

新たな技術による海洋生物群集の調査観測と環境影響評価

山本啓之*

要 旨

人間社会は様々な産業において海洋を利用してきたが、顕著な環境変動が広がり、海洋生態系がもつ復元力の許容限界を越えようとしている。海洋環境を持続的に利用するためには、現状を知るための調査観測と人間活動による環境への影響を的確に評価し、適切に管理するための計画と運用体制が必要である。環境影響評価および環境モニタリングはその要となる技術である。生物群集と生態系は、構成要素が多様かつ複雑に連携しながら環境条件に応じた地域特性を維持している。格段に進歩した分子遺伝学の知識、進歩したシーケンス技術やメタゲノム解析の手法、また、カメラのデジタル化と解像度の向上および小型化などは、それまで試料採取と観察記載に重きをおいてきた生物・微生物の調査とモニタリングの様相を大きく転換した。より優れた機器と手法の導入は、適切な環境管理の運用と持続的な海洋環境と資源の利用を牽引する。同時に、導入する手法の基礎となる原理と技術を理解し、過去に収集したデータおよび評価基準との整合性を取ることが、一貫した環境管理と持続性の維持には不可欠である。

キーワード：環境影響評価・環境モニタリング・イメージングデータ・メタゲノム解析・ハビタットマップ

1. はじめに

人間社会は漁業、海運、廃棄物処理、エネルギー資源、鉱物資源など様々な産業において海洋を利用し続けている。海洋は大気中に排出された二酸化炭素を吸収して温暖化影響を緩和してきたが、すでに酸性化や温暖化の影響が顕著に検知される状況にある。また、人口増加は資源採取を促し、その傍らで汚染を広めている。海洋プラスチックの分布などに代表される人間活動の現状は、海洋の許容限界を越える勢いである。海洋環境を持続的に利用するためには、現状を知るための調査観測、その中で人間活動による環境への影響を的確に評価し、適切な管理をするためのシステムが必要である。

環境影響評価は、顕著な環境変化を伴う開発行為に際して実施が義務付けられている事業である。人間の活動が環境と生物群集に影響を与えると想定される場合、結果として生態系の機能は維持されるのかあるいは回復す

るのかを適正に判断するのに必要なデータの収集と解析をして、開発と保全の最適化を検討するための情報をステークホルダに開示することが、環境影響評価に課せられた役割である(片谷, 2016)。現在では、事業の実施前から環境調査を始めて、地域特性に応じた環境配慮を検討した複数の計画を提示し、最適な計画案を選択することができる戦略的環境アセスメントの仕組みが採用されている(田中, 2013)。影響評価の透明性を担保するためには、第三者による評価の確認、事前と事後の比較検証、地域間の比較などにおいて科学データに裏付けられた標準手法が確立されている必要がある。

海洋の物理化学環境を調査観測する手法には国際標準として認知されている指針や技術規格が普及しており、確立された実用的な手法としても商業ベースで広く使われている。一方、生物群集と生態系については、構成要素が多様かつ複雑に連携しており、環境条件と自然周期に応じた地域特性が存在している。かつてはこの複雑系を解析するのは容易ではないため、評価に際してはブ

2019年9月12日原稿受付; 2019年10月22日受理

* 国立研究開発法人 海洋研究開発機構
〒237-0061 神奈川県横須賀市夏島町 2-15

ラックボックスとして処理されていた。

生物調査の原理と手法が大きく変わる転機は、1990年代である。分析技術の革新により進歩した分子遺伝学がその役割を果たした。次の転機は、カメラのデジタル化と解像度の向上および小型化である。海洋ではダイバーから深海探査機まで、多くの海洋現場において高品質なイメージングデータが大量に収集され始めると、専用のデータベースが作られた。これらは、試料採取と記載に重きをおいてきた生物調査とモニタリングの様相を大きく転換してきた。

本稿では、海洋での生物調査とデータ解析に転換をもたらした手法について、その原理と技術の背景および今後の展開について解説をする。

2 生物分布の調査

2.1 ハビタットマップの作成

生物群集の分布と生息環境の物理化学条件を GIS マップで示したものをハビタットマップと呼ぶ。ハビタットマップは、生息分布を視覚的に理解するだけでなく、環境の物理化学データと生物分布データを重ね合わせて生態系の状況を理解するためのツールである。その基礎になるデータは地形である。陸域では、環境アセスメントベースマップが環境調査により収集したベースラインデータを一元的に表示するために使われている（増澤, 2005）。環境省はこのマップ作成の整備マニュアルを公表したが、対応している範囲は海岸までである。海洋については、音響測深機器の発達により地形データが収集されている。地球上の海底地形データは、General Bathymetric Chart of the Oceans (GEBCO, <https://www.gebco.net>) が 2030 年までに海洋全体でのデータ収集を目指して活動を続けている（Mayer et al., 2018）。日本周辺の海底地形については、海上保安庁の海洋情報部より基本データを公開している（<https://www1.kaiho.mlit.go.jp/umi.html>）。

海底ハビタットマップの作成で留意すべき点は、海底地形は単なる生物分布の目印ではなく、地形が生み出す流れ、堆積物の様相、底質、傾斜面などの条件が生息環境を作り出す構成要素として捉えることである（Cogan et al., 2009; Brown et al., 2011; Boswarva et al., 2018）。従って、解像度が精細になればより精確に生息環境と生物分布の関係を解析することができる。例えば、海底地形を大きく改変する鉱物資源開発を想定すると、採掘作業の事前と事後の比較において高解像度の地形データを利用すれば、採掘操業の管理だけでなく環境保全の管理にも有用な情報になる。

高解像度の地形図を作成では、海底に近い距離から測深することができる曳航式海底測量システム、自律型無人探査機（Autonomous Underwater Vehicle: AUV）に

音響探査やレーザー測定の装置を搭載する技術などが確立している（Minami and Ohara, 2017; Lecours et al., 2016; Kumagai et al., 2010; Thornton et al., 2016）。深海での AUV による海底地形調査の技術水準と有用性は、2019 年に決戦を迎えた海底広域 3D マップの調査技術を競う大会（Ocean Discovery XPRIZE）での成果にも示されている。

2.2 イメージングデータによる生物調査

海底の生物群集と生態系は、環境の物理化学条件とエネルギー供給の違いを反映しており、その構成と変動周期に大きな違いを生み出している。その状況の一端は、映像や画像などのイメージングデータから読み取ることができる。例えば、熱水活動域やメタン湧水域など海底下から化学合成微生物群集にエネルギー源が供給される地点では、海底の地形および色彩に特徴があり、加えて大型の底生動物が濃密な群集を形成している。一方、深海平原のように表層から沈降する光合成産物に依存する海底には、大型個体は濃密な群集ではなく散在した分布をしている。

潜水探査機による映像記録から底生生物の分布を調べることは、深海探査の初期から実施されている。探査機のビデオ映像から定量的に生物分布を調べるため、撮影された画面の面積をカメラの焦点や撮影角度などから算出する計算式が考案された（Nakajima et al., 2014）。海底での生物分布の定量調査を自動化するため、レーザー測量による地形データの上に同時記録した画像を貼り付けてハビタットマップを作成する装置が開発されている（Thornton et al., 2016）。Fig. 1 に示したように、対象とする生物のサイズに応じた撮影装置を使用し、大型生物は現場観測、微生物は採取した試料の観察によりデータを収集している。

