

明日への トビラ

Vol. 16

バケツ一杯の水で海洋生物の 量や種類を知る

資源管理や生物多様性の保全を目指す

湖水や海水中には、魚の体内から放出された DNA が大量に存在している。バケツ一杯の水を採って DNA を分析すれば、魚を捕獲しなくともどんな種類の魚がどのくらいいるのかわかるはず。龍谷大学理工学部の近藤倫生教授らは、環境 DNA と数理モデルを組み合わせることで水中の魚の種類と量を予測する研究を進めている。“水どころ”から“魚どころ”をつかもうとの斬新な手法は、水産資源の適切な管理や、生物多様性の保全にも使えそうだ。



ろ紙の茶色いところが、採取した水をフィルターでこして取り出したもの。抽出物を集めて分析し、環境DNAを調べる。



水産資源を数理モデルで予測する

魚の体からは、粘液や糞などとともにDNAが水中に放出されている。ほかの生き物でも同じで、水中にはさまざまな生物のDNAが大量に混ざっている。それらをまとめて「環境DNA」と呼ぶ。これまでは微生物の検出に利用されてきたが、数年前から両生類や魚類といった大きな生物の調査にも応用されるようになってきた。

近藤さんらは、2009年より水中の魚をモニタリングする技術を開発している。環境DNAデータなどをもとに数理モデルをつくり、そこから実際の魚の生息量などを導き出す。そこで2012年から京都府の若狭湾南西部にある舞鶴湾をフィールドに調査・研究を始めた。

現在の技術では、水中にすむ魚の種類や量を知るためには、サンプルとして魚を実際に捕まえる必要がある。これには非常に労力が必要で時間もかかる。環境DNAを使ったモニタリングが可能になれば、魚を捕らなくとも水を採取してくるだけで、どんな種類の魚がどのくらいいるのかわかる。

研究のターゲットは3つある。まず1つ目は、水産資源となる魚の量を知ること。「有用な魚がどこにどれくらいいるかを簡単に推定する方法を開発したい」という。現状は、水産資源を持続的に利用していくために、魚を捕る場所や時期を限定している。ただし、資源管理がうまくいったかどうかは実際に魚を捕ってみないとわからない。捕った魚の量が果たして魚の生息量を反映しているのかも曖昧だ。モニタリングができれば、「水産資源の管理をもっと確実にできるシステムがつくれるのではないか」と期待している。

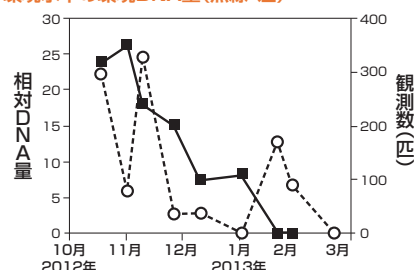
2つ目は、海にすむ魚類の生物多様性を把握すること。希少種や、漁獲が何かと制限される海洋保護区での調査はさまざまな規則や制約があり容易ではない。環境DNAは、いわば魚を直接捕獲しない調査法のため、威力を発揮するようになる。

3つ目は、さまざまな種類の魚の相互関係を調べる。食う食われるの関係（捕食と被食）か、あるいは互いに助け合う関係かなどは、魚の個体数の変動と密接にかかわる重要な情報である。ある種類の魚が何を食べているかを調査するには、多数の個体を捕まえて解剖し、胃の中を詳しく調べなければならない。環境DNAと数理モデルを使えば、魚たち相互の関係がわかるはずだ。



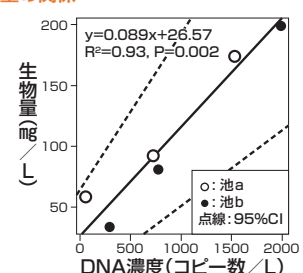
近藤さん(左)と共同研究者で環境DNA分析担当の山中裕樹さん(右)のアドバイスを受ながら作業を進める、スタッフの桜井翔さん。何日にもわたる地道な作業の積み重ねが研究の基本になる。

〈海水域での分析結果〉
舞鶴湾調査地でのマサジの目視観測数(実線:右)と環境水中の環境DNA量(点線:左)

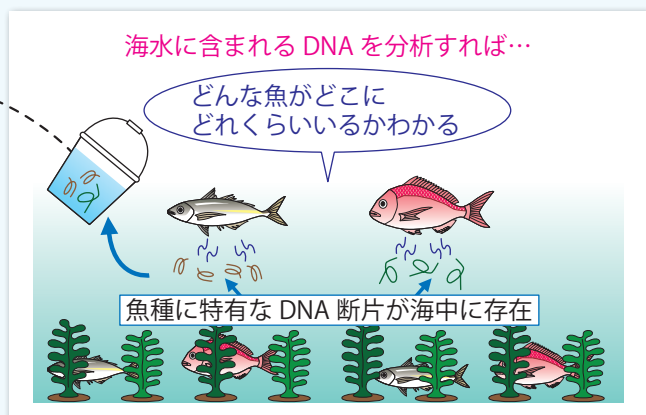


舞鶴湾で潜水調査をし、マサジの目視による観測数が減少するのに従って、環境DNAの量も少なくなっていくことが見てきた。

〈人工池での分析結果〉
淡水域・閉鎖環境におけるコイの環境DNA量と生物量の関係



魚の種類としてコイを特定できた。また、そのDNA量が実際のコイの生物量を反映していることも確認された。(Takahara, et al. 2012の図を改変)



