

近藤 倫生

龍谷大学理工学部  
教授

環境 DNA 分析に基づく魚類群集の定量モニタリングと生態系評価手法の開発

## § 1. 研究実施体制

### (1) 近藤グループ (龍谷大学)

- ① 研究代表者: 近藤 倫生 (龍谷大学理工学部 教授)
- ② 研究項目
  - ・環境 DNA による特定対象種の検出系の開発
  - ・環境 DNA の回収効率に関する水質条件の検討
  - ・環境 DNA から種間相互作用を検出する技術、および生物定量をおこなう技術の開発

### (2) 源グループ (神戸大学)

- ① 主たる共同研究者: 源 利文 (神戸大学人間発達環境学研究科 特命助教)
- ② 研究項目
  - ・海水からの効率的 DNA 回収法の開発
  - ・特定対象種の高精度 DNA 量評価手法の開発
  - ・環境 DNA の由来に関する研究

### (3) 益田グループ (京都大学)

- ① 主たる共同研究者: 益田 玲爾 (京都大学フィールド科学教育研究センター 准教授)
- ② 研究項目
  - ・生物分布・生物量の定量モニタリング技術
    - フィールド実証実験: 舞鶴湾における目視潜水調査と環境 DNA 量との対応の検証
    - 水槽実験: 水槽内における環境 DNA 量の偏在性の検証
    - 発電所温排水実験: 温排水による局所的温暖化海域における魚類群集の検討

(4) 笠井グループ(北海道大学)

①主たる共同研究者:笠井 亮秀 (北海道大学水産科学研究院 教授)

② 研究項目

- ・環境 DNA を利用したスズキの生物量・分布評価の実証実験
- ・環境 DNA 情報を魚類定量情報へと「翻訳」する技術の開発

(5) 宮グループ(千葉県立中央博物館)

①主たる共同研究者:宮 正樹 (千葉県立中央博物館 動物学研究科長)

② 研究項目

- ・次世代シーケンサを用いた環境 DNA 分析法の確立と魚類ミトゲノム全長配列の網羅的決定
- ・魚類ミトゲノムデータベース *MitoFish* の開発・運用

## § 2. 研究実施の概要

### <全体の概要>

本研究では、環境 DNA を活用した、[目標1] 生物分布・生物量の定量モニタリング技術、[目標2] 魚類群集構造の種解像度モニタリング技術、[目標3] 非線形予測を応用した群集動態評価・予測技術の開発を目標としている。これらのうち、目標1・2は分子手法の開発、翻訳技術の開発、実証実験を組み合わせることで推進され、目標3は数理モデルを利用した理論的な研究が主となる。今年度は、個々の目標・課題について、以下の研究を実施した。

<近藤グループ>生物量定量に関わる分子手法の開発に関連して、環境 DNA の水中での分解速度と微生物量および水温の関係性の解析を行った。モデル魚種を用いた飼育実験を行い、環境 DNA の検出や濃度に影響する要因について検証した。また、時系列データから種間相互作用を検出する理論的手法を完成させた。さらに、種間相互作用の検出のみならず、生物群集の挙動の安定性の評価や将来予測も可能となるように理論を拡張させた。時系列解析に適するデータを取得するために、環境 DNA 分析技術の改良を行った。

<源グループ>前年度に実施した舞鶴湾における魚探による生物量推定データと環境 DNA データの統計解析を行い、マアジの環境 DNA 量が多い箇所ほど生物量も多いという傾向や、環境 DNA が半径 150m 以内の魚類バイオマスをもっとも良く反映していることなどを明らかにした (Yamamoto et al. 2016, *PLOS ONE*)。また、環境 DNA 分析における時間情報の付与、環境 DNA 定量手法の精緻化、サケマス孵化場での定量実験、種解像度分析系の最適化などを行った。

<益田グループ>舞鶴湾には分布しないシマアジを生簀に收容して栈橋に設置し、ここから 1~1000m の地点での採水を行うことにより、DNA の分散に関する基礎情報を得た。分析した 1539 試

料のうち 105 検体からシマアジの DNA を検出し、そのうち 95 検体は生簀から 30m 以内の地点であった。生簀を除去して 1 時間後にも DNA が検出されたが、2 時間後以降は検出されなかった。以上から海洋の環境 DNA は、対象生物が 1 時間以内に採水地点から 30m 以内にいた場合を主に反映すると考えられた。

<笠井グループ>「丹後海スズキ実験」として、環境 DNA を利用したスズキの生物量・分布評価の実証実験をおこなった。丹後海において、地曳網によりスズキ稚魚を採集するとともに、環境水を採集し、水中に含まれるスズキの DNA 量を分析した。スズキ稚魚密度と環境 DNA 量の間には正の相関がみられた。

また、「翻訳技術の開発」に関連して、環境 DNA 情報を魚類定量情報へと「翻訳」する技術の開発に必要なシミュレーションを行った。その結果、舞鶴湾の海洋環境を概ね再現することができた。

<宮グループ>環境 DNA から多数の魚種を同時に検出する実験系（メタバーコーディング法）を確立した。種組成がわかっている水族館の水槽を用いてその性能試験を行ったところ、水族館では 9 割以上の魚種の検出に成功した（Miya et al. 2015）。この手法の検出精度をさらに高めるために、種々の実験条件（アニーリング温度や PCR の繰り返し数）を検討すると同時に、天然海水でも適用できる大量ろ過法など新たなサンプリング法や実験系の確立を試みた。