カメラの解像度と性能は、4K / 8K ビデオカメラに代表されるように、飛躍的に向上している。これは単に画素数が増えただけではない。再現できる色調をみると 4k / 8K では 10 億色を超えており、色彩からの情報量が多い映像を記録できる。この精細なイメージデータを使えば、従来のハイビジョンカメラでは識別できない生物の存在と周辺環境の詳細な情報を画像から解析できる。

分析機能が付随したカメラの利用も進んでいる。現場観察型のホログラフィックカメラは、撮影視野が限定されるが、数マイクロメートルの解像度で被写体の 3D イメージを記録することができるため、マリンスノーやプランクトンなどの調査に使われている（Bochdansky et al., 2016）。分光分析ができるハイパースペクトラムカメラは、光学的に物性の違いを識別できることから資源探査や環境調査に普及しており、海洋ではサンゴ礁における被覆度と底質の調査および深海底ではマンガン団塊と生物分布の調査に利用されている（Dumke et al., 2018）。

顕微鏡の視野を持つフローサイトメータは、装置内を

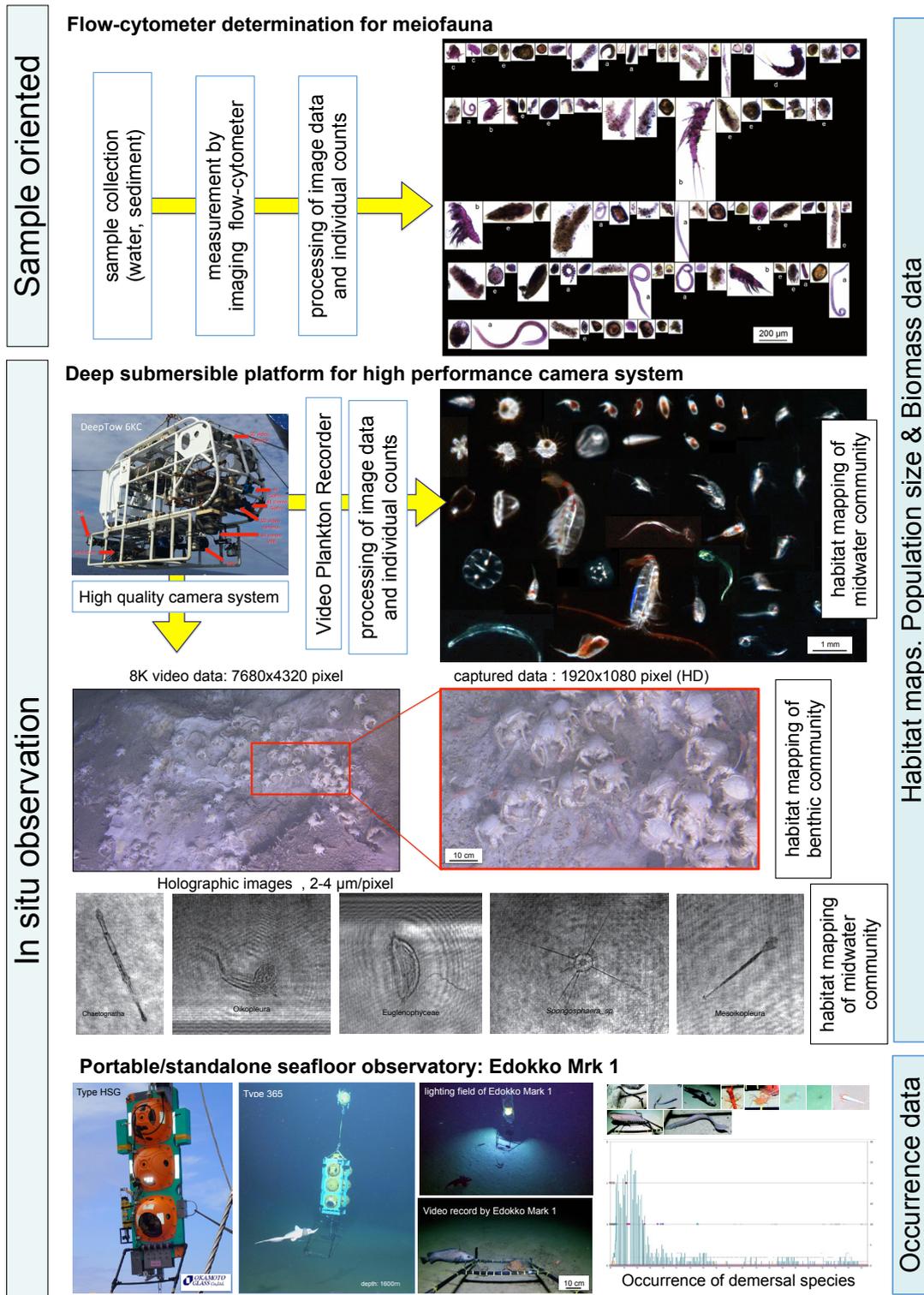


Fig. 1. Framework of biological survey by imaging data.

High resolution imaging data is a powerful tool for morphological classification of community composition, and for measurement of population size by individual counts. The flow-cytometer is a sophisticated tool to measure individual counts and images of microorganisms and meiofauna. The submersible platforms installed with high quality camera, e.g. video plankton recorder, holographic camera, 8K/4K video, provide various information on mid-water and benthic communities, and produce the distribution maps. The seafloor observatory with bite trap is a useful platform for survey of predators and scavengers in demersal community in deep-sea. These image data were recorded on the research cruise, MR17-03C and KM18-07C, on the Okinawa Trough.

通過する流体中の粒子を計測する装置である。医療検査での細胞診断用として1970年代から広く使われてきた機材であるが、環境調査では単細胞生物やウイルスなどの個体数計測、サイズ測定、生理状態の判定に使われている (Winson and Davey 2000; De Corte et al., 2012)。同様の原理で画像を記録するイメージングフローサイトでは、検出部にカメラを装備し、視野を通過した個体の画像を個々に記録する。Fig. 1に示したように、体長1 mm以下のメイオファウナや植物プランクトンなど形態に特徴がある生物の調査に普及している。前処理を改良して堆積物試料に対応する手法が開発されたことで、利用できる試料の種類が拡大された (Kitahashi et al., 2018)。

2.3 深層学習による自動判別

カメラによる調査観測では、イメージングデータが自動的に記録される。この膨大なデータから生物の画像だけを抽出し、形態を識別して分類、各個体の数とサイズ測定などを自動化するための分析用プログラムが開発されてきた。2015年以降になると、支障なく深層学習 (deep-learning) ができるニューラルネットワーク型の人工知能が登場し、生物同定用にも使える実用的な解析プログラムが構築されてきた。海洋生物を対象とした事例では、サンゴ礁に生息する魚類の自動判別 (Salman et al., 2019)、イメージングフローサイトでの植物プランクトンの種類と生活史段階の自動判別 (Dunker et al., 2018; Göröcs et al., 2018)などが実用化されている。また、リモートセンシングの画像から沿岸域の藻場の範囲を自動抽出する手法が開発されている (Yamakita et al., 2019)。

