

【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

【研究期間】 2022 年度（令和 4 年度）～2024 年度（令和 6 年度）

【研究代表者（所属機関）】 東京大学

研究の全体概要

海洋性動物プランクトンは低次から高次生産をつなぐ役割を果たす重要生物であり、海洋環境の変化に迅速に応答するため、その種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約 7000 種と高い多様性を誇り、形態分類は高度な専門知識・経験を要する。また、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、DNA バーコーディングによる動物プランクトンの遺伝子情報が蓄積されてきた。近年は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。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国際ワーキンググループ MetaZooGene も発足した。しかし、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。そこで本研究は、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し、地球規模の多様性解析に発展させることを目的とする。また、確立され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にすることも目的とする。

目的達成のため、はじめに動物プランクトンの遺伝子解析技術の高度化を行う。遺伝子情報の充実では従来の DNA バーコーディング法に加え、ミトコンドリアゲノムや rDNA 配列等の有用配列を効率的に取得可能なゲノムスキミングの技術を動物プランクトンで確立し、日本周辺海域を中心に希少種を含めた動物プランクトン種から DNA を抽出し、遺伝子情報の蓄積を行う。また、メタバーコーディング手法は動物プランクトンを対象とした手法の高度化を行い、国際共同研究を通じて地球規模の比較を行う。また、メタバーコーディングは日本周辺の海洋モニタリングに導入することで、現在の多様性や種の分布を正確に把握し、将来的に気候変動が海洋生態系に及ぼす影響を把握可能にする体制を確立する。

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

国際ワーキンググループ MetaZooGene

国際連携：メタバーコーディングの全球展開
地球規模の動物プランクトン多様性調査

SCOR WG157
MetaZooGene
Toward a new global view of marine zooplankton biodiversity based on DNA metabarcoding and reference DNA sequence databases.

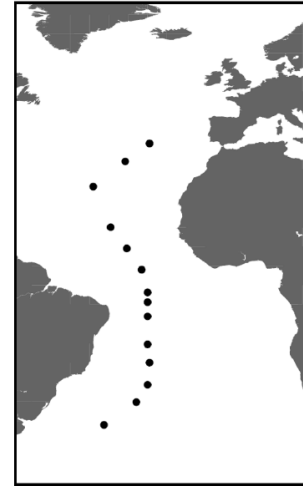
Main Menu

- MetaZooGene Overview
 - * aka "SCOR WG157"
 - * Members & Participants
 - * Original WG157 Proposal
- MetaZooGene Products
 - MZG Barcode Atlas
 - MZG Reference Database
 - MZGdb Review Paper

Marine zooplankton biodiversity remains a significant unknown throughout the global ocean. Molecular approaches, including DNA barcoding (use of short DNA sequences for species recognition and discrimination) and metabarcoding (large-scale taxonomic identification of complex samples via analysis of one or few orthologous DNA barcode regions), are expected to significantly revise global estimates of zooplankton diversity.

The MetaZooGene SCOR Working

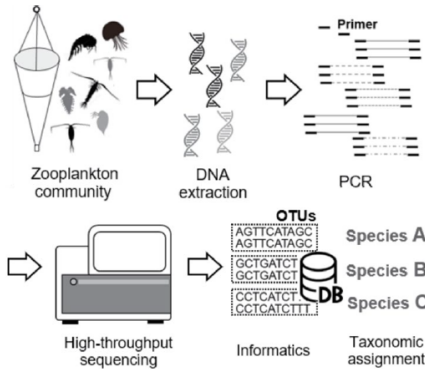
大西洋との比較



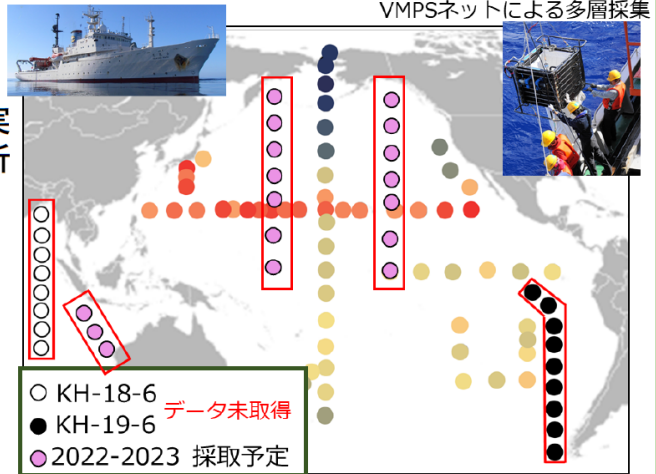
国際共同研究

東京大学大気海洋研究所

- 遺伝子解析体制の確立
- ゲノムスキミング：データベース充実
- メタバーコーディング：広域群集解析



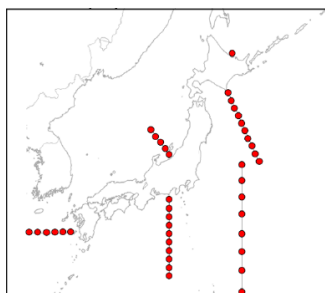
白鳳丸・新青丸航海等 採集地点



18 273 表層OTU数の分布 (Hirai et al. 2020)
太平洋・インド洋における大規模多様性調査

国内研究連携

社会実装



国内研究機関

- 遺伝子解析技術の共有
 - 海洋モニタリングへのメタバーコーディング導入
- 将来変化の把握体制確立

国内民間企業

- ゲノムスキミング・メタバーコーディング技術移転
 - 他機関からの解析受託
- 遺伝子データの拡張