

令和元年 8月30日現在

機関番号：12601

研究種目：基盤研究(B) (一般)

研究期間：2015～2018

課題番号：15H04534

研究課題名(和文) 海産カイアシ類の飢餓および休眠応答シークエンスの解明とマーカーの開発

研究課題名(英文) Responses for starvation and dormancy of marine copepods; establishment of molecular markers

研究代表者

津田 敦 (TSUDA, ATSUSHI)

東京大学・大気海洋研究所・教授

研究者番号：80217314

交付決定額(研究期間全体)：(直接経費) 13,000,000円

研究成果の概要(和文)：海洋で優占する動物プランクトンであるカイアシ類を対象に、飢餓と休眠という生理状態を対象に、分子生物学的手法(RNA-seq)を用いて、マーカー遺伝子を探索した。飢餓に関しては、NADH-dehydrogenaseとvitellogenin 2が、それぞれ、飢餓に対して安定して高発現および低発現し、マーカー遺伝子として実用可能となった。休眠に関しては、脂質代謝、炭水化物代謝に関する遺伝子が低発現した。酸素運搬タンパクと考えられるヘモエリスリンは、休眠個体で高発現していたが、この遺伝子はドメインを3つ持つ構造で、昆虫で報告されている貯蔵性タンパクと強い類似性が認められた。

研究成果の学術的意義や社会的意義

プランクトンは、外見では、その生理状態が分からず、培養を伴う生理活性の測定などを行う必要があり、変動の激しい海洋環境における生理状態の把握はできなかった。本研究で開発された、遺伝子マーカーを使うことによって、培養を伴わず、飢餓の有無や程度、休眠のステージ分けができるようになったことで、プランクトンの生態研究に大きな進展が見込まれる。また、休眠においては脂質の蓄積は報告されていたが、窒素を含む化合物での蓄積物質は報告がなく、新規発見となった。

研究成果の概要(英文)：Molecular markers of starvation and dormancy were investigated in planktonic copepods by RNA-seq. For starvation, copepods showed up-regulation in NADH-dehydrogenase, and down-regulation in vitellogenin 2, which were suggested to be good indicators of starvation in the field. On the other hand, dormant copepods showed down-regulation of lipid synthesis and carbohydrates related enzymes, while up-regulation in hemerythrin, which is commonly recognized as oxygen transport protein. However, this protein contains three hemerythrin domains, which is similar to dormancy-related protein in insects.

研究分野：生物海洋学

キーワード：動物プランクトン 生物海洋学 飢餓 休眠 遺伝子マーカー

## 様式 C - 19、F - 19 - 1、Z - 19、CK - 19 (共通)

### 1. 研究開始当初の背景

海洋の漂泳生態系における餌料環境は、動物プランクトンにとって変動が著しく、時空間的に不均一で、希薄である。そのような環境において、動物プランクトンは生残と繁殖に関わる様々な生理状態を示す。たとえば餌環境変動に伴う代表的な生理応答として飢餓と休眠があるが、飢餓や休眠という生理状態を外観から判断することはできず、飼育を伴う測定によっても卵生産速度や消化酵素活性、タンパク質合成活性の低下等、あくまで低代謝状態を示す間接的な情報が得られるのみであった。また、多くの生物で休眠メカニズムは未だ解明されておらず、カイアシ類での判定は栄養物質の蓄積、生理活性および刺激応答の低下などに基づく間接的な推定にとどまっており、生理状態を直接的に判定可能な手法の開発が必要であった。

このような状況の中で、外見では判断できない生理状態を、分子生物学的な手法により明らかにすることが試みられている。近年、シークエンサーの飛躍的機能向上とモデル生物を中心としたデータベースの充実により、カイアシ類のような非モデル生物においても、遺伝子の発現解析を試みる例が報告されている。

