

# プランクトンの世界：新しいフロンティア

## タラ海洋探査からの最新情報

### 概要

海洋環境で生態系の基盤となる微視的プランクトンに関する全地球規模の探査が行われ、国際共同研究チームが探査によって得られた大規模な遺伝学データ、物理化学的データを解析した結果、目に見えないプランクトンの世界がいかに地球にとって重要であり、気候変動とも密接な関係にあるかが見えてきた。

### 1. 背景

プランクトンは生命の源であり、人類の社会・経済活動と密接な繋がりをもつ。プランクトンは地球上の酸素生産の50%を担い、同時に、海洋生態ピラミッドにおける圧倒的大部分を占め、食物網の基盤として海洋生命を支えている。しかし、プランクトンの多くは微視的な生命体であり、その多様性、生態、機能、地球環境変動との関係については科学的な理解が進んでいない。今回、国際・学際協力により編成された科学者のチーム（タラ海洋探査国際コンソーシアム）が、帆船タラ号による3年にわたる探査航海によって世界の海洋から採取したプランクトンサンプルの一部の解析を行った。研究結果は、5月22日米国サイエンス誌の特別号に5報の論文として発表される。国際コンソーシアムは、フランス、ドイツ、スペイン、イタリア、米国、ベルギーなどの研究グループが参加し、日本からは、京都大学化学研究所（化学生命科学研究領域、緒方博之教授）が参加している。得られたデータは、これまでにない大規模データリソースであり、数千万の遺伝子からなる遺伝子カタログ、物理化学的環境指標（水温、酸素濃度、栄養源の濃度等）、プランクトンのイメージデータから構成されている。海洋生態系において、プランクトンが環境に及ぼす影響を及ぼし、逆に環境からどのようなインパクトを受けているのかを理解していくための第一段階としての知見が得られた。

### 2. 研究手法・成果

フランス国立科学研究センター（CNRS）、欧州分子生物学研究所（EMBL）を中心として、世界各国の海洋学、微生物学、ゲノム科学、バイオインフォマティクス、生態学、地球物理学を専門とする研究者の協力により、タラ海洋探査国際コンソーシアムが形成された。目的は、動物性プランクトン、植物性プランクトン、原生生物、バクテリアからウイルスまで、全ての大きさに渡り、微視的プランクトンを採取し、その遺伝情報を解析して、海洋生態系の多様性と機能、そして環境変動との関係を明らかにすることである。コンソーシアムは、全長36メートル、アルミニウム製の帆船タラ号に乗り、2009年9月～2013年12月の間、世界各地の海洋プランクトンサンプルと物理化学的データの収集を行った。探査航海には、環境問題へ市民意識を啓発し教育活動を行うタラ・エクスペディション財団の協力も得た。海水及びプランクトンの探査は、太陽光が届く表層（水深平均5m）、光合成活性の高い亜表層クロロフィル極大層（水深平均70m）、太陽光の届かない中深層（水深平均600m）の3つの水深で行われ、3年間に収集されたサンプルの数は3万5千に達した。その一部について、海洋科学においてはこれまで最大規模のDNA配列解析（シーケンシング）が行われ、ウイルスから動物性プランクトンまで、様々な微視的生命体の遺伝情報（メタゲノム）が得られた。

**遺伝子カタログ：**微生物群（3 $\mu\text{m}$ 以下）サンプルからのゲノムからは7兆塩基の遺伝情報を得た。既存のデータベースに記載されている遺伝情報と合わせて、4千万の遺伝子からなる大規模な遺伝子カタログが作成された。興味深いことに、4千万の遺伝子のうち80%がタラ海洋探査によって初めて明らかになったものである。今回のサンプリングとDNA配列解析の規模がいかに大きなものであったかを物語っている。真核生物（原生生物、動物性プランクトン、0.8 $\mu\text{m}$ ～2mm）の遺伝解析では、11万の異なる種が海洋プランクトンとして存在していることが明らかになり、この結果から、海洋表層に約15万種の真核生物が存在すると理論的に予測された。これまでに明らかになっている種の数（約1万1千種）を大きく上回る。海洋における生物学的存在として最も数多く存在するウイルスの解析も行われた。ウイルス由来の遺伝子は約100万種類あることが明らかになり、局所的な多様性が極めて高いことも明らかになった。

