

宮村新一<sup>1</sup>・堀輝三<sup>1</sup>・南雲保<sup>2</sup>: ナガアオサ (緑藻アオサ藻綱)  
配偶子の受精時における眼点の挙動

Shinichi Miyamura, Terumitsu Hori and Tamotsu Nagumo:  
Eyespot behavior during the fertilization of gametes in *Ulva arasakii*  
Chihara (Ulvophyceae, Chlorophyta)

ナガアオサ (*Ulva arasakii*) の受精時における眼点の挙動を電界放射走査電子顕微鏡を用いて観察した。雌雄配偶子ともに2本鞭毛で、1個の突出型眼点を細胞後方に持っているが、その大きさには違いが認められた。小さな雄配偶子は小さな眼点 ( $1.3 \pm 0.15 \mu\text{m} \times 1.0 \pm 0.29 \mu\text{m}$ ) を、大きな雌配偶子は大きな眼点 ( $1.6 \pm 0.2 \mu\text{m} \times 1.1 \pm 0.13 \mu\text{m}$ ) を持っていた。眼点上の細胞膜は他の部分に比べて滑らかで、細胞膜を通して眼点顆粒の配列が観察できた。このような雌雄配偶子の細胞体と眼点の大きさや形状の違いに注目することで、受精時における雌雄の眼点の挙動を追跡することが可能であった。雌雄配偶子は、細胞体先端の鞭毛基部後方で接着、融合し、その方向性には2つの様式が認められた。ひとつは雌雄配偶子が同じ向きに平行に並ぶ様式であり、もう一つは、反対向きに並ぶ様式であった。いずれの場合でも、雌配偶子は眼点と同じ側で雄配偶子と融合し、雄配偶子は眼点と反対側で融合した。融合が進むと雌雄配偶子のペアは4本鞭毛の動接合子となり、雌雄の眼点は、細胞体の同じ側に並んで位置するようになった。この結果は、動接合子において2つの眼点が細胞体の同じ側に配置するためには、眼点に対する細胞融合面の位置が雌雄配偶子間で反対である必要があることを示唆している。(筑波大・生物科学系,<sup>2</sup>日本歯科大・生物)

Anderca, M. I.<sup>1</sup>・古市卓也<sup>1</sup>・武藤尚志<sup>1,2</sup>: *Dunaliella tertiolecta*  
(緑藻植物門, 緑藻綱) のミトコンドリア NAD キナーゼ

Marinella I. Anderca, Takuya Furuichi and Shoshi Muto:  
Mitochondrial NAD kinase from *Dunaliella tertiolecta*  
(Chlorophyceae, Chlorophyta)

*Dunaliella tertiolecta* から単離した仮想的なミトコンドリア移行シグナル配列を持つヌクレオシド二リン酸 (NDP) キナーゼをコードする cDNA (*DtNDK1*) は、出芽酵母で発現させるとプロセッシングを受けた *DtNDK1* がミトコンドリアに特異的に分布する。本報では、*D. tertiolecta* ミトコンドリア NDP キナーゼの生化学的諸性質を明らかにした。N 末端あるいは C 末端に (His)<sub>6</sub> タグを付加した成熟型蛋白質を発現し、アフィニティークロマトグラフィーで精製した。非変成条件の電気泳動およびショ糖密度勾配遠心の結果は活性型酵素が 6 量体であることを示した。酵素の至適 pH は 7 で dCDP に対して最も高い基質特異性 ( $K_m = 50 \text{ mmol/L}$ ) を、UTP 合成反応において最も高いターンオーバー数を示した。また、精製 *DtNDK1* は蛋白質に対するリン酸基転移活性を併せ持つことが示された。

(<sup>1</sup>名古屋大・院・生命農学, <sup>2</sup>名古屋大・生物分子応答研究セ)

森田晃央・倉島彰・前川行幸: ワカメ及びヒロメ配偶体の生長と成熟の温度特性

Teruwo Morita, Akira Kurashima and Miyuki Maegawa:  
Temperature requirements for the growth and maturation of the gametophytes of *Undaria pinnatifida* and *U. undarioides*  
(Laminariales, Phaeophyceae)

