



**新里 宙也 准教授**  
Chuya SHINZATO

**研究分野：**ゲノム生物学、サンゴ礁生物学

**研究内容：**地球規模の環境変動などの影響により、高い生物多様性を保つサンゴ礁生態系が脅かされていますが、その基盤であるサンゴそのものの生物学的知見は不足しています。ゲノム科学的手法を用いて、サンゴ礁生物学の研究を多角的に推進しています。

2008年 James Cook University (オーストラリア)  
Pharmacy and Molecular Science博士課程修了 Ph.D  
2009年 (独) 沖縄科学技術研究基盤整備機構 研究員  
2011年 沖縄科学技術大学院大学 マリンゲノミクスユニット 研究員

2012年 沖縄科学技術大学院大学 マリンゲノミクスユニット グループリーダー  
2017年 東京大学大気海洋研究所 准教授  
2018年 平成30年度東京大学卓越研究員

## ゲノム解析で挑むサンゴ礁生態系の謎

### 多様な生命を育むサンゴ礁生態系

サンゴ礁が地球上の海域を占める面積は0.2%程度ですが、そこには全海洋生物種の30%が生息するとされる、地球上で最も生物多様性豊かな生態系の一つです。そのサンゴ礁を形成するのが、「造礁サンゴ」という刺胞動物です。造礁サンゴには光合成を行う微細藻類、褐虫藻 (*Symbiodinium*) が細胞内に共生しており、両者は相利共生関係を築いています (図1)。しかしこのサンゴと褐虫藻の共生関係は、僅かなストレスで崩壊してしまいます。近年では地球規模での環境変動などの影響で、共生関係の崩壊「白化現象」が頻発しています。サンゴ礁の崩壊は、単にサンゴの死というだけにとどまらず、そこに生息する多様な海洋生物の生息場所の消滅も意味し、豊かな生物多様性が失われることになります。現在進行形で刻々と状況が変化しているサンゴ礁、しかし我々のサンゴに関する知識は未だ限られており、具体的な対策が取れていないのが現状です。そこで我々はサンゴの生物学的研究を加速・推進するため、造礁サンゴ (図2) と褐虫藻の全ゲノムを解読し、分子レベルからサンゴを研究する基盤を整えました。

### ゲノム情報を用いたサンゴ礁研究の展開

これら解読したゲノム情報を用いて、サンゴの生物学的研究を行っています。サンゴ礁生態系の礎である、サンゴと褐虫藻の共生の分子メカニズムを明らかにするため、遺伝的には近いがサンゴへの共生様式が異なる、複数の褐虫藻の株を実験的にサンゴの幼生に感染させ、サンゴの遺伝子の発現変化を網羅的に比較しました。その結果、サンゴと本来共生する褐虫藻が感染した場合に多くの遺伝子が発現変動し、サンゴと褐虫藻の物質の交換が適切に行われていることが示唆されました。最近では、多くのサンゴのゲノムを解読・比較することで、サンゴという生物がどのように進化してきたのか、異なる生態的特徴を持つサンゴは遺伝的にどのような違いがあるのか、なども解析しています。

基礎的なサンゴ生物学以外にも、サンゴ礁の保全再生に関わる調査研究も行っています。天然に匹敵する遺伝的多様性を保ったサンゴ増養殖を実現するため、多様なサンゴ種の個体識別が可能な遺伝子マーカーの開発を行いました。さらに海水に含まれる環境DNAを用いて、近隣のサンゴとその共生褐虫藻の同時検出にも成功しました。地球規模での大規模白化現象などを含め、刻々と状況が変化しているサンゴ礁生態系を、簡単かつ正確にモニタリングする技術への応用が期待されます。本講演では、これまでの研究や最新の研究成果を紹介し、サンゴ礁生態系についてどの程度理解が進んできたのか、紹介したいと思います。

図1 顕微鏡で拡大したサンゴのポリプと、共生する褐虫藻 (右下)

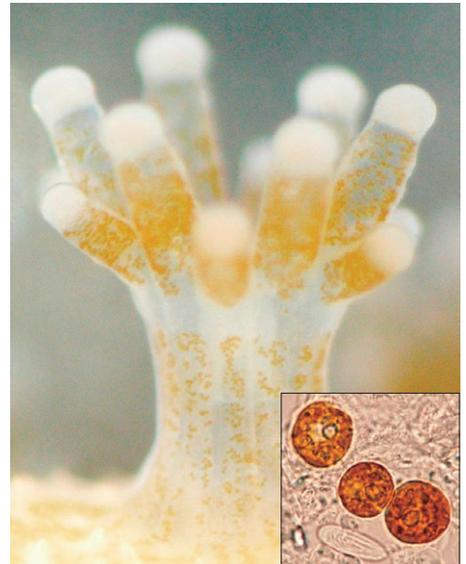


図2 世界で初めて全ゲノムが解読されたサンゴ、コユビミドリシ (*Acropora digitifera*)