深海環境の生物群集に対しては、深層学習に必要な教

師データがまだ不足している。標本や水槽での撮影画像を使用しても正答率は向上しないため、潜水調査において記録されたビデオ映像のアーカイブから教師データに適した画像を抽出し、生物の自動識別を実現するために必要なデータの蓄積が進められている (Langenkamper et al., 2017; Lindsay et al., 2017; Yamakita et al., 2018; Howell et al., 2019)。

3. 遺伝子データによる解析手法と原理

3.1 遺伝子における中立進化理論と分子時計の応用

遺伝子データを数理統計により解析する方法は、塩基配列が内包する分子時計の原理に基づいて考案されてきた。この分子時計の仮説は1965年にLinus Paulingが提唱したが、これが基礎となり分子進化の理論、分子系統学および集団遺伝学の形成へと結びついた (Zuckerkanndl, 1987)。

遺伝子の塩基配列データを比較すると、酵素活性などの発現形質には差がないにも関わらず、同種の同じ遺伝子において塩基配列の一部に塩基置換が生じていることがある (Fig. 2)。遺伝子の塩基配列に生じた変異の全てが生理生態に関わる機能の変化を伴うとはかぎらない。このような分子レベルでの変異には、「自然選択」(Darwin and Wallace, 1858)による淘汰現象と無関係に発生する変異がある、という意味から中立の変異による分子進化と呼ばれている。この塩基置換の現象は遺伝子複製の過程において一定の確率で発生し、その結果が中立的であれば、何事もなく子孫に受け継がれ、世代を経るごとに同

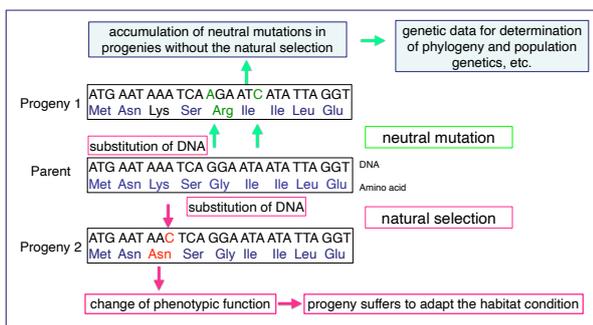


Fig. 2. Principal of neutral mutation and natural selection.

The neutral mutation by DNA substitution occurs with a certain frequency, some of them are free from the natural selection, and accumulates from generation to generation. These substitutions produce the taxon specific signature in the genomic sequences. In case of Progeny #2, the DNA substitution alters amino acid sequence at the position of negative effect of protein structure. The natural selection is capable of affecting the phenotypic function and decide the fate of progeny.

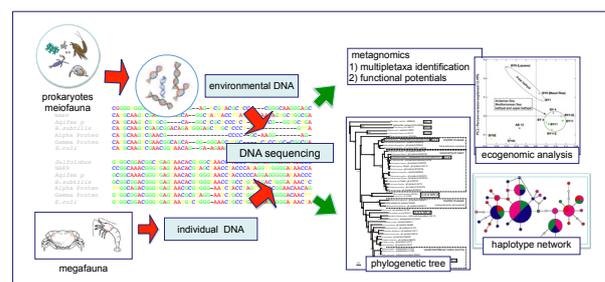


Fig. 3. General procedure to determine genetic information.

The microorganisms and meiofauna require the sample-oriented procedure. The environmental DNA extracted from water or sediment samples contains various genetic information of virus, bacteria, archaea, protista, meiofauna, and even clue of megafauna trajectory. The sequence data are used to reveal phylogenetic tree, network image of genetic connectivity, ecological relativity. Metagenomics is commonly used for multiple-taxa identification, and for classification of physiological and ecological functions in whole community members.

様の塩基置換が蓄積される。一方、アミノ酸配列の変異がタンパク質の機能に及ぶと、多くの場合には環境への適応に失敗して子孫を残せない系統が発生する確率が高いと考えられている。この中立的変異による塩基配列の相違をもとに系統間の近縁関係を数値として示し、さらには系統進化の序列を推定する理論が考案された (Kimura, 1977; 1991)。ただし、計算誤差が大きい遺伝子の分子時計では系統分岐の年代を確定することが難しいため、化石証拠に基づいた系統分岐の年代から補正する必要がある。

短い時間単位での集団の移動と定着にも中立的変異の原理を応用して軌跡をたどることができる。これに使われているのが集団遺伝学の研究において合祖理論 (coalescent theory) と呼ばれる解析手法である (Kimura, 1969; Kingman, 1982)。この理論を応用すると、集団間での遺伝的交流 (genetic connectivity) の関係から故郷から移住先への経路を推定することができる。これについては後段にて解説する。

3.2 生物の分類と同定

生物群集の構成を比較するために使われている分類学上の基本単位が「種」である。微生物から大型生物まで多種多様な種類が混在している群集の構成を「種」の単位で同定する作業には、分類学の専門家による形態測定と生理生態の観察と結果判定に多大な手間を必要としていた。現在は、遺伝子情報を基準にした調査プロトコルにより遺伝子系統、遺伝子交流、環境メタゲノムなどの解析が目的に応じて実施される (Fig.3)。

1990年代において遺伝子のDNA塩基配列のシーケンス技術が格段に進歩し、技術の普及とともに国際的なデータベースのネットワークが構築された。それまで形態や生理生態を基礎データとしてきた分類体系は、遺伝子の塩基配列を基礎データとする分子系統により記載され、分子進化の原理に基づいた系統による体系へと大きく再編された。生物全体を俯瞰した分子系統の分類体系では、全ての生物群に存在して生存に不可欠な役割を持つ遺伝子 (housekeeping genes) が使われた。広く使われているのがリボソームRNA遺伝子である。これらの塩基配列を基礎データとして収集し、相同性を解析して系統分岐を決定し、その分子系統をもとに進化序列に則した分類体系が提案されてきた (Kimura and Ohta, 1973; Hori, 1976; Woose, 2000; Cavalier-Smith and Chao, 2003)。

遺伝子による分類体系が確立すると、種の同定には種特異的な塩基配列が使われ、新たな同定法が開発された。この遺伝子による生物同定を簡便な手法にしたのが遺伝子増幅法 (polymerase chain reaction : PCR) である。温泉に生息する好熱性バクテリアから抽出した耐熱性DNA合成酵素を利用するPCR法が確立すると (Saiki et al, 1988), 種に特異的な遺伝子のDNA配列だけを増幅

検出して生物種を同定する手法が考案され、機器が普及すると標準法として確立した。さらに、塩基配列を読み出すシーケンス技術の改良により迅速かつ簡便・安価にゲノムレベルでの遺伝子解析が実施できるようになると、分類体系の「種」だけでなく生理生態の「機能」に基づく識別が可能になり、調査研究においても分類同定と生理生態を解析する基礎情報が個体から遺伝子型の利用へと移行している (Walter et al., 2017)。シーケンスの技術は改良が続いており、携帯型シーケンサー (例えば, NanoPore) が開発されたことで、調査現場において遺伝子の解析が可能となり、迅速性と簡便性は一段と進歩している。

