

R7年度 研究成果発表（柴田 特任助教）

令和7年9月25日 令和7年日本水産学会秋季大会にて、「DNAメタバーコーディングによるカイアシ類バイオマス定量」という演題にて、DNAメタバーコーディング技術を活用した動物プランクトンバイオマスの定量手法開発に関する研究成果を発表してきました。

[講演要旨]

DNA メタバーコーディングによるカイアシ類バイオマス定量

○柴田淳也（広大CNセ）・西川哲也（兵庫水技セ）・高谷大介・吉原玲綺・中井智司（広大先進理工）・梅原亮・西嶋渉（広大環セ）

【背景・目的】

海域の魚類生産環境の理解においてカイアシ類の群集構造やバイオマス動態のモニタリングは重要である。しかし、カイアシ類のモニタリングは従来、専門家による顕微鏡観察に基づく種同定や計測が必要で、担い手が限定され時空間的に解像度高いモニタリングの実施が難しい課題があった。そこで、従来の検鏡に基づくモニタリングと整合性高く代替可能な、DNA メタバーコーディング（DNA-MB）を用いたバイオマス推定法の開発を目指した。

【材料・方法】 カイアシ類は、2020年4月～翌年3月に月1回、瀬戸内海播磨灘の定点3地点で採集した。各サンプルは検鏡での種同定・計量用とDNA-MB用に分割した。DNA-MBは、ミトコンドリアDNAまたは核DNAにあるバーコード領域3領域で分析した。DNA抽出時に、各サンプルに内部標準として既知量のアルテミア卵を添加しそのDNAリード数をもとにカイアシ類各種のDNAリード数を補正した。種別に標準補正DNAリード数に対する検鏡で測定したバイオマス（形態バイオマス）の検量式を作成し、各種の標準補正DNAリード数からバイオマスを推定した(qDNA-MBバイオマス)。

【結果・考察】 播磨灘の代表種6種中5種で、DNA-MBにて種レベルの検出ができ、標準補正DNAリード数が形態バイオマスと有意に正の相関を示した。得られた検量式から推定したqDNA-MBバイオマスは同一サンプルの形態バイオマスと有意な差がなく、DNA-MBを用いたモニタリングが従来の検鏡でのモニタリング結果を継承しつつ代替可能と確認できた。また、ミトコンドリアDNAより核DNA上のバーコード領域がバイオマス定量に適すると示唆された。