### 2. 研究の目的

本研究の目的は、海洋で優占する動物プランクトンであるカイアシ類を用いた飢餓実験および季節的採集を行い、対象区と実験区から m-RNA を抽出し、逆転写により cDNA を得て、超並列シークエンサーにより塩基配列を決定し発現遺伝子の組成を得る。さらに、飢餓や休眠により有意に発現変動した遺伝子を選別する。次に選別された遺伝子群を対象として、再度飢餓実験や季節的採集試料の再分析 (r-PCR) を行い、対象遺伝子発現の時間変化を明らかにするとともに、飢餓や休眠以外の要因、すなわち不適水温などの環境要因や日周性を精査し、飢餓や休眠の指標となる遺伝子を絞り込む。最後に、選別された遺伝子群を用いた r-PCR 法でフィールド採集試料を対象として飢餓や休眠と環境因子との関係を解析し、海洋漂泳生態系生物にとっての餌環境を明らかにすることにある。

### 3. 研究の方法

飢餓を対象とした実験では西部北太平洋温帯域の陸棚域で優占し高次捕食者の重要餌料であるカイアシ類 *Calanus sinicus* を対象生物とし、摂餌区と絶食区を設けた飼育実験を行い、次世代シークエンサーを用いた網羅的な発現変動遺伝子解析 (RNA-Seq) を行ない、飢餓に関するマーカー遺伝子を探索することを目的とした。動物プランクトン試料および表層海水を静岡県御前崎沖にて採集し、採集された試料から *C. sinicus* 雌成体を選別し実験を行なった。摂餌区には表層海水を濾した残渣 (粒子サイズが  $> 20 \mu\text{m}$ ) を餌料として与え、絶食区には餌料を加えなかった。24 時間の飼育後、飼育個体から total RNA を抽出し mRNA を精製後、断片化および逆転写反応により cDNA を得た。次世代シークエンサー HiSeq 4000 により断片化された配列 (リード) を獲得し、*de novo* アセンブラ Trinity を使用してトランスクリプトーム配列の構築を行なった。リードを構築された配列に対してマッピングし、各遺伝子の発現量を取得した。摂餌区と絶食区で発現量を比較し、発現変動遺伝子を特定した。遺伝子データベース上から本解析で得られた発現変動遺伝子と相同性の認められる配列情報を検索し、機能の推定を行なった。さらに飢餓とその度合いを判定可能なマーカー遺伝子としての評価を行なった。飢餓とその度合いを判定するマーカー遺伝子としては、餌料が充足した個体でその発現量は安定し、かつ絶食期間や餌料濃度の違いに対して一貫した増減傾向を示すことが望ましい。本研究では、様々な絶食期間あるいは餌料濃度で飼育した *C. sinicus* 雌成体の発現変動遺伝子の発現量変化を qRT-PCR 法により測定し、マーカー遺伝子としての評価を行なった。飼育には摂餌区と絶食区を設け、摂餌区には培養した緑藻類 *Tetraselmis* sp. を餌料として細胞濃度が飽食濃度 ( $8,000 \text{ cells mL}^{-1}$ ) となるように加え、絶食区では無給餌で飼育を行なった。摂餌区と絶食区でそれぞれ 3、6、12、24、72 時間の飼育を行なった。また、異なる餌料濃度 ( $0-8,000 \text{ cells mL}^{-1}$ ) でそれぞれ 48 時間の飼育を行なった。さらに、飼育期間中は 24 時間毎に産卵数を計数し、卵生産速度を求めた。

