

ワンクリックで海洋生物の分布がわかる eDNAMap を開発

海のどこにどのような生物がいるのか、実はほとんどわかっていません。従来の生物を捕獲する方法では解明できなかったこの問題に対して、近年急速に発達した環境 DNA（注1）解析が有効です。しかし、取得した環境 DNA データがあっても、生物の分布を簡単に表示するプラットフォームは存在しませんでした。そこで、東京大学大気海洋研究所の井上潤准教授らは、インターネットを介して魚類を中心とした海洋生物の分布を即座に表示するデータベース eDNAMap（<https://github.com/jun-inoue/eDNAMap>）を開発しました。eDNAMap は、ユーザーがアップロードした位置情報と種リスト（注2）に基づいて種の分布を明示するだけでなく、生き物が越えることが難しいとされる生物境界の検証などに利用できます。

1 研究背景・先行研究における問題点

環境 DNA メタバーコーディング（注3）データが、生物相（注4）の推定に利用されています。バケツ一杯の水から調査海域における種リストが作成できるこの手法は急速に広まり、近年は外洋にまで適用されています。大量に蓄積された環境 DNA データを解析すれば、様々な海洋生物の分布を効率よく明らかにできるはずですが、膨大な種リストから生物の分布を地図上に簡単に明示するウェブ・プラットフォームがないことが、大きな問題でした。

2 研究内容

我々は、環境 DNA の手法によって日本周辺海域で得られた真骨魚類の種リストをデータベース化しました。そして、分布と多様性の関係を示す標準的な解析を可能にした eDNAMap を作成し、インターネットから公開しました。

分布を示す

トップページから種名と海域を選んで SUBMIT ボタンを押すと、選んだ種が検出された場所が赤色で表示されます（図1）。ここでは例として、カツオの分布を示しています。

生物境界を検証する

種リストを比較して、生物相が大きく異なる生物境界を検証できます。大海研・白鳳丸 KH20-9 航海で得た魚類の種リストをアップロードして解析したところ、トカラ海峡周辺域にあるとされてきた生物境界が、実際に存在することが示唆されました（図2）。

