

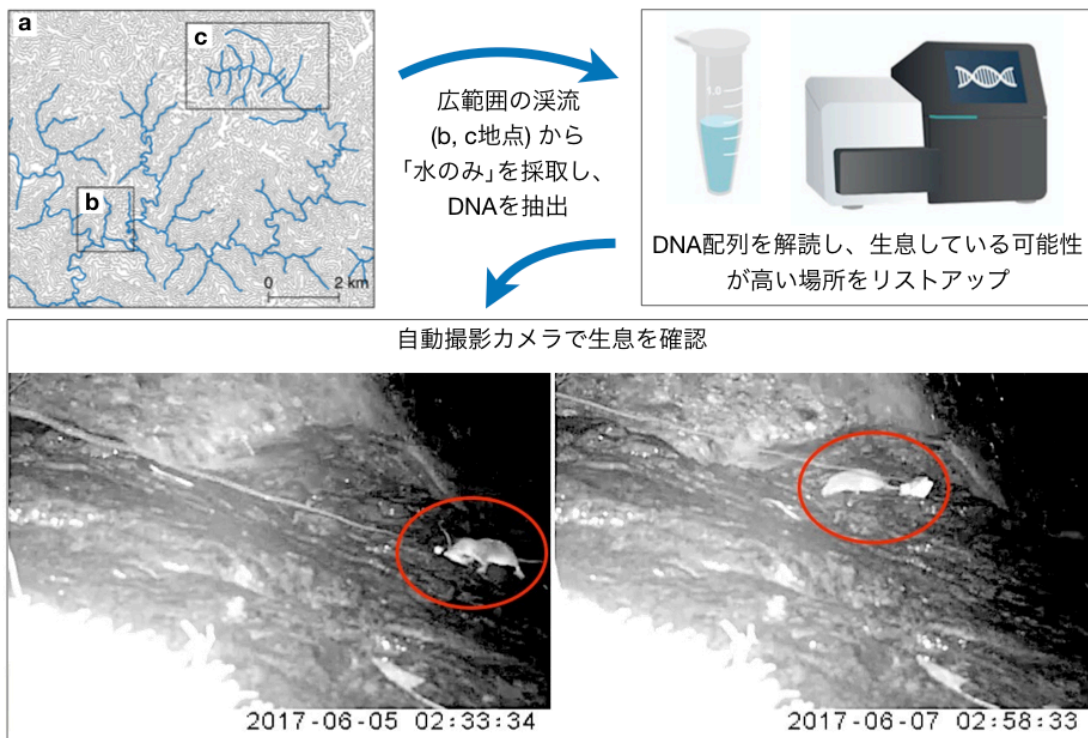
希少哺乳類の生息地を環境 DNA で特定 — 希少動物の分布調査に新たな戦略 —

概要

野生動物の生息地を把握することは、効果的な保全を行う上でとても重要です。しかし、対象動物が希少である場合、その生息地を的確に把握することは容易ではありません。今回、京都大学大学院農学研究科 米澤 悟 修士課程大学院生 (研究当時)、井鷲裕司 同教授、白眉センター 潮雅之 特定准教授らの研究グループは、環境 DNA 分析と呼ばれる研究手法を利用し、希少な哺乳類カワネズミの新たな生息地候補を効率的にリストアップすることに成功しました。さらに、リストアップされた生息地候補に自動撮影カメラを仕掛け、実際にカワネズミが生息していることも確認されました。カワネズミは、個体数が少ない上、小型で夜行性であるため、これまで生息地の把握が困難でしたが、「環境 DNA による効率的探索 + 自動撮影カメラによる生息の確認」という戦略が、このような希少動物の生息地探索において有効であることが示されました。

本研究で用いた研究枠組みは、他の希少動物の生息地の探索にも容易に応用できます。環境 DNA 分析と既存技術を組み合わせることでより効果的な生物多様性の保全・管理が可能になると期待されます。

本成果は 2020 年 9 月 4 日にオランダの国際学術誌「Conservation Genetics」にオンライン掲載されました。



1. 背景

野生動物の生息地を把握することは、効果的な保全管理を行う上でとても重要です。しかし、個体数が少なく、そもそも発見することが難しい希少動物の場合、その生息地を的確に把握することは容易ではありません。カワネズミ (*Chimarrogale platycephala*) は、水生昆虫や魚などを捕食する半水生の哺乳類で、47 都道府県中 39 県でレッドリストに記載されている日本の固有種です。カワネズミの保全には、的確な生息地の把握が重要ですが、カワネズミは個体数が少ない上に小型で夜行性の傾向が強く、そもそも発見が困難な動物です。

近年、環境 DNA (注 1) と呼ばれる環境中に残存する生物由来の DNA を調べ、野外生物の在不在を検出する手法が注目を集めています。特に、環境 DNA メタバーコーディング (多種同時並列検出) (注 2) と呼ばれる方法を用いることで、環境中に残存する対象分類群の生物 (例えば、哺乳類) の DNA を網羅的に調べることができます。さらに、環境 DNA 分析は、現場でのサンプリングの手間や生息環境に与える影響が小さいことから、希少な生物の分布調査や新しい生息地の発見に応用できるのではと期待が高まっています。

