

ゲノム情報で海を探る ～メタゲノム解析による 海洋生物の多様性と環境評価～

メタデータ	言語: Japanese
	出版者:
	公開日: 2024-07-19
	キーワード (Ja):
	キーワード (En):
	作成者: 長井, 敏
	メールアドレス:
URL	所属:
	https://fra.repo.nii.ac.jp/records/2010328

This work is licensed under a Creative Commons
Attribution 4.0 International License.



ゲノム情報で海を探る ～メタゲノム解析による海洋生物の多様性と環境評価～

瀬戸内区水産研究所 環境保全研究センター 主任研究員 長井 敏(ながい さとし)

赤潮生物や貝毒原因プランクトンの集団遺伝学的解析手法を用いて、海流や人為的要因による輸送実態について研究を行ってきました。現在は、プランクトンメタゲノム解析手法の開発をテーマにしている、一度に10万、20万個の塩基配列を扱い、海域間の出現種の比較などを行っています。



1. はじめに

2008年から本年にかけて相次いで商品化された第2世代シーケンサー（生物の持つゲノム情報、塩基配列を読む器械）の登場により、生命科学とバイオ産業に大きな変革が起きています。第2世代型と呼ばれるシーケンサーは、従来型シーケンサーの数十～数百倍の性能を発揮します。このようなシーケンス革命の到来により、大量に得られるゲノム情報をフル活用した新しい技術により、海洋に何種類の生物がいるのかに対する解答が、それほど難しくなく得られるようになってきました。

2. 出現プランクトンの種類数とモニタリングの実情

最近の研究で、藻類はおよそ11の植物門に分類され

ています。細胞の形態情報（かたち）、葉緑体の組成と構造、生活史、遺伝子配列などが、分類の基準となっています。比較的大型（20～500ミクロン*）の植物プランクトンでは、ゲノム情報を登録したデータベースは充実してきましたが、採集した地点などの詳しい情報が登録されておらず、10ミクロンより小型の超微細種の情報になると、何種類いるのか未だに不明です。動物プランクトン・無脊椎動物群（貝類、ゴカイなど）は、植物プランクトン同様、極めて多様な動物群を含み、分布域、生活史などの生態も多様性に富んでおり、数万種数の存在が推定されています（図1）。動物プランクトンに特化したデータベースもあり、形態情報とゲノムの情報の総合化を目指した取り組みが行われています。

都道府県の海洋・水質を調査している研究機関では、1970年代前半から、浅海定線調査事業などを利用して日本沿岸の環境モニタリングを実施しており、その中

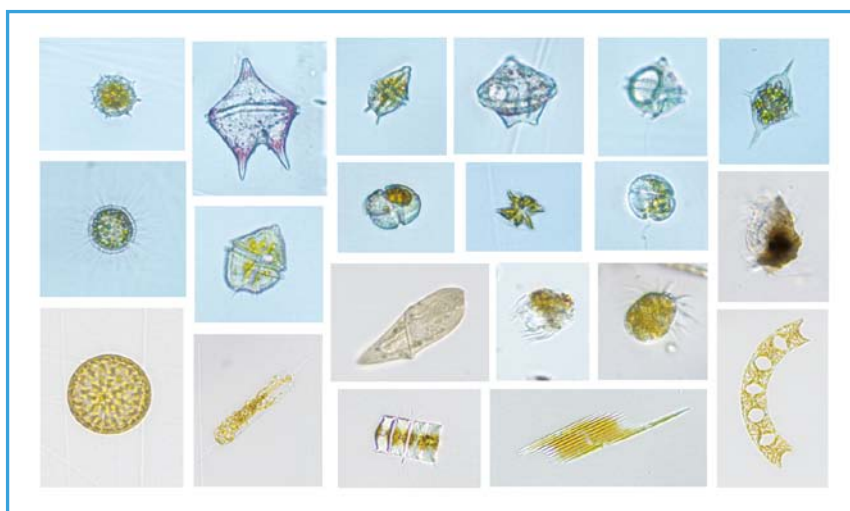


図1. 日本沿岸に出現するプランクトン

生物群	門数	綱数	属種数	配列数	不明配列数
藻類	10	27	643	809	166
繊毛虫	1	7	72	77	5
原生生物	—	—	134	165	31
動物	18	45	389	404	15
菌類	5	13	46	63	17
不明	—	—	0	918	918
生物群全体			1,284	2,436	1,152

検出された異なる配列の総数

表 1. 広島湾におけるプランクトンメタゲノム解析結果の概略

で、動植物プランクトンのモニタリングを行ってきました。動植物プランクトンのデータは蓄積されてきたのですが、優占種の情報がほとんどであり、希少種や微細な植物プランクトンの情報はほとんどない状況にあります。

3. 第2世代シーケンサーによるプランクトン出現種の分子モニタリング

全ての海洋プランクトンの染色体上の共通の遺伝子領域について遺伝子増幅を行い、第2世代シーケンサーを用いた配列解析を行うことで、海域間のほぼ全ての出現種の記録と出現種の多様性比較が可能です。2010年に広島湾から表層海水を11回採集し、海水中各250mLに出現したプランクトン種の約14万個の配列について調べてみました。その結果、約2,436個の異なる配列が検出され、植物プランクトンと海藻については、809個の異なる配列のうち、643個について10門27綱に分類される生物群で属名・種名を判別することができました（表1）。ツリガネムシ、ラッパムシなどの繊毛虫では、1門7綱72個の配列で属名・種名の判別が可能であり、アメーバ等の原生生物門では165個の異なる配列が検出されたうち、134個で属名・種名の判定が可能でした。動物界（海産無脊椎動物＋魚類）では、404個の異なる配列が検出され、驚いたことに、海綿、クラゲ、ホヤ、貝類、ゴカイなど多数の動物門等に属する種が

検出され、389個の配列で属名・種名の判定が可能でした。一方で、不明な生物群としてどの生物門にも属さない918個の配列が検出され、全体（2,436個）の37.7%、総配列数（14万個）のうちの39.5%に及びました。

このように、属名・種名がついていない不明種の配列はまだ多数あり、今回行った解析を効率よく実施する上で障壁となっていますが、それでも1リットル程度の海水から約2,400個（種）もの遺伝子を検出する技術開発に成功しました。また、多数の有害・有毒プランクトンだけではなく、汚染指標となる生物群も多数検出されました。本手法を用いると海域の富栄養化の程度や底質の汚染度の比較もおそらく可能であり、外来種の鋭敏な検出にも有効な手法であると思います。

本解析は、海洋生物の分子モニタリング手法として最もパワフルな手法の一つであり、出現種の検出だけではなく、出現密度の算出を可能にすることで、新たな海洋プランクトンのモニタリング手法としての活用が期待されます。近い将来、多くの試験研究機関等での動植物プランクトンの出現モニタリングにも活用できるように、技術開発を継続したいと考えています。

*ミクロン：長さの単位で1ミクロンは千分の1ミリメートル