ワカメは日本の暖海性コンブ目の代表的な種で、寒流の影響が強い一部を除く九州から北海道に至る全沿岸域に生育している。一方、ヒロメはワカメと比較して水温のやや高い沿岸域に生育していることから、これら2種の分布域を限定する要因として水温が考えられてきた。そこで本研究では、両種の配偶体を様々な温度条件下で培養することにより、配偶体の生長及び成熟から、水温と分布域の関連性を明らかにしようと試みた。配偶体の生長に最適な水温は、ワカメ及びヒロメ共に 20°C であり、また生育上限温度も共に 28°C であった。一方、配偶体の成熟適温はワカメが 10–15°C であったのに対し、ヒロメは 21°C であった。これは、ヒロメの成熟がワカメより高温に適応していることを示し、配偶体の成熟水温が種の分布域を決定する主要因であることを示唆していた。(三重大・生物資源)

平岡雅規<sup>1</sup>・鳥田智<sup>2</sup>・芹澤如比古<sup>3</sup>・大野正夫<sup>4</sup>・江端弘樹<sup>5</sup>:  
恵比須島潮間帯岩礁域に生育する遺伝的に異なる2型のエツキアオサ (緑藻アオサ目)

Masanori Hiraoka, Satoshi Shimada, Yukihiko Serisawa, Masao Ohno and Hiroki Ebata: Two different genetic strains of stalked-*Ulva* (Ulvales, Chlorophyta) grow on intertidal rocky shores in Ebisujima, central Japan

エツキアオサ stalked-*Ulva* は、アナアオサ *U. pertusa* Kjellman が波あたりの強い岩場で生育し、細長い柄を持つようになった環境変異体と認識されてきた。しかし、エツキアオサがアナアオサであるとする論文に、アナアオサと交雑しないエツキアオサも存在することが示されており、エツキアオサには2つ以上の分類群が含まれている可能性があった。そこで、エツキアオサにアナアオサ以外の分類群が含まれるのかどうか確かめるため、交雑実験、生殖細胞の挙動観察、培養実験、DNA 配列の比較分析を行なった。交雑実験から、アナアオサと交雑するエツキアオサ (Up 株)、交雑しないエツキアオサ (N 株) の異なる2型が含まれていることが示された。N 株の2本鞭毛をもつ生殖細胞は、負の走光性をもち、Up 株の雌雄配偶子よりもやや大きかった。この N 株の生殖細胞を培養した藻体は、同じタイプの生殖細胞を放出した。すなわち、N 株は2本鞭毛生殖細胞の放出を繰り返す無性生殖型生活

史をもつと考えられた。ITS配列を比較すると、Up株はアナアオサと、N株はリボンアオサ *U. fasciata* Delile とほぼ一致し、Up株とN株が異なる分類群であることが支持された。培養実験では、両株は野生藻体のような柄をもつ形態に生長しなかった。これらの結果から、異なる二つの分類群が、波あたりの強い同じ環境に生育することで、きわめてよく似た柄を持つ形態に生長したと考えられた。(1 高知県海洋深層水研・NEDO, 2 北大・先端研, 3 千葉大・海洋セ, 4 高知大・海洋生物教育セ, 5 芙蓉海洋開発)

菓子野康浩<sup>1</sup>・工藤栄<sup>2</sup>: 海洋性珪藻 *Chaetoceros gracilis* における光環境変化に伴ったキサントフィルサイクル色素の協調的応答

Yasuhiro Kashino and Sakae Kudoh: Concerted response of xanthophyll-cycle pigments in a marine diatom, *Chaetoceros gracilis*, to shifts in light condition

