

課題番号：4RF-2203

**研究課題名：気候変動の影響評価に向けた地球規模の
海洋性動物プランクトン多様性解析**

研究代表者名：平井惇也（東京大学大気海洋研究所）

体系的番号：JPMEERF20224R03

重点課題：主 生物多様性の保全に資する科学的知見の充実や対策手法の技術開発に向けた研究
副 気候変動への適応に係る研究・技術開発

行政要請研究テーマ：企業の技術・製品・サービスにおける生物多様性への
貢献に関する定量的評価手法の研究開発

研究実施期間：2022年度～2024年度

1. 研究背景、研究開発目的及び研究目的

【研究背景】

海洋性動物プランクトンは海洋環境の変化に迅速に応答し、その組成は海の健全性を評価するための指標となる。しかし、海洋性動物プランクトンは高い多様性を誇り、形態的には判断できない隠蔽種や未成体個体の問題も存在する。一方、分子生物学的手法は正確に種を把握可能であり、特定遺伝子領域の配列を網羅的に取得し、環境中の群集構造を明らかにするメタバーコーディングが台頭しつつある（図1）。メタバーコーディングは動物プランクトンの多様性を迅速・正確に評価可能な手法として期待され、地球規模のデータ充実に向けたSCOR国際ワーキンググループMetaZooGeneも発足し、国連海洋科学の10年のアクションにも発展した（図2）。一方、日本周辺の西部北太平洋の遺伝子データは不足しており、メタバーコーディングや参照配列のデータの充実が求められている。

【研究開発目的】

本研究は、国際ネットワークの下、太平洋を中心とした動物プランクトンの遺伝子情報の充実させ、地球規模の多様性解析に発展させることを目的とする。目的達成のため、ゲノムスキミング（図3）による有用遺伝子配列の取得、メタバーコーディングによる多様性把握等、最新手法の導入する。また、確立した手法は新たな海洋モニタリング手法として利用し、将来的な気候変動が海洋生態系に及ぼす影響を長期的に把握可能な体制を確立することも目的とする。