次なる転換点は、環境メタゲノムの技術である。大型生物では個々の細胞や個体からDNAを抽出して解析している。微生物などでは個々の細胞や個体を分離することが難しい。そこで水や堆積物などに含まれる全生物から抽出した環境DNAあるいは環境RNAの塩基配列を分析する環境メタゲノムが開発された。この方法では、すべての塩基配列を読み出した後に混在する個々の生物種の情報をそれぞれに識別して解析する (Xu 2006; Takami et al., 2016; Gojobori et al., 2019)。この環境メタゲノムの手法が普及したことで、自然環境から特異的な塩基配列だけで存在が確認される未記載の新種が数多く発見され始めた。特に、微生物群集の構成を調べた事例からは、無名の微生物が普遍的に分布するという結果が次々と報告された (DeLong et al., 2006; Labadie et al., 2015; Walter et al., 2017)。この新種候補の大量出現の状況に対して、分類学の命名規約にもとづいた「種」の登録作業は追いつかない状況にある。このため分類名を使用せずに遺伝子の特異配列を識別子として生物群集の多様性を比較する手法 (reverse taxonomy) が原核生物および単細胞の真核生物および体長1 mm以下の動物 (meiofauna) などで使われ始めた (Markmann and Tautz, 2005; Janssen et al., 2015)。海洋環境でのメタゲノムについては、試料採取からデータ解析までの基本プロトコルが取りまとめられ、調査研究では標準法として普及している (Gojobori et al., 2019)。

遺伝子解析の試料ではDNAとRNAが使われているが、解析結果に違いが生じることに留意する必要がある。これは技術上の問題ではなく、情報高分子としての役割と寿命が違うことから生じる現象である。DNAは遺伝子の基本設計図として保存性が高く、細胞が死んでも長期に残存する。RNAは細胞内でのタンパク合成での情報伝達に関わり、役割を終えると速やかに分解されてしまう。この性質から、RNAで解析した場合には活発に活動している細胞が優占し、DNAでは不活発な細胞あるいは生息していた痕跡を含む結果が得られる。この原理を理解したうえで分析結果を解析して評価しなければならない。

3.3 生物群集の遺伝的交流の解析

離れた生息地の同種の群集を比較して、どちらが祖先であるかを判定するために遺伝子の塩基配列データを利用することができる。この解析手法では、生物分散と定着に関わる現象を調べる事ができる。

大型生物の遺伝的交流を調べる指標には母系遺伝をするミトコンドリアの遺伝子が広く採用されている。母系からの家系だけを辿ることで地域集団がもつ遺伝的交流の履歴を単純化して分析することができる。群集での変異頻度は独特な図式 (haplotype network) により可視化している (Fig. 3)。日本周辺の深海生物群集での遺伝的交流を調べた事例では、複数の熱水活動域に生息する甲殻類や貝類の群集には遺伝的交流が認められ、その生息分布には生息地間の距離と水深が影響している傾向が見られたと報告されている (Watanabe et al., 2005; 2019)。

遺伝的交流の検証では、複数の解析パッケージ (MIGRANT, BEAST 2 など) が既に普及しており (Beerli and Palczewski, 2010; Bouckaert et al., 2014), 多くの研究事例および環境保全の検討に使われている。ただし、モンテカルロ法やベイズ理論による解析であり、あくまでも群集間での遺伝的交流の頻度を推定したにすぎない。この推定結果を裏付けるためには、生物分散と定着を駆動する海洋の物理過程を調べる必要がある。これについては後段にて解説する。

4. モデルとシミュレーションによる解析

4.1 生物分布の推定

深海における生物分布の調査は、海況と探査機の利用時間に依存するため、広域での調査データを十分には収集できないことが多い。調査航海の予算限界を超えることは難しいので、このデータ不足を補完するため、ハビタットマップ上にデータを重ね合わせて生息する可能性がある地域の推定をしている。基本的な手法では、水深、海底地形、底質などの広域で収集できる海底環境の物理化学条件を代替指標 (surrogate variables) にして、測線あるいは代表点での生物分布データとの相関性をもとにして潜在的な生息地を推定する。この方法は、サンゴ礁から深海平原まで多くの調査研究において利用されてきた (McArthur et al., 2010; Brown et al., 2011; Harris and Baker, 2012)。

確率統計を利用する分布推定モデルでは、一般化線形モデル、一般化加法モデル、階層ベイズモデルおよび Random Forest などの機械学習を含む複数のアルゴリズムが使われている。モデルの特徴により推定の精度に違いが現れることから、目的に応じた選択が必要である (Vierod et al., 2014; Kenchington et al., 2019)。便利な方法ではあるが、対象となる生物種の在 / 不在データの充足、付随する環境データの精度などが推定の信頼度に影響す

ることを考慮して利用すべきである (石濱, 2017)。

この分布推定モデルは、海洋の生物資源管理を目的とした調査研究において使われている。深海の事例では、冷水性サンゴの生息域を保全することを目指した調査研究において利用されている (Leverette and Metaxas, 2005, Rooper et al., 2017; Lauria et al., 2017)。また深海熱水活動域での生物分布推定にも応用できることが実証されている (Takeuchi et al., 2019)。海底鉱物資源開発での環境影響評価を想定した場合では、重点調査地の選択および保護区設定を目的とした事前調査において有用な手法である。

4.2 生物の分散と定着の再現

分散と定着による遺伝的交流の蓋然性は、前段で示した集団遺伝学的手法により推定することができる。この推定結果を確定するためには、生物の移動あるいは卵と幼生が輸送される経路の確認、さらには生物が持つ移動と生残での潜在的な能力などのデータが必要である。深海でも孤立性が高い生息環境である海山や熱水活動域などの生物群集については、移動における生理生態と生残能力が移住の成否を決める大きな要因になる (Yahagi et al., 2017; Watanabe et al., 2016)。しかし、実験室にて飼育して生理機能を確認できた深海生物はまだわずかであり、深海での分散と定着の推定では、遺伝的交流と輸送経路からの解析に大きく依存している状況である。

移動経路を作り出す深層での海水流動の速度と方向は、アルゴフロートによる観測データからシミュレーションによりパターンを再現することができる。この流れの中で深海熱水活動域の定点より粒子を流し、離れた熱水域に分散して定着できる頻度を検証した研究では、遺伝子交流での推定を裏付ける結果が確認されている (Mitarai et al., 2016)。この分散と定着の蓋然性の検証から、定着後の生物群集の復元力 (resilience) を推定するモデルを開発し、絶滅から回復に要する年数予測をするシミュレーションの手法が開発されている (Suzuki et al., 2018)。

生物分散のシミュレーションは、保全策の設計において適正な保護区の範囲を決めるために不可欠な分散可能な距離の情報を提供することができる。例えば、海底鉱物資源の開発前に保護の候補区と採掘作業区の割り当てを設計することができれば、事前調査において的確な環境調査を実施して設計の適正を確認することができる。さらに生物群集が回復に要する年数を予測することで、効果的な影響緩和と環境保全を考量した採掘計画の立案に有用な情報を提供できる。