中心目海洋性珪藻 *Chaetoceros gracilis* Schött の培養細胞を用いて、強光下およびそれに引き続く暗所でのディアディノキサニン (DD) サイクル色素の相互変換速度を分析した。強光照射に伴ってディアディノキサニンからディアトキサニン (DT) への迅速な脱エポキシ化が起り、その一次反応定数  $k$  は照射光強度によらず、 $0-1 \text{ min}^{-1}$  であった。照射光強度の違いは、 $k$  値には大きな影響を与えず、むしろ最終的な DT の量に影響していた。照射光を消すと DT から DD へのエポキシ化が起り、その  $k$  値は脱エポキシ化のものよりずっと遅く、 $0.005-0.09 \text{ min}^{-1}$  であった。さらに、この暗所での脱エポキシ化とは別に、DD サイクル色素の新たな合成も確認された。これらの所見に基づき、光化学系の保護システムとしての DD サイクルの一般的な性質について考察した。(1 姫工大・院・理学研究科, 2 極地研)

Abbott, I. A.・Huisman, J. M.: ハワイ諸島における褐藻の新種、観察および新産種について

Isabella A. Abbott and John M. Huisman: New species, observations, and a list of new records of brown algae (Phaeophyceae) from the Hawaiian Islands

ハワイ諸島 (北緯 19 度 04 分, 西経 155 度 35 分と北緯 28 度 25 分, 西経 178 度 20 分の間) から褐藻 2 新種, *Padina moffittiana* Abbott et Huisman sp. nov. および *Cutleria irregularis* Abbott et Huisman sp. nov. を記載した。また, *Aglaozonia canariensis* に対して新組み合わせ *Cutleria canariensis* を提唱した。記載以後, 67 年間報告がなかった *Nereia intricata* Yamada を新たに採集し, さらに 14 種がハワイ諸島新産であった。今回の報告により, ハワイ諸島に生育する褐藻は 55 種にのぼり, これまでより 28% 増加したことになる。15 新産種の中で, *Dictyota flabellata* (Collins) Setchell et Gardner と *Sargassum muticum* (Yendo) Fensholt はカリフォルニアから「偶発的」に移入してきたものである。ハワイ諸島新産種の中でも特筆すべきなのは, 日本の琉球諸

島でみられる *Nereia intricata* Yamada, アドリア海, 地中海, 大西洋温暖域およびオーストラリア南部でみられる *Discosporangium mesarthrocarpum* (Meneghini) Hauck, オーストラリアでみられる *Distromium flabellatum* Womersley, *Spatoglossum macrodontum* J. Agardh および *Sporochnus moorei* Harvey, 太平洋および大西洋の温冷帯域でみられる *Desmarestia ligulata* (Lightfoot) Lamouroux であり, これらの分布域はハワイ諸島から遠く離れている。日本の *Padina* 属数種と比較した結果, *Padina japonica* Yamada は先に記載された *Padina sanctae-crucis* B. gesen に包含すべきであると結論した。(Univ. of Hawaii, USA)

平田徹<sup>1</sup>・田中次郎<sup>2</sup>・岩見哲夫<sup>3</sup>・近江卓<sup>4</sup>・太斎彰浩<sup>5</sup>・青木優和<sup>6</sup>・植田一二三<sup>6</sup>・土屋泰孝<sup>6</sup>・佐藤壽彦<sup>6</sup>・横浜康継<sup>5</sup>: 伊豆半島南東沿岸海域における流れ藻生物群集の生態学的研究.

II. 流れ藻生物群集における最大主枝長植物の季節変化

Tetsu Hirata, Jiro Tanaka, Tetsuo Iwami, Takashi Ohmi, Akihiro Dazai, Masakazu Aoki, Hajime Ueda, Yasutaka Tsuchiya, Toshihiko Sato and Yasutsugu Yokohama: Ecological studies on the community of drifting seaweeds in the south-eastern coastal waters of Izu Peninsula, central Japan. II. Seasonal changes in plants showing maximum stipe length in drifting seaweed communities