**プランクトンの分布：**研究者らは、微生物の種分布と環境変数（温度、塩濃度、pH、酸素濃度、栄養源など）の関係について計算機を用いて解析した。その結果、種分布を最もよく説明する変数は温度であることを突き止めた。太陽光が到達可能な深さでは、温度が原核生物（細菌と古細菌）の群集組成を決めるもっとも重要な因子であり、水温に依存して、異なる生物群集が形成されるということだ。また、ウイルスの分布は海流の流れと強い関係を示していることが分かった。

**生物間相互作用：**研究者たちはプランクトン間の相互作用について、高性能計算（ハイパフォーマンス・コンピューティング）を駆使して解析を行った。その結果明らかになったことは、寄生・共生関係の相互作用が従来考えられていたよりも頻繁に見出されたことだ。従属栄養性の動物性プランクトンや単細胞性プランクトンに、光合成を行うより小さな真核生物プランクトンが寄生していることを見出した。寄生関係が生物間の相互作用に重要であることは、人を含むマクロ生物でしばしば観察されるが、微視的なプランクトンの世界でも重要なのである。また、従来の生態学では、物理化学的な環境によってそこに生息する微生物の組成が決定されると考えられていたが、今回の研究で、むしろ、生物間の相互作用が、そこに存在する生物の組成を決めるにあたり重要な要素であることが明らかになった。

**環境との相互作用：**研究者らは、インド洋の水塊が大西洋に入り込む喜望峯沖の地点で生じるアガラスリング（海流によって生じる渦）がインド洋側プランクトン群集と大西洋側プランクトン群集を分離する作用があることを示した。あたかも、プランクトンが南アフリカ南端で冷たい海水にぐるぐると洗濯されているといった状況だ。海流は、巨大な渦となり、それに乗るプランクトンを激しく攪拌しかつ低温下に置く。それにより、海洋の境界を超えていく生物種数を制限しているのだ。海流という物理現象がプランクトンの組成にも大きな影響を与えているのである。

### 3. 波及効果

タラ海洋探査のアプローチの特徴は、世界中の海洋において、全てのドメイン（超生物界、生物分類の最上位の階層）にわたり、ウイルスから動物まで、様々な環境指標とともに、生物を系統的に採取したことにある。収集されたデータは、一般に公開され、気候変動が海洋エコシステムにいかに関与を及ぼしているかを地球規模で評価するための今後の貴重な基盤となる。生物群の組成に温度が重要な因子

であったという発見は、気候変動と特に関係のある発見である。しかしながら、これは、まだ研究の始まりにしかすぎない。タラ海洋探査が生み出したデータリソースは、海の中の目に見えない世界がいかにかに機能しているのかについて、科学的に徹底的に調べ、本当の意味で理解し始めるための重要な基盤となる。今回の研究では京都大学化学研究所で開発・提供されているKEGGデータベースも解析に利用された。豊かな海洋資源を有する日本が、データ解析にさらに貢献していくことが期待される。

#### 4. 今後の予定

今回の解析により、これまでにない大規模な海洋プランクトンデータが得られたが、これは、まだ探査で採取されたサンプルの半分も反映していない。今後も、大規模データの解析が進むと同時に、最新の解析技術も駆使して、大規模なプランクトンデータを産出される。世界中の様々な分野の研究者が効率よく研究できるようにするため、今後も国際協力を強化し、データリソースを統合化していく必要がある。