5. 環境モニタリング

海洋の自然環境を構成する海水(水質、流向流速など)、海底(底質、地形)、生物(種類、生息分布など)、生態

系（光合成生態系, 化学合成生態系, 海山生態系など）は、環境変動のモニタリングに欠かせない項目である。これらのうち、幾つかは全球レベルで長期にモニタリングされている。海洋表層は衛星リモートセンシング、海中ではアルゴフロートのネットワークが自動観測を続けている。これらにより、全海洋の光合成生産、水温、塩分、海流などの状況がリアルタイムにモニタリングされている。しかし、資源開発でのモニタリングでは、全球レベルのモニタリングでは平均化されて見えない局所的な変動の確認が必要になる。

鉱物資源採掘に伴う環境攪乱が発生している地点は狭いが、そこから懸濁物が拡散することで影響が広がる。この影響をモニタリングする機材として、様々なプラットフォームの使用が検討されている。例えば、データの即時性を求める場合では、海底に敷設したケーブルを利用して電力供給とデータ通信ができる観測システムが有用である（Kawaguchi et al., 2015）。一方、電池駆動型のランダーや係留系は、自己記録式であるためデータの即時性は失われるが、広域に複数のモニタリングサイトを展開した多点観測が可能である。

日本では Fig. 1 に示すように、ガラス球に観測用カメラを内蔵した海底観測プラットフォーム「江戸っ子1号」を深海鉱物資源開発に対応できるように改良し（Miwa et al., 2016）、さらにその基本技術を応用し、機能の拡張と長期観測を可能にした新たなプラットフォームを製作している（Choi et al., 2018）。この海底観測プラットフォームは、国内企業が製造販売しており、国内での海底鉱物資源開発プロジェクトに採用された。さらに国際海底機構（International Seabed Authority: ISA）では、海底鉱物資源開発における海底モニタリングの推奨機材として展示されている。

資源開発では、事故による汚染のモニタリングが不可欠である。石油・天然ガスでは掘削井戸とパイプラインなどの破損に伴う漏洩が原因になるため設備の安全性を重視している。海底鉱物資源では、溶出した金属成分による生物への影響が懸念事項であるため、採掘母船への揚鉦と排水処理に伴う漏洩が汚染の原因になると想定している。深海底の条件では安定な状態であるが船上での温度上昇と酸化的条件下では金属成分が溶出しやすくなることから、母船からの汚染モニタリングの手法が必要と考えられた（Fuchida et al., 2018）。

特定の元素に特化する化学センサーあるいは化学分析は高感度の検出に優れているが、複数の元素や化合物による生物活動の阻害を検出することが難しい。これを解決したのが、海洋の光合成活動を指標にした洋上バイオアッセイ法である（Yamagishi et al., 2018）。船上環境でも簡便に検査ができる小型の機器を開発し、光合成を指標にすることで最短で数時間の内に反応阻害を検知することができる。船上という環境で汚染事故を迅速に検知し

て適切な管理をするために判断をする、という目的に適した手法である。さらに、船上での光合成活動の常時観測と洋上バイオアッセイを組み合わせ、効率よく汚染モニタリングができるシステムの開発が進められている（河地ほか, 2019）。

環境メタゲノムにより読み出した遺伝子情報を利用して環境ストレスに対する影響を評価する解析手法が沿岸域での汚染調査に利用されている（Xie et al., 2017）。定期的に試料を採取して環境メタゲノムにより群集の構成と生理生態の機能をモニタリングすることは、シーケンス機器の小型化と低コスト化により実現可能な段階にある。現在不足しているのは比較参照用のゲノム情報である。遺伝子を同定するための参照用データベースに海洋生物の遺伝子情報が蓄積されると、深海を含む海洋環境全般へと応用は広がるものと考えられる。

海中音響を利用した生物調査は大型鯨類では広く普及しているが、さらに生物多様性にまで応用することが考えられている。海洋に広く分布する生物の存在を音響によりモニタリングできれば、カメラ観察よりも広域のデータ収集が可能になる。既に、海中で録音した音響のスペクトラム分析から生物固有の波長を同定し、沿岸域での生物多様性を解析する手法が開発されている（Harris et al., 2016）。生物音響の調査は、海底設置の観測プラットフォームに加えて自律型無人探査機などの移動体を活用すれば、海洋全体のネットワークによる生物多様性モニタリングが可能になると考えられている（Howe et al., 2019）。その実現に向けては、生物音響を同定する参照データの蓄積が課題である。

6. おわりに

本稿では、新たな技術の導入が進んでいるイメージングデータおよび遺伝子データについて、背景にある技術と原理を解説した。今後において重要な技術になる海洋モニタリングでの可能性についても少し言及した。海洋の調査観測およびデータ解析の手法は、持続的な海洋環境の利用、環境管理、環境影響評価の適正な運用に不可欠である。国際海底機構やBBNJ（marine Biological diversity Beyond areas of National Jurisdiction）会議などの国連機関を中心に海洋環境の保全管理と影響評価の基準と規則に関する法的拘束力のある文書の作成について議論が続いている。これらの国際標準となる規則と整合した環境管理計画を適切に運用するためには、国際標準として認知された調査観測の技術と手法を導入するべきである。すでに、いくつかの手法は国際規格として標準化も進んでいる。その一方において、科学技術の進歩と新たな知見の蓄積は、より優れた機器と手法を生み出している。新たな技術と手法の導入は、より適切な環境管理の運用と持続的な海洋環境と資源の利用を牽引する。同時

にその原理と基本技術を理解し、過去に収集したデータとの比較検証および評価における国際基準との整合性を支障なく取ることが必要である。本稿での解説が海洋調査観測における新たな技術展開の一助となれば幸いである。

謝辞

本稿の内容には SIP 第 1 期の次世代海底資源調査技術プロジェクトにおける成果が含まれています。プロジェクトに関係した海洋研究開発機構、国立環境研究所、東京海洋大学、横浜国立大学および海洋調査協会に所属する専門家の尽力と協働が本稿の背景にあることを最後に記します。

