された遺伝子型のネットワーク。円から隣の円までは1塩基離れていることを表す。

分布域（図2と対応：図2はそれぞれの変種が生育している地域名を表示）

マコンブ（真昆布） オニコンブ（羅臼昆布） リシリコンブ（利尻昆布） ホソメコンブ（細目昆布） マコンブ&ホソメコンブ

複数の地点で発見された遺伝子型（図2と対応）

H03 H04 H05 H06 H10 H22 H23 H30 H32 H35
H50 H55 H57 H58 H65 H68 H75 H77 H78

※アンダーバー付きの地名は独自の遺伝子型が発見された地点

採集した個体数

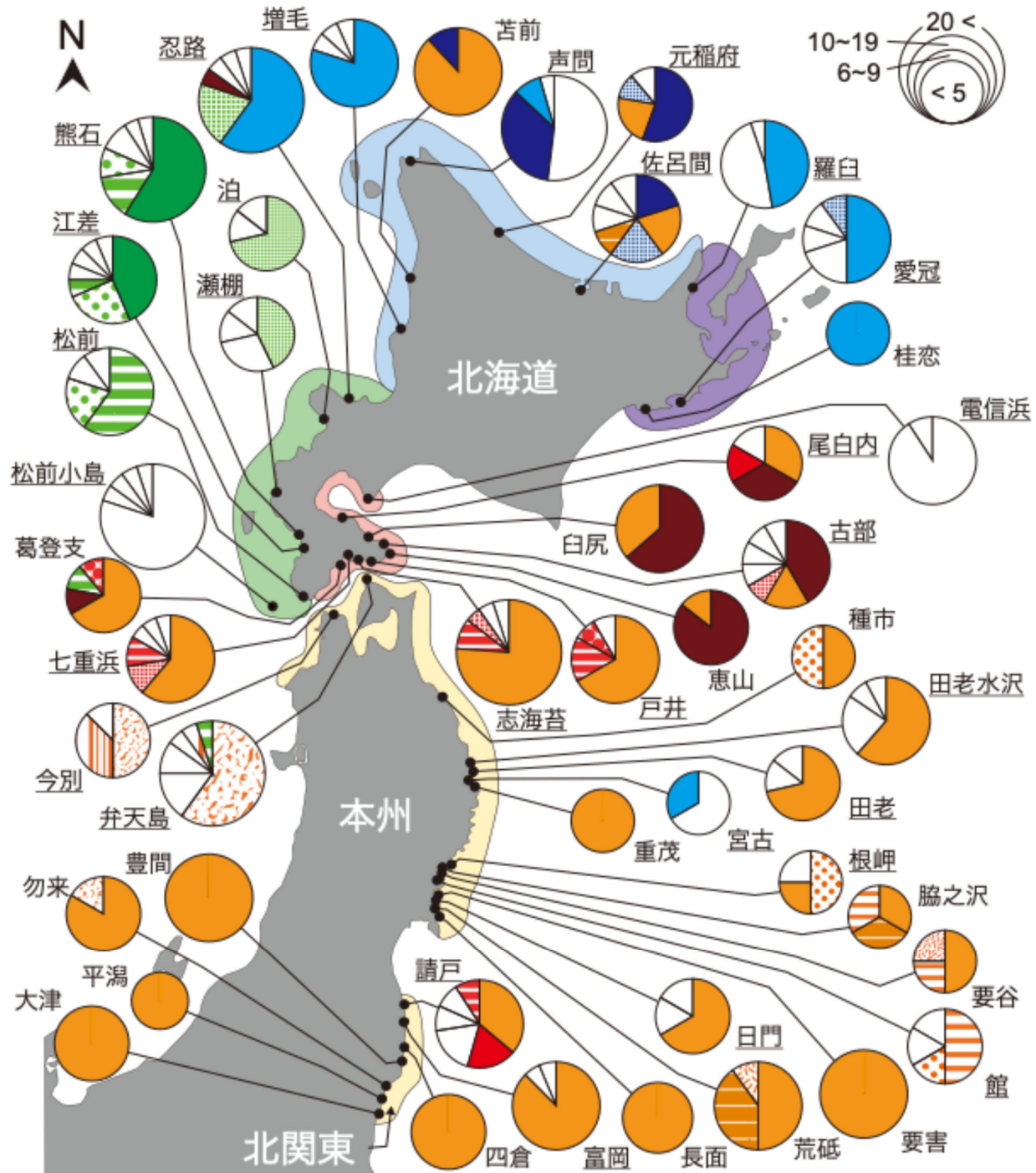


図2. 地点ごとの遺伝子型の割合を表した地図。複数の地点で検出された遺伝子型は着色されており、白色はその地点に独自の遺伝子型を示している。