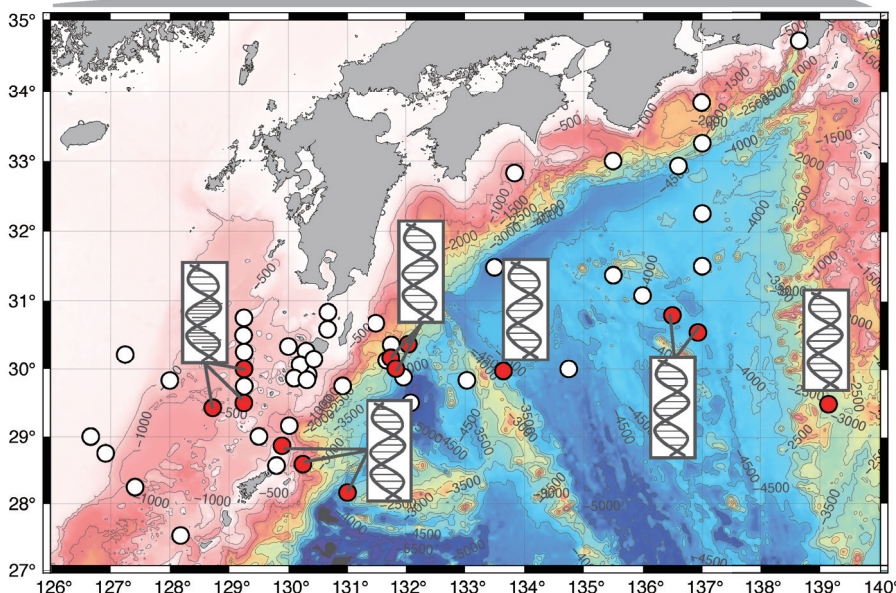


図1. eDNAMap は種の分布を表示する

ワンクリックで海洋生物の分布がわかる eDNAmap を開発

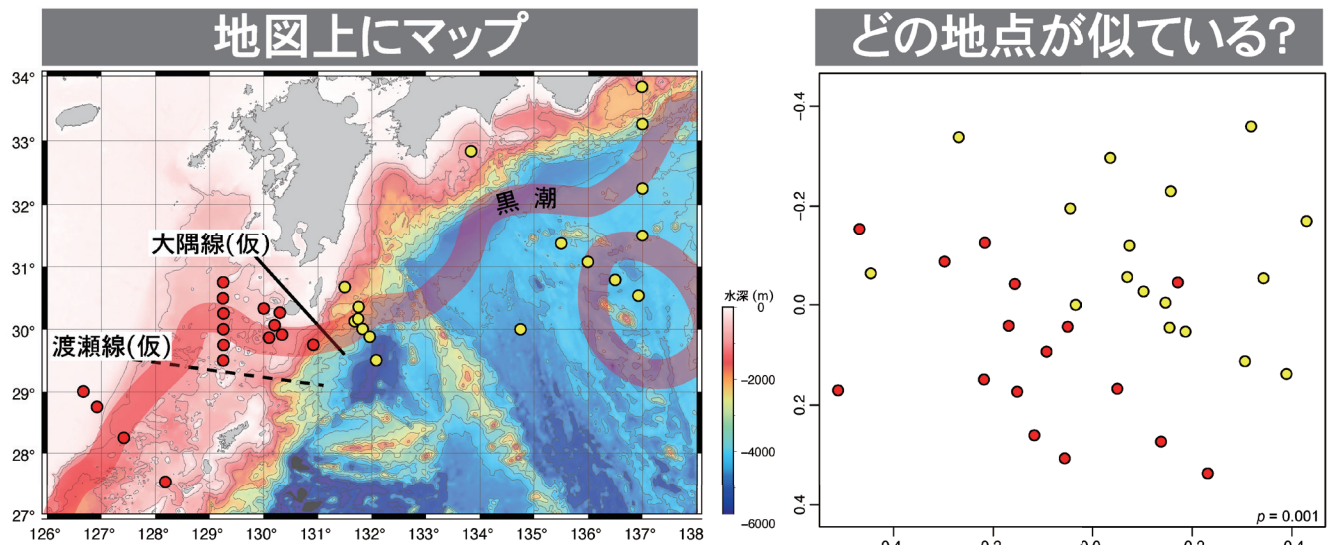


図 2. 種リストをアップロードして、生物相に基づいて生物境界も検証できる。

右図は、非計量多次元尺度法 (nMDS) (注 5) のグラフ。

黄色いプロット：大隈線よりも北の採水地点

赤いプロット：大隈線よりも南の採水地点

3 社会的意義・今後の展望

eDNAmap は海洋生物の分布をワンクリックで表示する、世界で初めてのツールです。データ解析に慣れない人々にも、生物の分布や多様性の解析に触れる機会を提供します。対象生物や地域を限定しないため、世界の海域、さらには陸上で得られた様々な種リストを解析できます。

本研究は、大気海洋研究所のオープンサイエンス推進室 (<https://opensci.aori.u-tokyo.ac.jp>) およびオーシャン DNA プロジェクトの支援を受けました。



eDNAmap
<https://github.com/jun-inoue/eDNAmap>

発表雑誌

Molecular Ecology Resources (2025 年 11 月 5 日)
eDNAmap: A Metabarcoding Web Tool for Comparing Marine Biodiversity, with Special Reference to Teleost Fish
Jun Inoue*, Junya Hirai, Kiriko Ikeba, Zeshu Yu, Sk Istiaque Ahmed, Zhen Lin, Yuan Lin, Marty Kwok-Shing Wong, Chuya Shinzato, Sachihiko Itoh, Shin-ichi Ito, Hiroaki Saito, Susumu Hyodo
DOI : <https://doi.org/10.1111/1755-0998.70066>
<https://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1111/1755-0998.70066>



用語解説

注 1 環境 DNA

生物が水中や土壌、大気中に放出する DNA (粘液、糞など)。

注 2 種リスト

環境 DNA 解析などにより、特定の場所や環境で検出された生物種の一覧。

注 3 環境 DNA メタバーコーディング法

環境 DNA を用いて、一括して多数の生物種を同定する手法。特定の遺伝子領域を増幅・解析することで、生物群集の構成を推定できる。

注 4 生物相

特定の地域や時代に生息する生き物の集まり。

注 5 非計量多次元尺度法 (nMDS)

種リストの類似度に基づき、種組成が似た地点を近く、異なる地点を遠くに配置する手法。

研究内容についての問い合わせ先

井上 潤 (いのうえ じゅん) 海洋生命科学部門 准教授 jinoue © g.ecc.u-tokyo.ac.jp

※アドレスの「©」は「@」に変換してください。