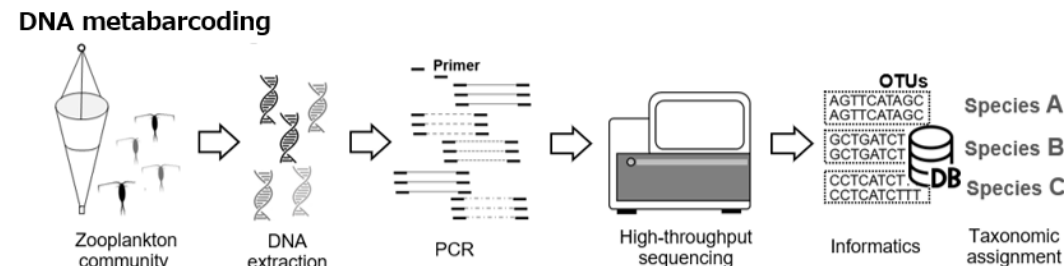


図1. 動物プランクトンのメタバーコーディングの概略

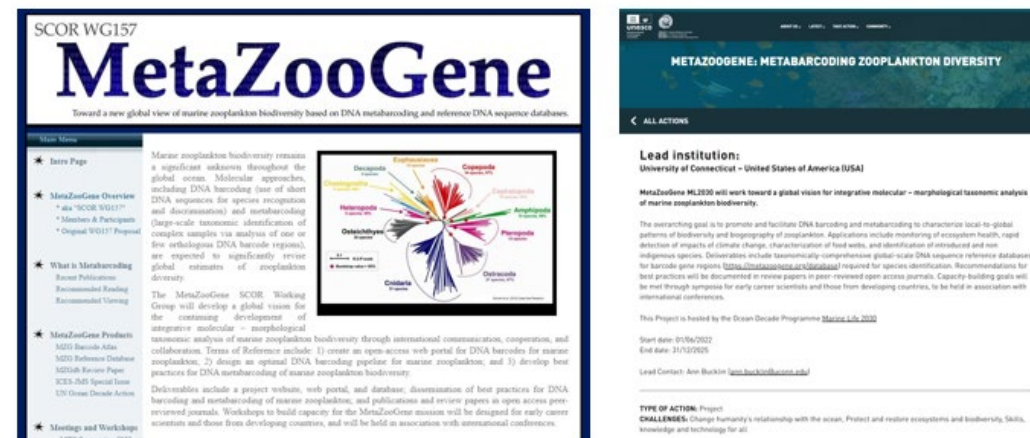


図2. SCOR国際ワーキンググループ・国連海洋科学の10年のアクションMetaZooGene

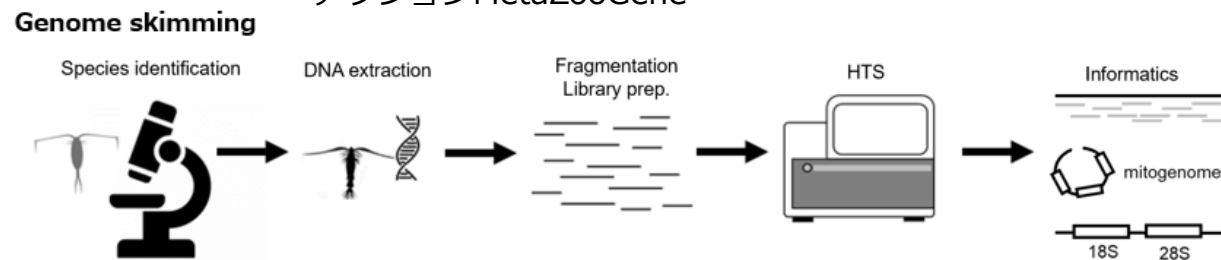


図3. 動物プランクトンのゲノムスキミングの概略

1. 研究背景、研究開発目的及び研究目的

【研究目的（全体目標）】

本研究は以下の3つの研究課題を遂行する。概要は図4に示す。

①ゲノムスキミング技術の確立・遺伝子情報の充実

従来のDNAバーコーディングに加え、効率的な有用配列の取得方法であるゲノムスキミング手法を動物プランクトンで確立し、参照配列の充実を図る。期間中全体の目標として日本周辺海域で動物プランクトン400種の遺伝子情報の登録を目指す。

②メタバーコーディングの高度化・地球規模の多様性解析

従来のメタバーコーディングの高度化を行い、手法は国内外の研究者と広く共有する。広域解析では太平洋・インド洋にまたがる70地点の試料が採集されており、各採集地点では表層と中層2層の試料が利用可能である。試料採集は継続し、太平洋・インド洋を網羅する150の地点でメタバーコーディングデータの取得を目指す。期間中にはワーキンググループ内で連携し、地球規模の多様性解析への発展も目指す。

③海洋モニタリングへの導入・社会実装

高度化されたメタバーコーディング手法を普及し、国内研究機関と連携をすることにより海洋モニタリングに導入する。長期的なモニタリングは期間内での達成は困難であるが、将来変化を検知可能な体制を作り出すことが第一の目的とする。

