

日本—アフリカ 国際共同研究「環境科学」 2022年度 年次報告書	
<b>研究課題名（和文）</b>	eDNAメタバーコーディングによるアフリカのマングローブ生態系の動物多様性評価と予測
<b>研究課題名（英文）</b>	Application of eDNA metabarcoding for assessment and prediction of faunal Biodiversity of African Mangrove Ecosystem
<b>日本側研究代表者氏名</b>	梶田 忠
<b>所属・役職</b>	琉球大学 熱帯生物圏研究センター・教授
<b>研究期間</b>	2022年 4月 1日～2025年 3月 31日

## 1. 日本側の研究実施体制

氏名	所属機関・部局・役職	役割
梶田 忠	琉球大学・熱帯生物圏研究センター・教授	研究全体の進捗管理、現地調査、DNA解析、種多様性解析
磯和 幸延	琉球大学・熱帯生物圏研究センター・特命助教	現地調査、環境DNAメタバーコーディング解析
佐藤 行人	琉球大学・医学部・講師	環境DNAメタバーコーディング解析
仲岡 雅裕	北海道大学・北方生物圏フィールド科学センター・教授	種多様性解析
ARTIGAS RAMIREZ Maria Daniela	琉球大学・熱帯生物圏研究センター・ポスドク研究員	環境DNAメタバーコーディング解析

## 2. 日本側研究チームの研究目標及び計画概要

本年度は、研究計画が滞り無く実施できるように、セネガルおよび南アフリカの共同研究者との実施体制を十分に整えることを第一の目標とする。日本側が主体となって実施する研究活動は、(1)セネガルにおける現地調査、(2)日本におけるDNA解析、(3)種多様性解析の3つである。まず(1)の現地調査では、セネガルの研究者と準備をすすめつつ、マングローブ域での採水サンプリングやバーコーディング解析用サンプルの採集を行う。(2)のDNA解

析では、セネガル及び南アフリカの研究者から提供される解析用サンプルを用いて、環境 DNA メタバーコーディング解析を実施する。(3)の種多様性解析では、(2)で得られた種や代表配列のデータに基づいて、多様性解析を実施する。これら3つの研究活動を通して、各国の PI や研究担当者と連絡を緊密にとりつつ、本国際共同研究の実施体制を整備する。

### 3. 日本側研究チームの実施概要

#### ワークパッケージ No. 1 セネガル現地調査：

セネガルの Saloum Delta のマングローブにおいて、セネガルチームと共同で現地調査を実施した。今年度は Niodior 周辺のマングローブ域 12 地点で採水サンプリングを実施した。得られたサンプルは、以下 2 つのワークパッケージでの実験・解析に用いた。

#### ワークパッケージ No. 3 日本における DNA 解析：

セネガルにおける現地調査で得たサンプルの DNA 抽出を行った。また、環境 DNA を用いたメタバーコーディング解析に必要な PCR 等の諸条件を検討した。セネガルから得られた環境 DNA サンプルについて、既存のパイプラインを用いた DNA メタバーコーディング解析を実施したところ、およそ 50 種程度に相当する魚類が識別できたが、リファレンスデータベースに登録されている配列と高い類似度を持つものは半数程度であった。このことは、セネガルでは DNA バーコーディングデータをさらに蓄積して、リファレンスデータベースを充実させる必要があることを示唆している。また、南アフリカチームが得た配列データを用いて同様のメタバーコーディング解析を行い、セネガルから得られたデータと比較解析を行った。

#### ワークパッケージ No. 5 種多様性評価：

セネガル及び南アフリカから得られたメタバーコーディング解析について、系統樹に基づくアノテーションの解析のパイプラインを整備した。また、得られた配列データとアノテーションデータ、及び根拠となる文献やデータベースの情報を、セネガルチームおよび南アフリカチームと共有し、共通の方法でアノテーションを行えるように解析パイプラインを整備した。6 月には南アフリカおよびセネガルの PI も参加する国際ワークショップを開催し、その成果の一部を総説論文として学術誌に発表した。