

1リットルの水で読み解く魚の生態

私たちを取り巻く環境中には、そこに生息している生物由来のDNAがたくさん含まれている。1リットルの水に含まれる環境DNAを採取し分析することで、生物の種類を網羅的に特定する技術が「環境DNAメタバーコーディング」だ。東北大学の近藤倫生教授と千葉県立中央博物館の宮正樹生態・環境研究部長による研究チームは、魚類を対象とした環境DNAメタバーコーディングを世界に先駆けて開発し、昨年夏には全国の沿岸528地点で大規模フィールド調査を実施した。

みや まさき
宮 正樹

千葉県立中央博物館
生態・環境研究部 部長
1987年 東京大学大学院農学研
究科博士課程修了。農学博士。千
葉県立中央博物館動物学研究所
長などを経て2016年より現職。
環境DNA学会副会長。

こんどう みちお
近藤 倫生

東北大学 大学院生命科学研究所
教授
2001年 京都大学大学院理学研
究科博士後期課程修了。博士(理学)。龍谷大
学理工学部教授などを経て、18年4月より
現職。08年～11年 さきがけ研究者。13
年よりCREST研究代表者。18年に環境
DNA学会を設立し、初代会長就任。



宮さんが手にしているのは、注射器型過装置。
近藤さんが持っているのは、採水に使用する
バケツ。

環境DNAで分布を把握 時間も経費も大幅削減

「たった1リットルの水で、生息している生物の種類や分布までわかってしまう。まさに革新的な技術なのです」。東北大学の近藤倫生教授は熱弁をふるう。

環境中には、そこに生息するさまざまな生き物の排泄物や分泌物などに由来する生物外のDNAが存在する。環境DNAと呼ばれるこれらのDNAから、生息する多数の種を同時にまとめて分析する技術は「環境DNAメタバーコーディング」と呼ばれている。実際の生物の観察や捕獲をしなくても、多くの情報を得ることができる手法として注目を集めている。

近藤さんと千葉県立中央博物館の宮正樹生態・環境部長のチームが2015年に開発したのは、海の魚を対象とする「魚類環境DNAメタバーコーディング」の技術だ(図1)。1リットルほどの水に含まれる環境DNAから、周辺に生息する魚の情報を読み解くことができる。

生物多様性の保全や持続可能な生物資源の利用では、どこにどんな種類の生きものがすんでいるのかを把握することが重要である。しかし海や河川などに生息する魚の多様性のモニタリングには、水中に潜って観察したり、網を使って捕獲したりといった方法しかなく、多くの労力と時間、費用がかかっていた。また、日本の周辺には淡水魚、海水魚が約4300種生息してお

り、魚の種類を姿形から特定するには、高度な専門知識や経験が必要だった。

これに対し、魚類環境DNAメタバーコーディングの技術を使えば、観察や捕獲が不要になる。それだけでなく、魚の専門知識がない人でも種の特定ができるので、調査時間や経費が大幅に削減される。いつでも、どこでも、誰でも使える技術なので、生態系観測の多地点化や高頻度化が実現可能になるのだ。

研究室からフィールドへ 日本沿岸528地点で調査

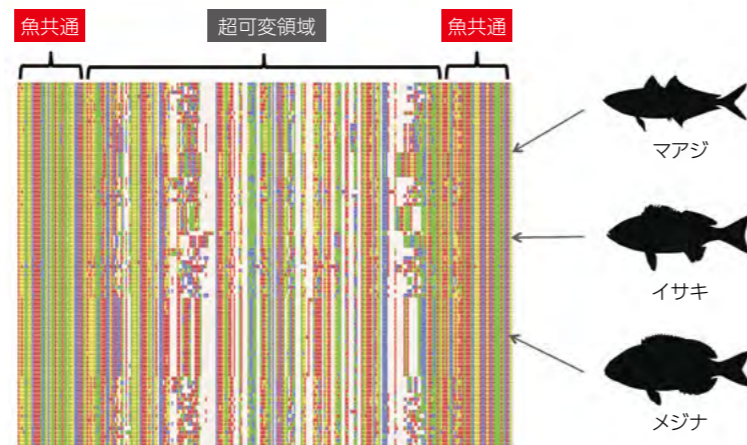
この環境DNAメタバーコーディング法の機動性、迅速性、簡便性という強みを最大限に生かすことができるのが多地点における魚類相の調査だ。そこで昨年の夏、北は北海道の稚内、南は沖縄県の西表島まで国内の沿岸528地点で環境DNAのフィールド調