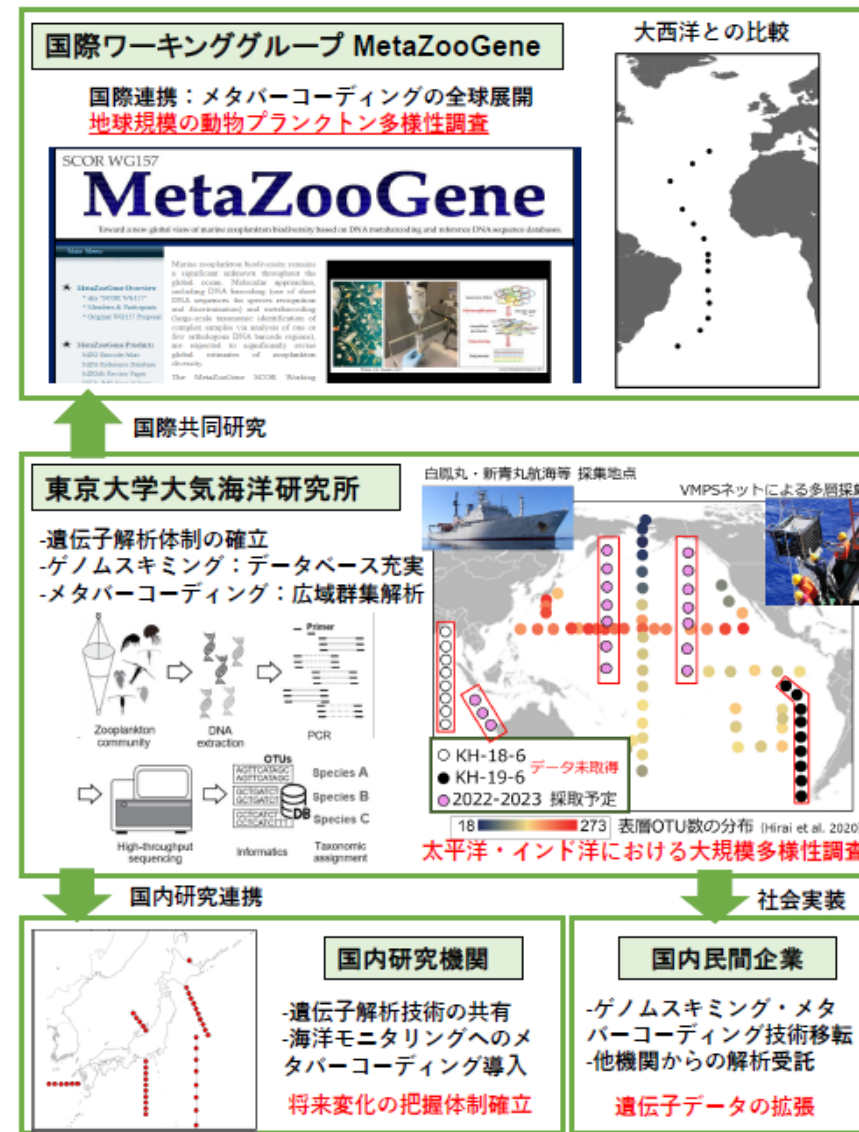


図4. 本研究の概要

2. 研究目標の進捗状況

(1) 進捗状況に対する自己評価

本研究は単一のテーマで構成されており、全体目標の達成状況を記載する。

【令和4年度研究計画】

各手法の高度化を重点的に進める。ゲノムスキミングでは最適なライブラリーの作成方法を検討し、実験から情報処理までの一連の流れをマニュアル化する。また、同様にメタバーコーディングの手法の高度化を進めるとともに、研究航海に乗船し、さらなる広域の試料の採集を行う

【令和5年度研究計画】

高度化された手法を用い、日本周辺の動物プランクトン種の遺伝子情報ベースの充実を進める。また、所有するメタバーコーディング試料の解析を進め、太平洋・インド洋の動物プランクトン群集を網羅的に明らかにする。試料採集は継続的に進め、地球規模の解析に向けワーキンググループメンバーの協力の下、手法の共有や地球規模の多様性データの産出を進める。

【令和6年度研究計画】

日本周辺の遺伝子情報の蓄積を継続的に進めるとともに、地球規模の動物プランクトンの多様性解析を進める。得られたすべてのメタバーコーディングデータをまとめ、今現在の多様性像を描く。また、将来的な動物プランクトン群集の変化の把握に向け、各研究機関との連携を図り、遺伝子解析が可能な試料を採集可能にする。さらに構築された手法は民間企業に技術移転する。