1991年から1993年の春から秋にかけて伊豆半島南東沿岸海域から採取した流れ藻パッチ 902 個において, 最大主枝長 45cm 以上を示すホンダワラ類 20 種の季節変化を調べた。第 1 に, 3 年間連続して出現する種を扱い, 3 年間を通し月毎にブール化した月平均出現頻度の上位 3 種を解析した。第 2 に, 各年の月々の平均出現頻度における最上位種と各年の月々の出現における連続性を解析した。第 3 に, 各年の月別サンプルに基づくデンドログラム解析を行った。第 1 と第 2 の解析によって季節的に識別可能な 3 変化が明らかになった。4 月から 6 月においては, ある安定した推移の中で, 優占度はアカモク *Sargassum horneri* (Turner) C. Agardh からヨレモクモドキ *Sargassum yamamotoi* Yoshida に置き換わり, 7 月には, タマナシモク *Sargassum nipponicum* Yendo, ホンダワラ *Sargassum fulvellum* (Turner) C. Agardh, ノコギリモク *Sargassum macrocarpum* C. Agardh またはコブクロモク *Sargassum crispifolium* Yamada の低い出現頻度の中で, ヨレモクモドキ, ノコギリモク, コブクロモク, マメタワラ *Sargassum piluliferum* (Turner) C. Agardh が定常的に出現し, 8 月から 10 月においては, ある安定した推移の中で, ノコギリモクからトゲモク *Sargassum micracanthum* (Kützinger) Endlicher, オオバモク *Sargassum ringgoldianum* Harvey に置き換わった。第 3 の解析において, 各年の月別サンプルを 4 グループに分割し, それぞれ上位 5 種からこの 4 グループの特徴付けを行った。この特徴付けにより, 季節変化にともなって最上位種がアカモク, ヨレモクモドキ, ノコギリモク, トゲモクに推移することが示された。これらの 3 解析の中での特徴的な種の重複から, 7 種 (アカモク, トゲモク, ヨレモクモドキ, ノコギリモク, オオバモク, タマナシモク, コブ

クロモク)が優占種とみなされた。今回の結果をこれまでの研究と比較すると、4月から6月までの期間と7月の季節変化における各植物群落パターンの類似は、それぞれ安定な変化と不安定な変化の結果であること、8月から10月の季節変化における植物群落パターンの不一致は、1991年8月のオオバモクとノコギリモクにおける出現頻度の相違の結果であることが示唆された。これらの結果は、本研究の4月から10月の植物群落における優占種の季節変化は7月を除き、周期的であることを示した。(<sup>1</sup>山梨大・教育人間科学,<sup>2</sup>東水大・資源育成,<sup>3</sup>東京家政学院大・生物,<sup>4</sup>築地お魚センター資料館,<sup>5</sup>志津川町自然環境活用セ,<sup>6</sup>筑波大・下田臨海実験セ)

佐々木秀明<sup>1</sup>・Lindstrom, S. C.<sup>2</sup>・Waaland, J. R.<sup>3</sup>・川井浩史<sup>4</sup>：  
紅藻 *Orculifilum denticulatum* に内生する褐藻アナメ（コンブ目）の配偶体

Hideaki Sasaki, Sandra C. Lindstrom, J. Robert Waaland and Hiroshi Kawai: Occurrence of gametophyte of *Agarum clathratum* (Laminariales, Phaeophyceae), as an endophyte of *Orculifilum denticulatum* (Rhodophyceae)

紅藻 *Orculifilum denticulatum* Lindstrom (カクレイト目) に内生する糸状褐藻を太平洋北東部、アラスカのジュノーにおいて採集した。*O. denticulatum* の組織内において糸状体は分枝し、細胞壁内において網状に発達していた。糸状褐藻の細胞は、ピレノイドを欠く盤状葉緑体を複数個保持していた。顕微鏡による形態観察や培養実験では、種はおろか目の同定も困難であったが、*rbcL* 遺伝子や rDNA の ITS 領域を用いた分子系統解析により、糸状褐藻がコンブ目アナメ (*Agarum clathratum* Dumortier) の配偶体であることが明らかになった。自然環境下におけるコンブ目配偶体の観察はわずかに報告されているが、紅藻内に内生するコンブ目配偶体の種の同定に至ったのは本報告が初めてである。(<sup>1</sup>神戸大・遺伝子セ,<sup>2</sup>Univ. of British Columbia, Canada,<sup>3</sup>Univ. of Washington, USA,<sup>4</sup>神戸大・内海域セ)