プロジェクトの調査船「緑洋丸」は、京都大学フィールド科学教育研究センター舞鶴水産実験所の所有。
(右)水中に潜って海水を採取することもある。



分子生物学、数学、海洋実験の同時開発を目指す

プロジェクトの最大の課題は、「実際の海で起こっていることを数理モデルを使って表現すること」と説明する。モデルづくりには、大きく分けて2つの方向性があるという。

1つは、魚から海水中へDNAが放出されて分解される過程をすべて取り込んだモデルをつくり、環境DNA量と魚の量を比較することだ。「1個体の魚が1日に放出するDNAの量や、それが分解して拡散していくスピードなど、細かい過程をすべて追いかける必要があります。現在、その作業を行っています」。

もう1つは、途中のプロセスは関係なく、環境DNAの量と魚の量との間の関係性を調べて、そこから推定するやり方だ。魚の生態を観察したり魚群探知機などを使って魚の量を推定しながら環境DNAとの関係性を分析する実験を計画している。このモデルをつくるには海や魚、その関係を詳しく調べなければならない。

また、分子生物学、数学的なモデルづくり、水槽実験や野外実験、海水の動きを扱う物理モデルづくりなどたくさんの技術を同時並行で進めることも、プロジェクトの難しい点だ。通常のプロジェクトでは、メンバーが各自の追求する分野にこだわりすぎてしまい、なかなかまとまらないことがありがちだった。「しかし今回は、世界にさきがけてこの技術をつくるという目標にメンバーが一丸となって向かっています」と、大きな手応えを感じている。



将来は大型魚への応用も

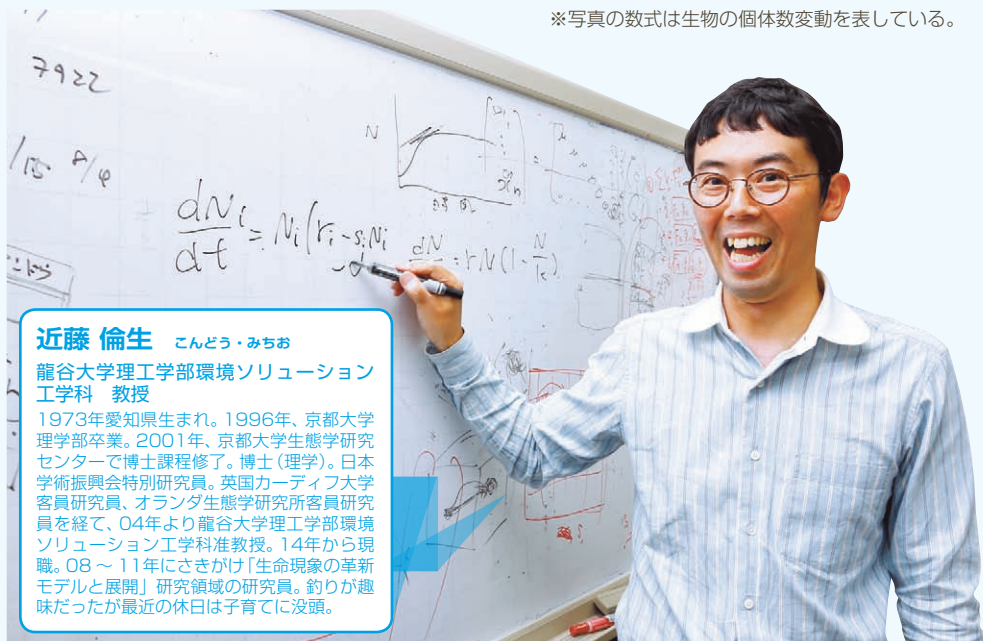
研究グループは、もともと湖沼など淡水域で環境DNAと魚の量の関係について調査していた。しかし、CRESTでの研究対象は湖沼ではなく

海だ。

「何よりも、湖沼などの閉鎖された水系と、開放された海洋とでは難しさが違います。淡水での知見がある程度まとまっていたため、そのまま淡水での研究を続ける選択肢もありました。しかし、やるからには世界に先んじようと、海という大きな目標に挑戦しました」と胸を張る。さらに「海洋生態系の実証研究は理論研究に比べ数十年近く遅れています。ここで突破口が開けられれば、活用できることはたくさんあります」と続ける。

いまはマアジなど一部の小、中型魚で調査している。うまくいけば、将来はマグロなどの大型魚のほか、イルカなど哺乳類へ応用できる可能性が開けてくる。

舞鶴湾で実際に海水のデータを取り始めてから1年あまりが経過した。基礎的な調査を着実に進めていけば、「先はまだ長い、必ずや実現する。うまくいくに違いない」と信じている。少しくらい失敗があっても、別の方法でやれば何とかできるだろうと考えるようにしているという。「楽観的なことが研究を進める上で最も重要だと思っています」と語る近藤さんに迷いはない。



※写真の数式は生物の個体数変動を表している。

近藤 倫生 こんどう・みちお

龍谷大学理工学部環境ソリューション工学科 教授

1973年愛知県生まれ。1996年、京都大学理学部卒業。2001年、京都大学生態学センターで博士課程修了。博士(理学)。日本学術振興会特別研究員。英国カーディフ大学客員研究員、オランダ生態学研究所客員研究員を経て、04年より龍谷大学理工学部環境ソリューション工学科准教授。14年から現職。08～11年にさきがけ「生命現象の革新モデルと展開」研究領域の研究員。釣りが趣味だったが最近の休日は子育てに没頭。