そこで、本研究では発見の難しいカワネズミの分布調査において、環境 DNA メタバーコーディングを取り入れることにしました。まず、過去にカワネズミの生息が示唆されていた京都府の京都大学芦生研究林内の溪流において、広範囲での環境 DNA 分析法による分布可能性の調査を行いました。その後、カワネズミの DNA が検出された地点において、自動撮影カメラを用い、カワネズミの生息を実際に確認することに挑戦しました。

2. 研究手法・成果

環境 DNA を分析する対象として、カワネズミが生息する環境である芦生研究林内の溪流の水を 2016 年 6 月から 10 月にかけて合計 16 地点から採取しました。溪流から採取した 1 L の水は実験室に持ち帰り、ろ過し、フィルターから DNA を抽出しました。抽出した DNA から哺乳類の解析対象となる領域を増幅し、イルミナ社の MiSeq (注 3) と呼ばれる DNA シーケンサーにより DNA 配列を解読しました。

渓流水の環境 DNA を分析した結果、合計 2 地点からカワネズミの DNA が検出されました。そこで、カワネズミの DNA が検出された 2 地点に自動撮影カメラを仕掛け、カワネズミの生息を実際に確認することにしました。2017 年 6-7 月に 5 台のカメラを仕掛け、2 地点で合計 1790 時間の撮影を行いました。その結果、環境 DNA が検出された溪流において、実際にカワネズミの姿を捉えることに成功しました。

3. 波及効果、今後の予定

本研究では、「環境 DNA メタバーコーディングによる広範囲の効率的な生息地調査」と「自動撮影カメラによる重点的な調査」を組み合わせることで、従来発見が難しかったカワネズミの生息地を効率的に突き止めることに成功しました。環境 DNA メタバーコーディングによる広範囲の生息地スクリーニングは、現場での作業は水を汲むだけであるため、捕獲調査などの従来法に比べて作業量が少なく、さらに、希少な動物・その生息環境への負担が少ない方法です。従って、調査をする人・される動物・その環境への負荷を抑えつつ、大規模な生息地調査が可能になると考えられ、今後、カワネズミのより詳細な分布情報を得るための大きな助けとなる可能性があります。

さらに、本研究で採用した「環境 DNA によるスクリーニング+従来法による詳細な調査」という生息地調査法は、他の希少動物にも容易に応用が可能です。今後、環境 DNA 分析と既存技術を組み合わせることで、より効果的な生物多様性の保全・管理のために必要な基礎情報の収集が加速すると期待されます。

4. 研究プロジェクトについて

本プロジェクトは下記の研究機関が共同で行いました：京都大学農学研究科・京都大学白眉センター・龍谷大学理工学部・龍谷大学里山学研究センター・龍谷大学生物多様性科学研究センター・千葉県立中央博物館。

<用語解説>

注1) 環境 DNA

環境中、たとえば水や土の中に残存する生物由来の DNA の総称。環境 DNA の配列を分析することで、生物自体を捕獲しなくても、その環境中に生息している生物を検出できるため、近年、魚類など水生生物の分布調査への利用が急速に拡大している。

注2) メタバーコーディング (多種同時並列検出)

解析対象の生物分類群 (例えば、哺乳類) が共通して持っている DNA 領域を増幅し、網羅的に配列を解読することで、多種検出を同時に行う DNA 解析技術。

注3) MiSeq

イルミナ社が開発した DNA 配列を一度に大量に解読できる DNA シーケンサー。環境 DNA 分析では非常によく使用されるシーケンサーの一つ。

<研究者のコメント>

現在、世界中で生物多様性の減少が深刻な問題となっています。これから次々と生物多様性の減少が人間社会に与える影響が顕在化してくるかもしれません。このような状況に歯止めをかけるためには、まず、さまざまな生物の生息地情報を的確に把握することが必要です。本研究の枠組み「環境 DNA + 既存手法」が、様々な生物の生息地調査の助けとなることを願っています。

<論文タイトルと著者>

タイトル：Environmental DNA metabarcoding reveals the presence of a small, quick-moving, nocturnal water shrew in a forest stream (環境 DNA メタバーコーディングにより明らかになった小型で素早い夜行性哺乳類カワネズミの溪流における生息)

著者：Satoru Yonezawa, Masayuki Ushio, Hiroki Yamanaka, Masaki Miya, Atsushi Takayanagi, Yuji Isagi

掲載誌：Conservation Genetics DOI：10.1007/s10592-020-01310-5

<参考図表>



アクア・トトぎふで飼育されていたカワネズミの個体（アクア・トトぎふの許可を得て掲載。撮影 米澤悟）



カメラトラップと採水地点の様子（撮影 米澤悟）