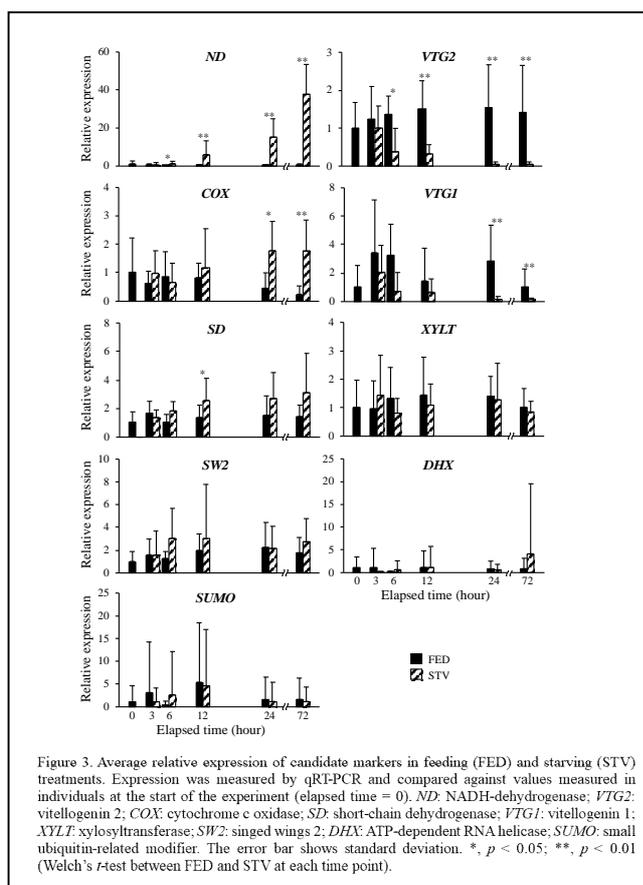
休眠を対象とした実験には、親潮域において動物プランクトン試料を層別に採集し季節的な休眠する成長段階個体 (*N. cristatus* と *N. plumchrus* のコペポダイト 5 期、*N. flemingeri* の雌成体) を選別し、液体窒素で固定した。上記飢餓を対象とした実験と同じ方法で、種別にトランスクリプトーム配列の構築し、発現量の取得を行なった。表層 (0-200 m) から採集された個体を活動個体、深層 (500-2,000 m) から採集された個体を休眠個体とし、活動個体と休眠個体で発現量が異なる遺伝子を特定した。発現変動遺伝子を 3 種間で比較し、共通する発現変動遺伝子の中から休眠を特徴づける遺伝子の探索を行なった。

### 4. 研究成果

#### 4.1. 飢餓に対する応答

*De novo* アセンブリの結果、タンパク質をコードすると予想されるトランスクリプト 84,095 配列が構築された。アセンブリの信頼性の指標となる BUSCO 解析の結果、真核生物に共通する遺伝子 303 配列のうち、完全長の 281 配列 (92.8%) と断片化された 14 配列 (4.6%) が見つかリ、8 配列 (2.6%) を欠いた。また、BLASTx による相同性検索の結果、本研究で構築された 84,095 配列のうち 53,387 配列 (63.5%) で NCBI の nr データベース中の配列と相同性