参考文献

- Beerli, P. and Palczewski, M. (2010): Unified framework to evaluate panmixia and migration direction among multiple sampling locations. *Genetics*, **185**, 313–326.
- Bochdansky, A.B., Clouse, M.A. and Herndl, G.J. (2016): Dragon kings of the deep sea: marine particles deviate markedly from the common number-size spectrum. *Sci. Rep.*, **6**, 22633, doi: 10.1038/srep22633.
- Boswarva, K., Butters, A., Fox, C.J., Howe, J.A. and Narayanaswamy, B. (2018): Improving marine habitat mapping using high-resolution acoustic data; a predictive habitat map for the Firth of Lorn, Scotland. *Cont. Shelf Res.*, **168**, 39–47, doi: 10.1016/j.csr.2018.09.005.
- Bouckaert, R., Heled, J., Kuhnert, D., Vaughan, T., Wu, C.H., Xie, D., Suchard, M.A., Rambaut, A. and Drummond, A.J. (2014): BEAST 2: a software platform for Bayesian evolutionary analysis. *PLoS Comput. Biol.*, **10**, e1003537, doi: 10.1371/journal.pcbi.1003537.
- Brown, C.J., Smith, S.J., Lawton, P. and Anderson, J.T. (2011): Benthic habitat mapping: A review of progress towards improved understanding of the spatial ecology of the seafloor using acoustic techniques. *Estuar. Coast. Shelf Sci.*, **92**, 502–520, doi: 10.1016/j.ecss.2011.02.007.
- Cavalier-Smith, T. and Chao, E.E. (2003): Phylogeny of choanozoa, apusozoa, and other protozoa and early eukaryote megaevolution. *J. Mol. Evol.*, **56**, 540–563, doi: 10.1007/s00239-002-2424-z.
- Choi, J.-K., Fukuba, T., Yamamoto, H., Furushima, Y., Miwa, T. and Kawaguchi, K. (2018): Pinpoint and Safe Installation of a Standalone Seafloor Observatory, Techno-Oceans IEEE, Kobe.
- Cogan, C.B., Todd, B.J., Lawton, P. and Noji, T.T. (2009): The role of marine habitat mapping in ecosystem-based management. *ICES JMS.*, **66**, 2033–2042, doi: 10.1093/icesjms/fsp214.
- Darwin, C.R. and Wallace, A.R. (1858): On the Tendency of Species to form Varieties; and on the Perpetuation of Varieties and Species by Natural Means of Selection. *Zool. J. Linn. Soc.*, **3**, 45–62, doi: org/10.1111/j.1096-3642.1858.tb02500.x.
- De Corte, D., Sintes, E., Yokokawa, T., Reinthaler, T. and Herndl, G.J. (2012): Links between viruses and prokaryotes throughout the water column along a North Atlantic latitudinal transect. *ISME J.*, **6**, 1566–1577, doi: 10.1038/ismej.2011.214.
- DeLong, E.F., Preston, C.M., Mincer, T., Rich, V., Hallam, S.J., Frigaard, N.-U., Martinez, A., Sullivan, M.B., Edwards, R., Brito, B.R., Chisholm, S.W. and Karl, D.M. (2006): Community genomics among stratified microbial assemblages in the ocean's interior. *Science*, **311**, 496–503.
- Dumke, I., Purser, A., Marcon, Y., Nornes, S.M., Johnsen, G., Ludvigsen, M. and Soreide, F. (2018): Underwater hyperspectral imaging as an in situ taxonomic tool for deep-sea megafauna. *Sci. Rep.*, **8**, 12860, doi: 10.1038/s41598-018-31261-4.
- Dunker, S., Boho, D., Waldchen, J. and Mader, P. (2018): Combining high-throughput imaging flow cytometry and deep learning for efficient species and life-cycle stage identification of phytoplankton. *BMC Ecol.*, **18**, 51, doi: 10.1186/s12898-018-0209-5.
- Fuchida, S., Ishibashi, J.I., Shimada, K., Nozaki, T., Kumagai, H., Kawachi, M., Matsushita, Y. and Koshikawa, H. (2018): Onboard experiment investigating metal leaching of fresh hydrothermal sulfide cores into seawater. *Geochem Trans.*, **19**, 15, doi: 10.1186/s12932-018-0060-9.
- Gojobori, T., Wada, T., Kobayashi, T. and Mineta, K. (2019): Marine Metagenomics. Springer Nature Singapore Pte Ltd., Singapore, pp. 1–271. doi: 10.1007/978-981-13-8134-8.
- Göröcs, Z., Tamamitsu, M., Bianco, V., Wolf, P., Roy, S., Shindo, K., Yanny, K., Wu, Y., Koydemir, H.C., Rivenson, Y. and Ozcan, A. (2018): A deep learning-enabled portable imaging flow cytometer for cost-effective, high-throughput, and label-free analysis of natural water samples. *Light Sci Appl.*, **7**, 66, doi: 10.1038/s41377-018-0067-0.
- Harris, S.A., Shears, N.T., Radford, C.A. and Reynolds, J. (2016): Ecoacoustic indices as proxies for biodiversity on temperate reefs. *Methods Ecol. Evol.*, **7**, 713–724, doi: 10.1111/2041-210x.12527.
- Harris, P.T. and Baker, E.K. (2012): Seafloor Geomorphology as Benthic Habitat, GeoHAB Atlas of seafloor Geomorphic Features and Benthic Habitats Elsevier, pp. xxvii–xxix.
- Hori, H. (1976): Molecular evolution on 5S RNA. *Molec. gen. Genet.*, **145**, 119–123.
- Howe, B.M., Miksis-Olds, J., Rehm, E., Sagen, H., Worcester, P.F. and Haralabus, G. (2019): Observing the Oceans Acoustically. *Front. Mar. Sci.*, **6**, doi: 10.3389/fmars.2019.00426.
- Howell, K.L., Davies, J.S., Allcock, A.L., Braga-Henriques, A., Buhl-Mortensen, P., Carreiro-Silva, M., Dominguez-Carrió, C., Durden, J.M., Foster, N.L., Game, C.A., Hitchin, B., Horton, T., Hosking, B., Jones, D.O.B., Mah, C., Marchais, C.L., Menot, L., Morato, T., Pearman, T.R.R., Piechaud, N., Ross, R.E., Ruhl, H.A., Saeedi, H., Stefanoudis, P.V., Taranto, G.H., Thompson, M.B., Taylor, J.R., Tyler, P., Vad, J., Victorero, L., Vieira, R.P., Woodall, L.C., Xavier, J.R. and Wagner, D. (2019): A framework for the development of a global standardised marine taxon reference image database (SMarTaR-ID) to support image-based analyses. *bioRxiv*, doi: 10.1101/670786.
- 石濱史子 (2017): 標本情報等の分布推定への活用とその実際 :