【自己評価】 計画通り進展している

2. 研究目標の進捗状況

(2) 自己評価に対する具体的な理由・根拠と目的達成の見通し

【具体的な理由・根拠】

有用遺伝子配列の取得は課題1年目にデータ取得のゲノムスキミングの方法を確立することが出来、計画通りに進んでいる。現在、確立した手法を動物プランクトン各種に適用しており（図5）、約100種についてはデータ取得が進み、DNAバーコーディングのデータを合わせ約150種のデータが追加された。広域のメタバーコーディングは、2つの遺伝子領域を用いたメタバーコーディングの高度化を行い、インド洋および太平洋の43地点の試料に適用し（図6）、未解析であるが計70地点のデータが取得されている。メタバーコーディングによるモニタリングは新たなモニタリングラインへの参加や試料蓄積体制の確立等、試料およびデータ蓄積のための協力体制を作ることができ、データの蓄積が開始している（図7）。新種記載や分類再検討、モニタリング地点のプランクトン相の把握等、関連した研究では成果がでており（研究成果の発表状況参照）、共同研究を通じ遺伝子解析の普及やさらなる遺伝子データ蓄積にも貢献が来ている。

【目的達成の見通し】

遺伝子配列の充実では400種からの情報取得と高い目標を掲げている。上記のよう、ゲノムスキミングの手法は既に決定しており、今後はデータ取得に注力することにより十分に目的は達成可能ある。広域の動物プランクトン試料の採集については新型コロナウイルスや燃油代の高騰の影響を受け、航海の中止・延期により広範囲試料は予定通りに採集されていない。既存試料や国内外の連携で目標の150地点の約半数でデータは取得されており、今後も連携を維持・強化することで十分に目的は達成できると考えている。日本周辺のモニタリングも初年度に国内の連携を進め、初年度についてはデータ化が進み、モニタリング体制の確立という目標は達成できる見込みである。

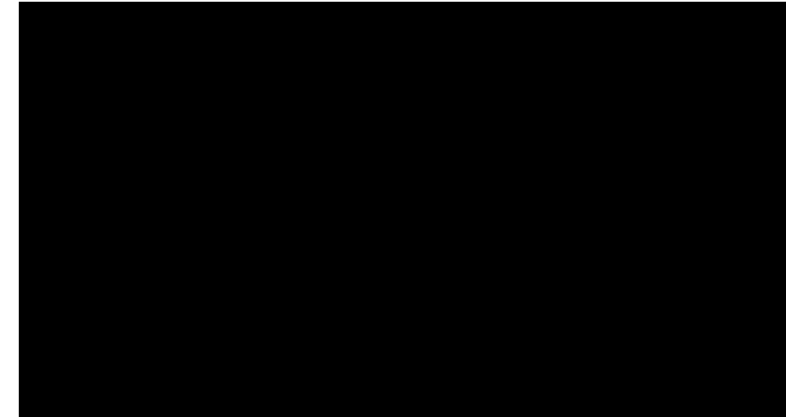


図5. ゲノムスキミングによる有用配列の取得



図6. インド洋・太平洋のメタバーコーディング

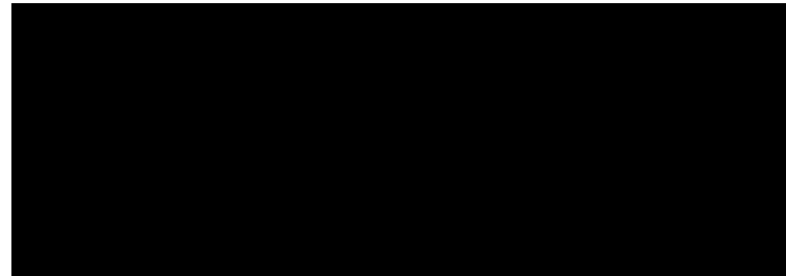


図7. メタバーコーディングによるモニタリング

3. 研究結果のアウトカム（環境政策への貢献）

【行政等が活用することが見込まれる成果】

動物プランクトンのメタバーコーディング法は海洋モニタリングの有用な手段であり、今後継続的に海洋生態系のモニタリングを行う手段として期待が持たれる。また、環境DNA試料にも適用可能な技術であり、現在魚類を中心とした環境DNAの調査の際にその餌情報としての動物プランクトン相の情報を付与することも可能となり、微生物～魚類までの解析に有効な手段となる。そのため、環境DNAの自動サンプラーやその周辺解析機器への応用も期待できる。遺伝子情報の蓄積についてもゲノムスキミングが広まることにより高精度の種の参照配列の蓄積が可能となり、ロングシーケンスによるメタバーコーディング等、今後手法の高度化にも対応可能なデータを蓄積可能となる。