が認められた。相同性が認められた配列のうち、カイアシ類 *Eurytemora affinis* 由来の 33,528 配列 (62.8%) が最も多く、次いでシロアリ類 *Cryptotermes secundus* 由来の 518 配列 (0.6%) が多かった。発現変動遺伝子解析の結果、摂餌区と絶食区で 16 配列の発現量が有意に異なった。発現変動遺伝子 16 配列のうち、11 配列は絶食区で発現量が高く、5 配列は低かった。絶食区で高発現した 11 配列のうち 6 配列で相同な配列情報が得られ、低発現した 5 配列のうち 3 配列で相同な配列情報がデータベース上から得られた。相同な配列の機能から、発現変動遺伝子の機能を推定した。発現変動遺伝子とその機能から大別すると、NADH-dehydrogenase (ND) と cytochrome c oxidase (COX), short-chain dehydrogenase (SD) の 3 遺伝子はエネルギー代謝に、xylosyltransferase は多糖の代謝に、ATP-dependent RNA helicase (DHX) と small ubiquitin-related modifier (SUMO) の 2 遺伝子は他のタンパク質の機能とその合成活性の調節に、vitellogenin 1 (VTG1) と vitellogenin 2 (VTG2) は卵生産に、singled wings 2 (SW2) は体成長に関連すると考えられた。発現量変化と飢餓応答との直接的な関連が不明な遺伝子もあるが、飢餓状態のカイアシ類はエネルギーおよび物質の消費が著しい卵生産と体成長に関連する遺伝子の発現量を低下させ、一方で、最低限の生理維持に必要なエネルギー産生のためにエネルギー代謝関連遺伝子の発現量を増加させることが示唆された。本研究における 24 時間の絶食は飢餓の条件としては十分であるが、スナップショットであるがために、飢餓における経時的なシーケンスに関連した遺伝子を特定することはできない。本研究で得られた発現変動遺伝子は飢餓に関連する遺伝子のほんの一部にすぎず、今後様々な飢餓条件における遺伝子発現解析を行うことで、飢餓における一連の生理的な応答の解明が可能であると考えられる。さらに、qRT-PCR による測定の結果、実験期間中の ND と VTG2 は摂餌区において安定した発現量を示した。一方、絶食区では時間経過に伴って ND 発現量は増加し、VTG2 発現量は低下した。摂餌区と絶食区で飼育期間毎に発現量を比較すると、ND と VTG2 はいずれも 6 時間以降のすべての期間で有意差が認められた。さらに、餌料濃度の減少とともに ND 発現量は増加し、VTG2 発現量は低下する傾向があった。以上のことから、ND および VTG2 発現量変化は、時間的および量的な飢餓の度合いを反映する可能性が示唆された。残りの 7 遺伝子 (COX, SD, XYLT, VTG1, SW2, DHX, SUMO) は摂餌区における安定性を欠くか絶食期間および餌料濃度の変化に対して一貫した増減傾向を示さず、飢餓のマーカー遺伝子としての信頼性において ND と VTG2 に劣ることが示された。卵生産速度は、絶食 48 時間以降に有意に低下し、餌料濃度の減少とともに低下する傾向を示した。本研究で得られたマーカー遺伝子によって、長年議論のあった動物プランクトンの飢餓について、その有無や時空間的な分布が明らかにされると考えられる。