- バイアスの除去から精度評価まで. 保全生態学研究, **22**, 21-40.
- Janssen, A., Kaiser, S., Meissner, K., Brenke, N., Menot, L. and Martinez Arbizu, P. (2015): A reverse taxonomic approach to assess macrofaunal distribution patterns in abyssal Pacific polymetallic nodule fields. *PLoS One*, **10**, e0117790, doi: 10.1371/journal.pone.0117790.
- 片谷教孝 (2016): アセス審査とフォローアップ. 環境アセスメント学会誌, **14**, 40-44.
- 河地正伸・越川 海・山本裕史 (2019): うみの見張り番-植物プランクトンを使った海洋開発現場の水質監視. 環境儀, **72**, 2-13.
- Kawaguchi, K., Kaneko, S., Nishida, T. and Komine, T. (2015): Construction of the DONET real-time seafloor observatory for earthquakes and tsunami monitoring. In: SEAFLOOR OBSERVATORIES: A New Vision of the Earth from the Abyss. Springer Berlin Heidelberg, Berlin, Heidelberg, pp. 211-228.
- Kenchington, E., Callery, O., Davidson, F., Grehan, A., Morato, T., Appiott, J., Davis, A., Dunstan, P., Du Preez, C., Finney, J., González-Irusta, J.M., Howell, K., Knudby, A., Lacharité, M., Lee, J., Murillo, F.J., Beazley, L., Roberts, J.M., Roberts, M., Rooper, C., Rowden, A., Rubidge, E., Stanley, R., Stirling, D., Tanaka, K.R., Vanhatalo, J., Weigel, B., Woolley, S. and Yesson, C. (2019): Use of Species Distribution Modeling in the Deep Sea, Canadian Technical Report of Fisheries and Aquatic Sciences, p. ix+76p.
- Kimura, M. (1969): The rate of molecular evolution considered from the standpoint of population genetics. *PNAS*, **63**, 1181-1188.
- Kimura, M. (1977): Prepondance of synonymous changes as evidence for the neutral theory of molecular evolution. *Nature*, **267**, 275-276.
- Kimura, M. (1991): The neutral theory of molecular evolution: a review of recent evidence. *Jpn. J. Genet.*, **66**, 367-387.
- Kimura, M. and Ohta, T. (1973): Eukaryotes-Prokaryotes divergence estimated by 5S ribosomal RNA sequences. *Nature*, **243**, 199-200.
- Kingman, J.F.C. (1982): The coalescent. *Stoch. Process. Their Appl.*, **13**, 235-248.
- Kitahashi, T., Watanabe, H.K., Tsuchiya, M., Yamamoto, H. and Yamamoto, H. (2018): A new method for acquiring images of meiobenthic images using the FlowCAM. *MethodsX*, **5**, 1330-1335, doi: 10.1016/j.mex.2018.10.012.
- Kumagai, H., Tsukioka, S., Yamamoto, H., Tsuji, T., Shitashima, K., Asada, M., Yamamoto, F. and Kinoshita, M. (2010): Hydrothermal plumes imaged by high-resolution side-scan sonar on a cruising AUV, Urashima. *Geochemistry, Geophysics, Geosystems*, **11**, n/a-n/a, doi: 10.1029/2010gc003337.
- Labadie, K., Salazar, G., Djahanschiri, B., Zeller, G., Mende, D.R., Alberti, A., Cornejo-Castillo, F.M., Costea, P.I., Cruaud, C., d'Ovidio, F., Engelen, S., Ferrera, I., Gasol, J.M., Guidi, L., Hildebrand, F., Kokoszka, F., Lepoivre, C., Lima-Mendez, G., Poulain, J., Poulos, B.T., Royo-Llonch, M., Sarmento, H., Vieira-Silva, S., Dimier, C.I., Picheral, M., Searson, S., Kandels-Lewis, S., Bowler, C., Colombari de Vargas, S., Gorsky, G., Grimsley, N., Hingamp, P., Iudicone, D., Jaillon, O., Not, F., Ogata, H., Pesant, S., Speich, S., Stemmann, L., Sullivan, M.B., Weissenbach, J., Wincker, P., Karsenti, E., Raes, J., Acinas, S.G. and Bork, P. (2015): Structure and function of the global ocean microbiome. *Science*, **348**.
- Langenkämper, D., Zuerowietz, M., Schoening, T. and Nattkemper, T.W. (2017): BIIGLE 2.0 - Browsing and Annotating Large Marine Image Collections. *Front. Mar. Sci.*, **4**, doi: 10.3389/fmars.2017.00083.
- Lauria, V., Garofalo, G., Fiorentino, F., Massi, D., Milisenda, G., Piraino, S., Russo, T. and Gristina, M. (2017): Species distribution models of two critically endangered deep-sea octocorals reveal fishing impacts on vulnerable marine ecosystems in central Mediterranean Sea. *Sci. Rep.*, **7**, 8049, doi: 10.1038/s41598-017-08386-z.
- Lecours, V., Dolan, M.F.J., Micallef, A. and Lucieer, V.L. (2016): A review of marine geomorphometry, the quantitative study of the seafloor. *20*, 3207-3244, doi: 10.5194/hess-20-3207-2016.
- Leverette, T.L. and Metaxas, A. (2005): Predicting habitat for two species of deep-water coral on the Canadian Atlantic continental shelf and slope. In: Cold-Water Corals and Ecosystems. Erlangen Earth Conference Series (ed. Freiwald, A., Roberts, J.M.). Springer, pp. 467-479.
- Lindsay, D.J., Grossmann, M.M., Bentlage, B., Collins, A.G., Minemizu, R., Hopcroft, R.R., Miyake, H., Hidaka-Umetsu, M. and Nishikawa, J. (2017): The perils of online biogeographic databases: a case study with the 'monospecific' genus *Aegina* (Cnidaria, Hydrozoa, Narcomedusae). *Mar. Bio. Res.*, **13**, 494-512, doi: 10.1080/17451000.2016.1268261.
- Markmann, M. and Tautz, D. (2005): Reverse taxonomy: an approach towards determining the diversity of meiobenthic organisms based on ribosomal RNA signature sequences. *Phil. Trans. R. Soc. B*, **360**, 1917-1924, doi: 10.1098/rstb.2005.1723.
- 増澤 直 (2005): 地生態学を基礎とした環境ベースマップの作成とその活用. 環境技術, **34**, 359-366.
- Mayer, L., Jakobsson, M., Allen, G., Dorschel, B., Falconer, R., Ferrini, V., Lamarche, G., Snaith, H. and Weatherall, P. (2018): The Nippon Foundation-GEBCO Seabed 2030 Project: The Quest to See the World's Oceans Completely Mapped by 2030. *Geosciences*, **8**, 63, doi: 10.3390/geosciences8020063.
- McArthur, M.A., Brooke, B.P., Przeslawski, R., Ryan, D.A., Lucieer, V.L., Nichol, S., McCallum, A.W., Mellin, C., Cresswell, I.D. and Radke, L.C. (2010): On the use of abiotic surrogates to describe marine benthic biodiversity. *Estuar. Coast. Shelf Sci.*, **88**, 21-32, doi: 10.1016/j.ecss.2010.03.003.
- Minami, H. and Ohara, Y. (2017): The Gondou hydrothermal field in the Ryukyu Arc: A huge hydrothermal system on the flank of a caldera volcano. **18**, 3489-3516, doi: 10.1002/10.1002/2017GC006868.
- Mitarai, S., Watanabe, H., Nakajima, Y., Shchepetkin, A.F. and McWilliams, J.C. (2016): Quantifying dispersal from hydrothermal vent fields in the western Pacific Ocean. *PNAS*, **113**, 2976-2981, doi: 10.1073/pnas.1518395113.