【行政等が既に活用した成果】

特に記載すべき事項はない。

4. 研究成果の発表状況

【誌上発表（査読あり）：0件】 *謝辞へ体系的番号の記載有のみ

【口頭発表（学会等）：31件】

うち国内学会17件（代表3件）・国際学会14件（代表3件）

【知的財産権】 特に記載すべき事項はない。

【「国民との科学・技術対話」の実施】 特に記載すべき事項はない。

【マスコミ等への公表・報道等】

北海民友新聞（2023年7月5日、西紋広域の日刊紙、1頁、
「第3のカイアシ類”紋別にいた」。

【本研究費の研究成果による受賞】 発表賞受賞1件（共著）

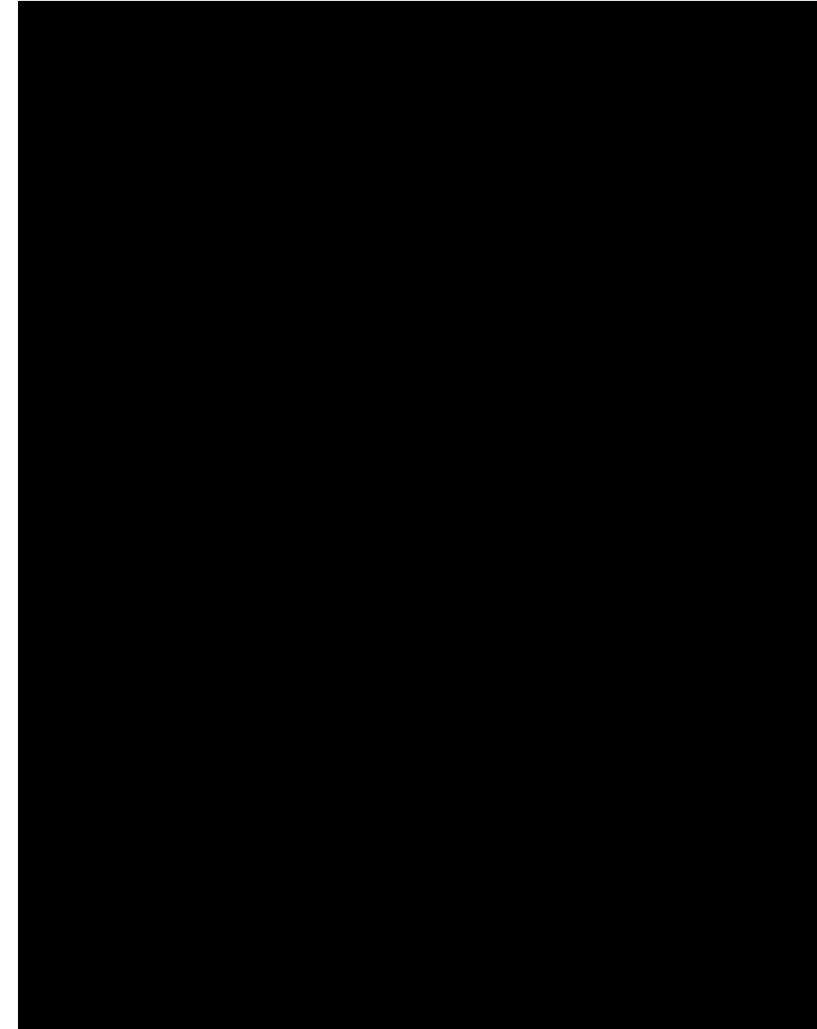


図8. マスコミ等への公表（新聞記事）

5. 研究の効率性

本研究は一人の代表により研究を遂行しているが、国内外で多くの共同研究を展開することで、動物プランクトンの遺伝子解析技術の普及、データの蓄積が効率的に進むように注力している。国外連携ではSCORワーキンググループMetaZooGeneは定期的な会合を開催し（図9）、メタバーコーディング法のbest practiceの公開に向け10か国の連携の下に進められている。また、ワーキンググループの活動の一環としてフィリピンからの研究者の技術トレーニングを行い、広域解析についても既存データを有効に利用するためにハワイ大の研究者と連携を強化している（図10）。国内でもインターンの開催、学会等への積極的な参加、関連した共同研究を多く遂行し、動物プランクトンの遺伝子データの蓄積につながり、期間中に8報の関連論文（体系的番号の記載はなし）や学会発表等の成果も蓄積されている（研究成果の発表状況参照）。