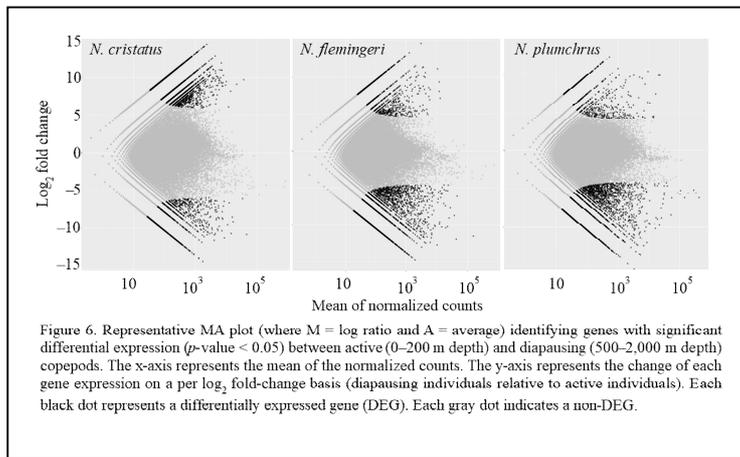


が認められた。相同性が認められた配列のうち、カイアシ類 *Eurytemora affinis* 由来の 33,528 配列 (62.8%) が最も多く、次いでシロアリ類 *Cryptotermes secundus* 由来の 518 配列 (0.6%) が多かった。発現変動遺伝子解析の結果、摂餌区と絶食区で 16 配列の発現量が有意に異なった。発現変動遺伝子 16 配列のうち、11 配列は絶食区で発現量が高く、5 配列は低かった。絶食区で高発現した 11 配列のうち 6 配列で相同な配列情報が得られ、低発現した 5 配列のうち 3 配列で相同な配列情報がデータベース上から得られた。相同な配列の機能から、発現変動遺伝子の機能を推定した。発現変動遺伝子とその機能から大別すると、NADH-dehydrogenase (ND) と cytochrome c oxidase (COX), short-chain dehydrogenase (SD) の 3 遺伝子はエネルギー代謝に、xylosyltransferase は多糖の代謝に、ATP-dependent RNA helicase (DHX) と small ubiquitin-related modifier (SUMO) の 2 遺伝子は他のタンパク質の機能とその合成活性の調節に、vitellogenin 1 (VTG1) と vitellogenin 2 (VTG2) は卵生産に、singled wings 2 (SW2) は体成長に関連すると考えられた。発現量変化と飢餓応答との直接的な関連が不明な遺伝子もあるが、飢餓状態のカイアシ類はエネルギーおよび物質の消費が著しい卵生産と体成長に関連する遺伝子の発現量を低下させ、一方で、最低限の生理維持に必要なエネルギー産生のためにエネルギー代謝関連遺伝子の発現量を増加させることが示唆された。本研究における 24 時間の絶食は飢餓の条件としては十分であるが、スナップショットであるがために、飢餓における経時的なシーケンスに関連した遺伝子を特定することはできない。本研究で得られた発現変動遺伝子は飢餓に関連する遺伝子のほんの一部にすぎず、今後様々な飢餓条件における遺伝子発現解析を行うことで、飢餓における一連の生理的な応答の解明が可能であると考えられる。さらに、qRT-PCR による測定の結果、実験期間中の ND と VTG2 は摂餌区において安定した発現量を示した。一方、絶食区では時間経過に伴って ND 発現量は増加し、VTG2 発現量は低下した。摂餌区と絶食区で飼育期間毎に発現量を比較すると、ND と VTG2 はいずれも 6 時間以降のすべての期間で有意差が認められた。さらに、餌料濃度の減少とともに ND 発現量は増加し、VTG2 発現量は低下する傾向があった。以上のことから、ND および VTG2 発現量変化は、時間的および量的な飢餓の度合いを反映する可能性が示唆された。残りの 7 遺伝子 (COX, SD, XYLT, VTG1, SW2, DHX, SUMO) は摂餌区における安定性を欠くか絶食期間および餌料濃度の変化に対して一貫した増減傾向を示さず、飢餓のマーカー遺伝子としての信頼性において ND と VTG2 に劣ることが示された。卵生産速度は、絶食 48 時間以降に有意に低下し、餌料濃度の減少とともに低下する傾向を示した。本研究で得られたマーカー遺伝子によって、長年議論のあった動物プランクトンの飢餓について、その有無や時空間的な分布が明らかにされると考えられる。

卵生産速度は、絶食 48 時間以降に有意に低下し、餌料濃度の減少とともに低下する傾向を示した。本研究で得られたマーカー遺伝子によって、長年議論のあった動物プランクトンの飢餓について、その有無や時空間的な分布が明らかにされると考えられる。

#### 4.2. 休眠に関連する遺伝子発現

亜寒帯太平洋に生息し、季節的鉛直移動を行い、深層で休眠することが知られている *Neocalanus* 属カイアシ類 3 種 (*N. flemingeri*, *N. plumchrus*, *N. cristatus*) を季節的採集試料から、春季の表層で成長している個体と、秋季に深層 (500-1000m) で休眠している個体の遺伝子発現差解析を行なった。各種で 3 000-4500 配列が発現変動遺伝子として同定され、3 種において共通する発現変動遺伝子は 824 配列であった。炭水化物代謝および脂質代謝に関連する遺伝子群の全般は休眠個体において発現量が低下しており、休眠時における低代謝状態を反映していると考えられた。またストレス関連遺伝子は、活動個体で高発現する遺伝子と休眠個体で高発現する遺伝子があり、活動個体と休眠個体で異なったストレス応答を示していることが示唆された。さらに、酸素運搬タンパク質であるヘムエリスリンの発現量は休眠個体において高かった。しかし、通常、酸素運搬タンパク質の配列中にはドメインはひとつであり、本研究で構築されたヘムエリスリン配列には 3 つのヘムエリスリンドメインが含まれた。このドメイン配列は、昆虫における休眠時貯蔵タンパク質 diapause associated protein と類似しており、カイアシ類においてこれまで報告されていない休眠時貯蔵タンパク質の存在が示された。