半田信司<sup>1</sup>・中原美保<sup>2</sup>・坪田博美<sup>2</sup>・出口博則<sup>2</sup>・中野武登<sup>3</sup>：  
日本から報告された気生藻類の一新種 *Stichococcus ampulliformis* sp. nov. (緑色植物門,トレボウクシア藻綱)

Shinji Handa, Miho Nakahara, Hiromi Tsubota, Hironori Deguchi and Taketo Nakano: A new aerial alga, *Stichococcus ampulliformis* sp. nov. (Trebouxiophyceae, Chlorophyta) from Japan

広島県帝釈峡のイヌガヤの樹皮より分離した藻株に基づき、気生藻類 *Stichococcus ampulliformis* S. Handa (緑色植物門,トレボウクシア藻綱) を新種記載し、光学顕微鏡及び電子顕微鏡による観察と系統解析を行った。本種の形態的特徴、特

に生活史において短い糸状体を形成する性質は *Stichococcus* 属に見られるものである。しかし、出芽により大小2つの異なった大きさの娘細胞を形成する分裂様式は、本属の他の種とは異なっている。大きい方の細胞は母細胞壁に囲まれた状態ですぐに通常の栄養細胞と同じ大きさになるが、小さい方の細胞は放出され、成熟した栄養細胞になるまでにより長い日数を要する。18S rRNA 遺伝子に基づいた系統樹では、*S. ampulliformis* はトレボウクシア藻綱に属し、*Stichococcus bacillaris* やカワノリ属と近縁であることが示された。(<sup>1</sup>広島県環境保健協会,<sup>2</sup>広島大・院・理・生物科学,<sup>3</sup>広島工大・環境・環境情報)

Lindstrom S. C.・Fredericq S. : ルビスコ大サブユニット 遺伝子解析により明らかになった太平洋北東部のアマノリ属の系統関係と新種 *Porphyra aestivalis*

Sandra C. Lindstrom and Suzanne Fredericq: *rbcL* gene sequences reveal relationships among north-east Pacific species of *Porphyra* (Bangiales, Rhodophyta) and a new species, *P. aestivalis*

主に太平洋北東部で採集したアマノリ属23種とウシケノリ属1種のルビスコ大サブユニット遺伝子の塩基配列を決定し、既に報告されている両属の塩基配列を含めて分子系統学的解析を行ったところ、ウシケノリ属の系統に混じってアマノリタイプの形態を示す種群が次の5つに分かれることが分かった：(1) *P. papenfussii* V. Krishnam., (2) *P. mumfordii* S. C. Lindstrom et K. M. Cole, *P. rediviva* Stiller et Waaland およびタイプ種 *P. purpurea* (Wahlenb.) C. Agardh を含む北大西洋種群, (3) *P. cuneiformis* (Setch. et Hus) V. Krishnam., *P. occidentalis* Setch. et Hus, *P. schizophylla* Hollenb., *P. variegata* (Kjellm.) Kjellm. およびそれらの大西洋姉妹種 (藻体はすべて2層), (4) *P. aestivalis* sp. nov. および北大西洋姉妹種 *P. birdiae* C. D. Neefus et A. C. Mathieson, (5) 太平洋および大西洋の代表種を含むクレード。これまでインザイム、形態および染色体の特徴などで認識されていた姉妹種が、互いに近縁であることが確認された。形態的に類似している雌雄異株種 *P. pseudolanceolata* V. Krishnam., *P. conwayae* (S. C. Lindstrom et K. M. Cole) stat. nov. および *P. lanceolata* (Setch. et Hus) G. M. Smith は、雌雄同株種 *P. fallax* S. C. Lindstrom et K. M. Cole とともに、高い確率でクレード5内のサブクレードを形成した。今回の結果により、ウシケノリ目の種間やより高次分類群間の系統関係をさらに解明するためには、包括的な種のサンプリングと異なる遺伝子の解析が必要であることが浮き彫りになった。(<sup>1</sup>Univ. of British Columbia, Canada,<sup>2</sup>Univ. of Louisiana, USA)