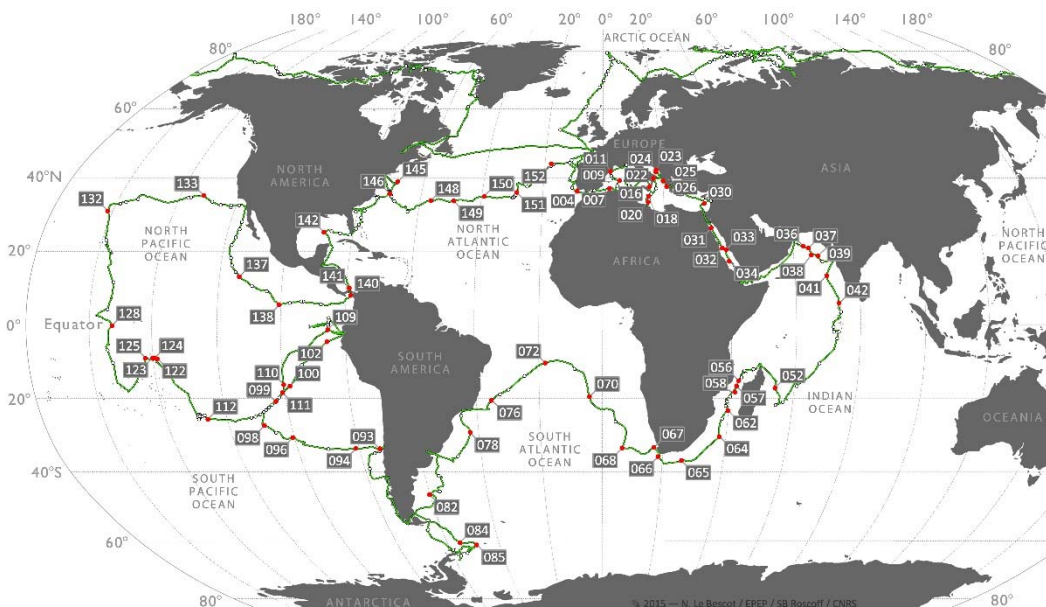
#### <論文タイトルと著者>

- (1) Sunagawa, Coelho, Chaffron, et al. Structure and Function of the Global Ocean Microbiome. DOI: 10.1126/science.1261359
- (2) de Vargas, Audic, Henry, et al. Eukaryotic plankton diversity in the sunlit global ocean. DOI: 10.1126/science.1261605
- (3) Lima-Mendez, Faust, Henry et al. Determinants of community structure in the global plankton interactome. DOI: 10.1126/science.1262073
- (4) Villar, Farrant, Follows et al. Environmental characteristics of Agulhas rings affect inter-ocean plankton transport. DOI: 10.1126/science.1261447
- (5) Brum, Ignacio-Espinosa, Roux et al. Global patterns and ecological drivers of ocean viral communities. DOI: 10.1126/science.1261498

<用語解説>

**タラ海洋探査 (Tara Oceans Expedition)** : ドイツ/EMBL、フランス/CNRSに所属するエリック・カーセンティエー博士、フランス高等師範学校ENSのクリス・ボーラー博士をプロジェクトディレクターとして、フランス、ドイツの研究者が中心となり、スペイン、日本、イタリア、ベルギー、米国、英国の研究者が参加し国際コンソーシアムを作った。2009年~2013年に採取したプランクトンサンプルを最新の科学技術を駆使して解析し、プランクトンと地球環境の相互作用を理解することを研究目的としている。

**プランクトン (浮遊生物)** : 水中や水面を漂って生活する生物の総称。タラ海洋探査では、0.1 μm以下のウイルスから数ミリメートルまでの稚魚、動物性プランクトンを研究対象としている。



図：タラ海洋探査（2009~2013）の航路。数字はサンプル地点を示す。（タラ・エクスペディション財団提供）



写真：ガラパゴス沖で採取された動物性プランクトン。(CNRS / クリスチャン・サーデ提供)



写真：単細胞真核生物（放散虫）。（CNRS / クリスチャン・サーデ提供）





写真：帆船タラ号。(タラ・エクスペディション財団提供)