図9. MetaZooGeneの会合、シンポジウム

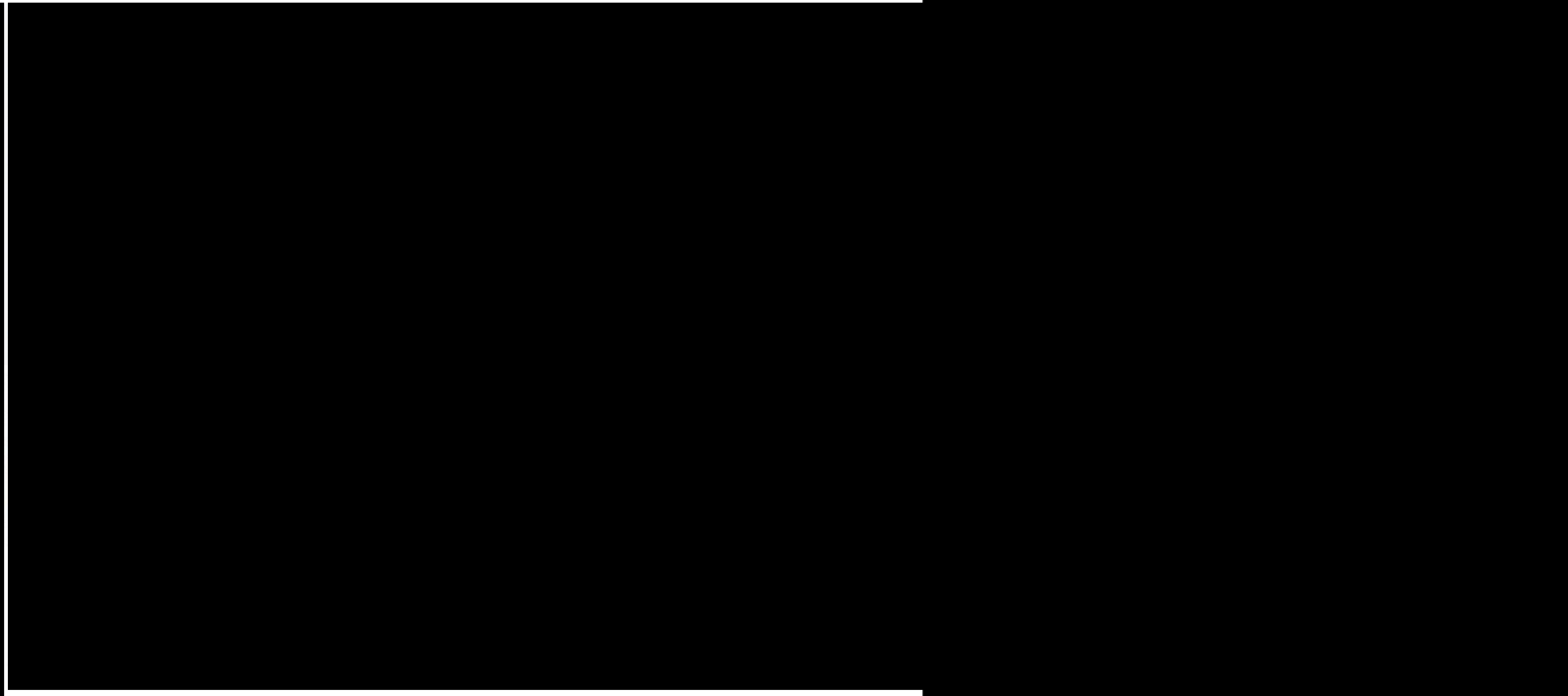


図10. 国内外連携（技術トレーニング等）