## 5 . 主な発表論文等

[雑誌論文](計 17 件)

Tsuda, A., H. Saito, H. Kasai, J. Nishioka and T. Nakatsuka, Vertical segregation and population structure of ontogenetically migrating copepods *Neocalanus cristatus*, *N. flemingeri*, *N. plumchrus* and *Eucalanus bungii* during ice-free season in the Sea of Okhotsk. *Journal of Oceanography*, 査読有, 71 巻, 2015, 271-285. Doi: 10.1007/s10872-015-0287-3

Fujioka, H., R.J. Machida, A. Tsuda, Early life history of *Neocalanus plumchrus* (Calanoida: Copepoda) in the western subarctic Pacific. *Progress in Oceanography*, 査読有, 137 巻, 2015, 196-208. Doi: 10.1016/j.pocean.2015.06.004.

Itoh, S., I. Yasuda, H. Saito, A. Tsuda and K. Komatsu, Mixed layer depth and chlorophyll a: Profiling float observations in the Kuroshio-Oyashio Extension region, *Journal of Marine System*, 査読有, 151 巻, 2015, 1-14, doi:10.1016/j.jmarsys.2015.06.004

Hirai J and A. Tsuda, Metagenetic community analysis of epipelagic planktonic copepods in the tropical and subtropical Pacific. *Marine Ecology Progress Series*, 査読有, 534 巻, 2015, 65-78. Doi: 10.3354/meps11404.

Hirai, J., A. Tsuda, E. Goetze, Extensive genetic diversity and endemism across the global range of the oceanic copepod *Pleuromamma abdominalis*. *Progress in Oceanography*, 査読有, 138 巻, Part A, 2015, 77-90. Doi: 10.1016/j.pocean.2015.09.002.

Yamaguchi, Y., Takagi, W., Kuraku, S., Moriyama, S., Bell, J.D., Seale, A.P., Lerner, D.T., Grau, E.G. and Hyodo, S. Discovery of conventional prolactin from the holocephalan elephant fish, *Callorhinchus milii*. *General and Comparative Endocrinology*, 査読有, 1224 巻, 2015, 216-227. doi: org/10.1016/j.ygcen.2015.08.020.

Nishibe Y, H. Isami, H. Fukuda, S. Nishida, T. Nagata, A. Tachibana and A. Tsuda, Impact of the 2011 Tohoku earthquake tsunami on zooplankton community in Otsuchi Bay, northeastern Japan. *Journal of Oceanography*, 査読有, 72 巻, 2016, 77-90. Doi: 10.1007/s10872-015-0339-8

Fukuda H., R. Katayama, Y. Yang, H. Takasu, Y. Nishibe, A. Tsuda and T. Nagata, Nutrient status of Otsuchi Bay (northeastern Japan) following the 2011 off the Pacific coast of Tohoku Earthquake. *Journal of Oceanography*, 査読有, 72 巻, 2016, 39-52. Doi: 10.1007/s10872-015-0296-2

Hidaka, K., H. Itoh, J. Hirai, A. Tsuda, Occurrence of *Paracalanus parvus* species complex in offshore waters south of Japan and their identification to species. *Plankton and Benthos Research*, 査読有, 11 巻 4 号, 2016, 131-143. (2017 年度日本プランクトン学会論文賞受賞)

Hasegawa, K., Kato, A., Watanabe, T., Takagi, W., Romero, M., Bell, J.D., Toop, T., Donald, J.A. and Hyodo, S. Sulfate transporters involved in sulfate secretion in the kidney are localized in the renal proximal tubule II of the elephant fish (*Callorhinchus milii*) *American Journal of Physiology-Regulatory Integrative and Comparative Physiology*, 査読有, 311 巻, 2016, R66-R78, doi: 10.1152/ajpregu.00477.2015

Tachibana, A. Y. Nishibe, H. Fukuda, K. Kawanobe, A. Tsuda, Phytoplankton community structure in Otsuchi Bay, northern Japan after the 2011 off the Pacific coast of Tohoku Earthquake and tsunami. *Journal of Oceanography*, 査読有, 73 巻, 2017, 55-65. DOI: 10.1007/s10872-016-0355-3.