昨年7月の石垣島での採水の様子

査を実施した(図2)。全国の大学、水産実験所の総勢114名が協力し、宮さんが中心となり開発した採取キットとマニュアルを使って環境DNAサンプルを集めた。採取した約1リットルの海水を注射器型の装置でろ過し、DNAを解析する。たったこれだけの作業で、1200種以上の沿岸魚類の検出に成功したという。

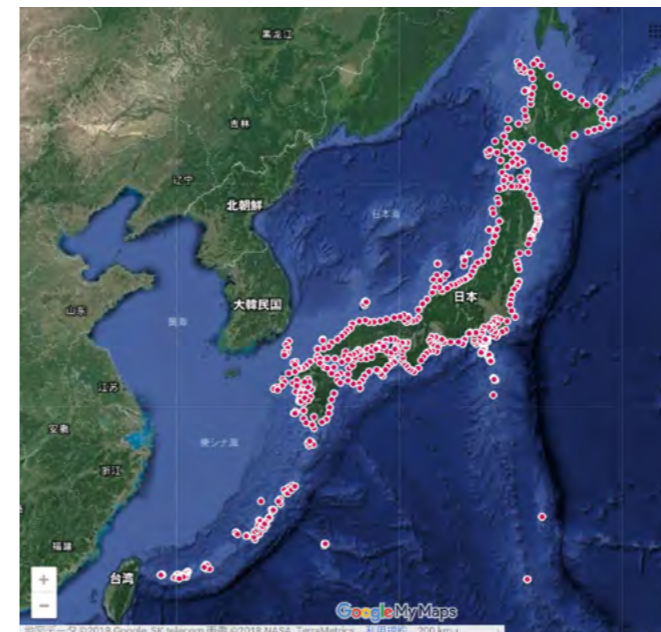
「日本沿岸に生息する海水魚は約



■ 図1 魚類環境DNAメタバーコーディングでは、魚の種類によって異なるDNA領域(超可変領域)を利用して、種類を特定する。図は880種の魚類から得られたDNAを整理させたもので、横1列が1種のDNA配列を表す。例えば、マアジ、イサキ、メジナのDNA配列は、矢印が指す横1列。左右の端は魚類全体に共通する保存的なDNA配列で、中央部が超可変領域。

2800種ですから、4割程度を特定できたこととなります。また、水温上昇の影響か、これまで生息場所として知られていなかった北海道沿岸までブリが北上しているなど、数多くの発見がありました。期待していた以上の成果に驚いています」と宮さんは手応えを感じている。

今回の大規模調査には調査そのものに加え、調査手法の確立を図るという目的もあった。注目を集める環境DNAメタバーコーディング技術が、今後の海洋調査の標準的な手法となり得るかを検証したのだ。こちら結果は予想以上だった。



■ 図2 フィールド調査を実施した国内の沿岸528地点。

「フィールド調査ではたくさんの研究者が別々に環境DNAを採取したにもかかわらず、データのぶれがほとんど見られませんでした。キットを使いマニュアルに従えば、初心者でも簡単に採取できるとわかったので、技術の普及に向けて弾みがつきました」と近藤さんは胸を張る。

データから変動を予測 普及に向け学会も設立

研究開始当時にチームが目標に掲げたのは、特定の魚の量と分布を推定すること、くんできた水の中に含まれる

複数の魚の種類を特定すること、そして生物同士の相互作用を解析できる数理モデルを開発することだ。これらの目標に段階的に取り組んだ結果、環境DNAに基づく魚種の特定や分布の把握が可能になった。大量の魚の標本をもとに整備した魚のDNAデータベースは、約4300種のうち、約7割を網羅しており、残りの

3割の整備も進んでいる。昨年度の調査結果を受け、今年度は採水地点を絞り、定期的に採取することで、季節による変動などの検証を始めている。

「生態系は非常に複雑で、多くの生物種同士が相互作用しています。しかし、それを調べるには、多数の生物種を捕獲して調べるといった方法しかありませんでした。環境DNAというビッグデータを数理モデルで解析することで、複雑な相互作用を見える化し、時間変動や季節変動を把握できるはずです」と近藤さん。

今回の大規模調査により、魚類環境DNAメタバーコーディングが海洋生態系の理解に役立つという大きな自信が得られた。今後は環境DNAに関するデータを増やし、将来は気候変動のように、海洋生態系の変動予測を目指す。

そのためには環境DNAの継続的な採取と分析が不可欠だ。そこで、観測体制の確立と分析技術の向上を図るべく、今年4月には近藤さんが発起人となり環境DNA学会を設立した。研究機関だけでなく、行政や企業も含む多くの人に環境DNAの有用性を理解してもらいたいと考えている。

関連記事：
「JSTnews」2014年8月号
p12-13「バケツ一杯の水で
海洋生物の量や種類を知る」