- Miwa, T., Iino, Y., Tsuchiya, T., Matsuura, M., Takahashi, H., Katsuragawa, M., Fukuba, T., Furushima, Y., Fukuhara, T., Fukushima, T. and Yamamoto, H. (2016): Underwater Observatory Lander for the Seafloor Ecosystem Monitoring using a Video System, *Techno-Ocean. IEEE, Kobe*, pp. 333-336.
- Nakajima, R., Komuku, T., Yamakita, T., Lindsay, D.J., Jintsu-Uchifune, Y., Watanabe, H., Tanaka, K., Shirayama, Y., Yamamoto, H. and Fujikura, K. (2014): A new method for estimating the area of the seafloor from oblique images taken by deep-sea submersible survey platforms. *JAMSTEC Rep. Res. Dev.*, **19**, 59-66, doi: 10.5918/jamstecr.19.59.
- Rooper, C.N., Zimmermann, M. and Prescott, M.M. (2017): Comparison of modeling methods to predict the spatial distribution of deep-sea coral and sponge in the Gulf of Alaska. *Deep-Sea Res. Part I*, **126**, 148-161, doi: 10.1016/j.dsr.2017.07.002.
- Saiki, R.K., Gelfand, D.H., Stoffel, S., Scharf, S.J., Higuchi, R., Horn, G.T., Mullis, K.B. and Erlich, H.A. (1988): Primer-directed enzymatic amplification of DNA with a thermostable DNA polymerase. *Science*, **239**, 487-491.
- Salman, A., Siddiqui, S.A., Shafait, F., Mian, A., Shortis, M.R., Khurshid, K., Ulges, A., Schwanecke, U. and Beyan, C. (2019): Automatic fish detection in underwater videos by a deep neural network-based hybrid motion learning system. *ICES JMS.*, doi: 10.1093/icesjms/fsz025.
- Suzuki, K., Yoshida, K., Watanabe, H. and Yamamoto, H. (2018): Mapping the resilience of chemosynthetic communities in hydrothermal vent fields. *Sci. Rep.*, **8**, 9364, doi: 10.1038/s41598-018-27596-7.
- 田中 充 (2013): 環境影響評価法の改正における評価と今後の課題. *社会志林*, **60**, 35-58.
- Takami, H., Taniguchi, T., Arai, W., Takemoto, K., Moriya, Y. and Goto, S. (2016): An automated system for evaluation of the potential functionome: MAPLE version 2.1.0. *DNA Res.*, **23**, 467-475. doi: 10.1093/dnares/dsw030.
- Takeuchi, S., Nakajima, R., Yamakita, T., Hoque, R., Miwa, T., Yamamoto, H. and Matsui, T. (2019): Prediction the local-scale spatial distribution of five megafaunal species associated with a deep-sea hydrothermal field in the Okinawa Trough, Japan. *Plankton Benthos Res.*, **14**, 150-160.
- Thornton, B., Bodenmann, A., Pizarro, O., Williams, S.B., Friedman, A., Nakajima, R., Takai, K., Motoki, K., Watsuji, T.-o., Hirayama, H., Matsui, Y., Watanabe, H. and Ura, T. (2016): Biometric assessment of deep-sea vent megabenthic communities using multi-resolution 3D image reconstructions. *Deep-Sea Res. Part I*, **116**, 200-219, doi: 10.1016/j.dsr.2016.08.009.
- Vierod, A.D.T., Guinotte, J.M. and Davies, A.J. (2014): Predicting the distribution of vulnerable marine ecosystems in the deep-sea using presence-background models. *Deep Sea Res. Part II*, **99**, 6-18, doi: 10.1016/j.dsr2.2013.06.010.
- Walter, J.M., Coutinho, F.H., Dutilh, B.E., Swings, J., Thompson, F.L. and Thompson, C.C. (2017): Ecogenomics and Taxonomy of Cyanobacteria Phylum. **8**, 2132, doi: 10.3389/fmicb.2017.02132.
- Watanabe, H., Tsuchida, S., Fujikura, K., Yamamoto, H., Inagaki, F., Kyo, M. and Kojima, S. (2005): Population history associated with hydrothermal vent activity inferred from genetic structure of neoverrucid barnacles around Japan. *Mar. Ecol. Prog. Ser.*, **288**, 233-240.
- Watanabe, H., Yahagi, T., Nagai, Y., Seo, M., Kojima, S., Ishibashi, J.-i., Yamamoto, H., Fujikura, K., Mitarai, S. and Toyofuku, T. (2016): Different thermal preferences for brooding and larval dispersal of two neighboring shrimps in deep-sea hydrothermal vent fields. *Mar. Ecol.*, **37**, 1282-1289, doi: 10.1111/maec.12318.
- Watanabe, H.K., Shigeno, S., Fujikura, K., Matsui, T., Kato, S. and Yamamoto, H. (2019): Faunal composition of deep-sea hydrothermal vent fields on the Izu-Bonin-Mariana Arc, northwestern Pacific. *Deep-Sea Res. Part I*, **149**, 103050, doi: 10.1016/j.dsr.2019.05.010.
- Winson, M.K. and Davey, H.M. (2000): Flow cytometric analysis of microorganisms. *Methods*, **21**, 231-240, doi: 10.1006/meth.2000.1003.
- Woose, C.R. (2000): Interpreting the universal phylogenetic tree. *PNAS*, **97**, 8392-8396.
- Xie, Y., Hong, S., Kim, S., Zhang, X., Yang, J., Giesy, J.P., Wang, T., Lu, Y., Yu, H. and Khim, J.S. (2017): Ecogenomic responses of benthic communities under multiple stressors along the marine and adjacent riverine areas of northern Bohai Sea, China. **172**, 166-174, doi: 10.1016/j.chemosphere.2016.12.121.
- Xu, J. (2006): Microbial ecology in the age of genomics and metagenomics: concepts, tools, and recent advances. *Mol. Ecol.*, **15**, 1713-1731, doi: 10.1111/j.1365-294X.2006.02882.x.
- Yahagi, T., Watanabe, H.K., Kojima, S. and Kano, Y. (2017): Do larvae from deep-sea hydrothermal vents disperse in surface waters? *Ecology*, **98**, 1524-1534.
- Yamagishi, T., Fuchida, S., Katsumata, M., Horie, Y., Mori, F., Kitayama, A., Kawachi, M., Koshikawa, H., Nozaki, T., Kumagai, H., Ishibashi, J.I. and Tatarazako, N. (2018): Evaluation of the toxicity of leaches from hydrothermal sulfide deposits by means of a delayed fluorescence-based bioassay with the marine cyanobacterium *Cyanobium* sp. NIES-981. *Ecotoxicology*, **27**, 1303-1309, doi: 10.1007/s10646-018-1989-2.
- Yamakita, T., Sodeyama, F., Whanpetch, N., Watanabe, K. and Nakaoka, M. (2019): Application of deep learning techniques for determining the spatial extent and classification of seagrass beds, Trang, Thailand. *Botanica Marina*, **0**, doi: 10.1515/bot-2018-0017.
- Yamakita, T., Yokooka, H., Fujiwara, Y., Kawato, M., Tsuchida, S., Ishibashi, S., Kurokawa, T. and Fujikura, K. (2018): Image dataset of ophiuroid and other deep sea benthic organisms in 2015 extracted from the survey off Sanriku, Japan, by the research following the Great East Japan Earthquake 2011. *Ecol. Res.*, **33**, 285-285, doi: 10.1007/s11284-018-1571-7.
- Zuckerandl, E. (1987): On the molecular evolutionary clock. *J. Mol. Evol.*, **26**, 34-46.

Survey, monitoring and assessment of marine communities conducted by new technology

Hiroyuki Yamamoto *

ABSTRACT

The ocean has a large capacity for environmental changes. Recent anthropogenic effects overwhelming the marine ecosystems may exceed the capacity and ecological functions to maintain its resilience. To achieve the sustainable development goals on marine environments, the practical environmental management plan which consists of standardized protocols for monitoring and assessment will be necessary. The techniques of environmental impact assessment and monitoring for biota and ecosystems, which have complexity and locality caused by diversity of species and habitats, are indispensable elements to operate the management plan. The advanced techniques, based on the molecular genetics and metagenomics and the fine technology for imaging data, have made progress in the methods of biological/microbiological study and monitoring. The application of advanced techniques will strongly support the operation of management plan and sustainable use of marine resources. It must be indispensable in the consistent environmental management for sustainability to understand the fundamental principles and technologies of advanced methods and ensure the consistency of the existing data and the assessment criteria.

Keywords: Environmental impact assessment, environmental monitoring, imaging data, metagenomics, habitat mapping