福田秀樹・楊燕輝・高須裕之・西部裕一郎・立花愛子・津田敦・永田俊「2011 年東北地方太平洋沖地震以降 5 年間の三陸沿岸大槌湾における栄養塩環境の変化」沿岸海洋研究, 査

読有, 54 巻, 2017, 105-116.

Okamoto E., Kusakabe R., Kuraku S., Hyodo S., Robert-Moreno A., Onimaru K., Sharpe J., Kuratani S., Tanaka M., Migratory appendicular muscles precursor cells in the common ancestor of all vertebrates. *Nature Ecology & Evolution*, 査読有, 1 巻, 2017, 1731-1736. doi: 10.1038/s41559-017-0330-4

Yoshimura, T, Nishioka J, Ogawa H and Tsuda A. Dynamics of particulate and dissolved organic and inorganic phosphorus during the peak and declining phase of an iron-induced phytoplankton bloom in the eastern subarctic Pacific. *Journal of Marine Systems*, 査読有, 177 巻, 2018, 1-7. Doi: 10.1007/s10872-016-0355-3

Sakamoto, T., Hyodo, S., Takagi, W., A possible principal function of corticosteroid signaling that is conserved in vertebrate evolution: Lessons from receptor-knockout small fish. *Journal of Steroid Biochemistry and Molecular Biology*, 査読有, 184 巻, 2018, 57-61. doi: 10.1016/j.jsbmb.2018.02.011

Nagao, I, Y. Tada, K. Suzuki, A. Tsuda, Y. Iwamoto, M. Toratani, K. Hamasaki, M. Uematsu, Biogenic sulfur compounds in spring phytoplankton blooms in the western North Pacific off the coast of northern Japan. *Progress in Oceanography*, 査読有, 165 巻, 2018, 145-157. doi:org/10.1016/j.pocean.2018.05.006

Ohnishi, T., J. Hirai, S. Shimode and A. Tsuda, Identification of molecular markers associated with starvation in female *Calanus sinicus* (Copepoda: Calanoida). *Marine Ecology Progress Series*, 査読有, 614 巻, 2019, 51-65. Doi:10.3354/meps12904

〔学会発表〕(計 21 件)

津田敦 (2016) 「海洋における MSR 問題」国際シンポジウム「海洋遺伝資源のアクセスと利益配分のあり方」(基調講演)

平井惇也・津田敦「分子生物学的手法によるカイアシ類の多様性解析」東京大学大気海洋研究所共同利用研究集会 太平洋南北断面観測による生物地球化学・生態系の統合研究

③ 立花愛子・平井惇也・宮正樹・菊地知彦・津田敦「西経 170 度線上におけるマイクロネクトンの多様性と食性」東京大学大気海洋研究所共同利用研究集会 太平洋南北断面観測による生物地球化学・生態系の統合研究

平井惇也・津田敦「表層・中層性カイアシ類の多様性と分布の緯度変化」日本海洋学会 2016 年度春季大会

Abe, Y., A. Yamaguchi, T. Kobari, B. Niehoff, A. Tsuda and I. Imai (2016) Weight-specific growth rates of large-sized oceanic copepods during phytoplankton bloom. 2016 ESSAS Meeting.

Tachibana, A. T. Ishimaru, A. Tsuda (2016) Response of neritic copepod, *Acartia omorii* to climate related changes in Tokyo Bay, Japan. 6th Zooplankton Production Symposium.

Hirai J. A. Tsuda (2016) Metagenetic community analysis of marine planktonic copepods in the Pacific. 6th Zooplankton Production Symposium. (invited)

Nishibe, Y. A. Tachibana and A. Tsuda (2016) Impact of the 2011 Tohoku earthquake tsunami on zooplankton community in Otsuchi Bay, northeastern Japan. 6th Zooplankton Production Symposium.

齊藤宏明・古谷研・津田敦「海洋の生物地球化学と生態系および持続的な利用を基盤とする新海洋像の創出」日本地球惑星科学連合 2016 年大会, (invited)

立花愛子・西部裕一郎・平井惇也・津田敦 (2016) 「日本沿岸域におけるカイアシ類 *Acartia hudsonica* の遺伝的多様性」日本海洋学会秋季大会

Tsuda, A., J. Hirai and A. Tachibana (2016) Phylogeographic analysis of pelagic copepod community along 170 W. AORI-SIO symposium for building strategic partnership.

大西拓也, 日高清隆, 下出信次, 津田敦 (2017) 「飢餓における *Calanus sinicus* 雌成体の遺伝子発現」, 日本海洋学会海洋生物研究会第 1 回シンポジウム

津田敦 (2017) 「海洋生物多様性のガバナンス」九州大学応用力学研究所附属大気海洋環境研究センター記念講演会, (招待講演)

宮平慧, 平井惇也, 立花愛子, 西部裕一郎, 津田敦 (2017) 「日本周辺海域における沿岸性カイアシ類 *Acartia omorii* の遺伝的多様性と集団構造」日本プランクトン学会・ベントス学会合同大会

Hirai, J., A. Tachibana, and A. Tsuda (2017) Copepod diversity and biogeography revealed by a metagenetic approach. Joint symposium on ocean, coastal and atmospheric sciences.

Ohnishi, T., J. Hirai, S. Shimode and A. Tsuda (2017) Identification of gene markers associated with starvation in female *Calanus sinicus* Brodsky (Calanoida: Copepoda). PICES Annual Meeting 2017

Tsuda, A. T. Ohnishi and J. Hirai (2017) Biodiversity in marine environments. Annual meeting of Korean Society of Environmental Biology. (plenary talk)

Ohnishi, T., J. Hirai, S. Shimode and A. Tsuda (2018) Identification method for

starved female *Calanus sinicus* (Calanoida: Copepoda) based on differential gene expression profile. Ocean Science Meeting.

西部裕一郎・立花愛子・津田敦 (2018) 大槌湾におけるカイアシ類 *Acartia hudsonica* の卵休眠と生活史 日本海洋学会海洋生物研究会シンポジウム

Tsuda A (2018) Biological diversity of Copepoda in the Ocean. Japan- Latin America Academic Conference 2018.

- ⑳ 津田敦 (2018)「海洋観測の重要性と船の果たす役割」日本学術会議公開シンポジウム「海洋観測における研究船の役割：成果と展望」(基調講演)

〔図書〕(計 1件)

津田敦・森田健太郎 編・著, 共立出版, 「海洋生態学」, 2016, 305

〔産業財産権〕

出願状況(計 0件)

名称：  
発明者：  
権利者：  
種類：  
番号：  
出願年：  
国内外の別：

取得状況(計 件)

名称：  
発明者：  
権利者：  
種類：  
番号：  
取得年：  
国内外の別：

〔その他〕

ホームページ等

<http://www.ecosystem.aori.u-tokyo.ac.jp/plankton/index.html>

## 6. 研究組織

### (1) 研究分担者

研究分担者氏名：兵藤晋

ローマ字氏名：(Hyodo, Susumu)

所属研究機関名：東京大学

部局名：大気海洋研究所

職名：教授

研究者番号(8桁)：40222244

### (2) 研究協力者

研究協力者氏名：

ローマ字氏名：

科研費による研究は、研究者の自覚と責任において実施するものです。そのため、研究の実施や研究成果の公表等については、国の要請等に基づくものではなく、その研究成果に関する見解や責任は、研究者個人に帰属されます。