

# コラム 01 環境 DNA が描き出す海洋生態系の顔ぶれ

環境中に漂う DNA を調べて、そこにすむ生き物を探る「環境 DNA 分析」が普及しつつある。従来の調査には時間と費用と体力が求められ、種の同定には高度な知識も不可欠だった。時には希少な動物の生命を利用する必要もあった。さらに、濁った湖沼で素早く隠れる小さな動物は見つからないなど、採集能力にも限界があった。一方の環境 DNA 分析は、生き物が環境に残してくれた手がかり（新陳代謝に伴いはがれた体の一部や粘液などに含まれる DNA）を読み解くことで、これまでにないスピードと網羅性で、生態系の構成員を種名まで言い当てることができる。

環境 DNA 分析が脊椎動物でも有効と示したのは 2008 年のフランスのウシガエルに関する研究が最初だ。日本では 2011 年に源利文氏（神戸大学准教授）が、水槽の水から淡水魚の DNA を検出した。2015 年には、近藤倫生氏（東北大学大学院生命科学研究所教授）と宮正樹氏（千葉県立中央博物館生態・環境研究部長）の研究チームが、海水魚を対象とする「MiFish 法（魚類環境 DNA メタバーコーディング）」を開発した。これは、2011～2018 年度の（国研）科学技術振興機構の戦略的創造研究推進事業（CREST）に採択された「海洋生物多様性および生態系の保全・再生に資する基盤技術の創出」プロジェクトの優れた成果である。MiFish 法は、メタバーコーディング（多種同時並列分析法）と呼ぶとおり、魚種ごとに異なる DNA の塩基配列をバーコードのように複数登録しておく。そして、それと照合することによって、バケツ 1 杯の水で、多くの種の生息場所や現存量、遺伝的多様性などを一度に推定できる。



環境 DNA は、多少荒れた海でも採取可能。採水後、フィルターを付けた注射器で、DNA を含む有機物をこし取る。写真は、京都大学舞鶴水産実験所の調査船緑洋丸での環境 DNA 採取（2016 年 6 月、益田玲爾氏撮影）

益田玲爾氏（京都大学フィールド科学教育研究センター准教授）は、なじみの舞鶴湾で MiFish 法の威力

を実感したという。たった 1 回の採水と分析で、16 年以上かけて月に 2 度も潜水して記録してきた魚種のほとんどを当てられてしまったからだ。分析結果は、舞鶴港で水揚げされる魚種までカバーしており、DNA 量が多かったカタクチイワシとマアジは、目視でも多かった上位 2 魚種と一致していた。

宮氏ら 114 人の協力者は 2017 年の夏、全国 528 地点で一斉に MiFish 法による調査を実施して、日本の沿岸魚類約 2,800 種のうち 1,200 種以上の検出に成功し、地球温暖化の影響と思われるブリの北上（空間変動）なども明らかにした。その後の調査では、冬を越せない死滅回遊魚がいる夏に、検出される種数が増える現象（季節変動）も確認できたという。

## 蓄積していく多様性のビッグデータ

環境 DNA は、海水中では放出後 1 日で 7～9 割が分解される。その濃度は放出源からの距離や、放出されてからの時間に左右され、最近いたということは検出できても、個体の大小や多少については推測できない。死んだ個体や産卵・放精があると多量の DNA が検出されることもわかっている。分析の過程で細心の注意を払わないとコンタミネーション（サンプルの汚染や劣化）が起こることも課題だ。また、プライマーという DNA の断片を呼び水として、ごく微量の DNA を増幅させてから分析する手法なので、既知の生物種で、なおかつ事前にプライマーが用意できていることが条件となる。つまり、回答集がなければ、答え合わせができない。これらは環境 DNA 分析の弱点だが、省コストで迅速な、画期的手法であることは確かである。

日本産の魚類（淡水・海水）については、約 4,300 種のうち現在 2,800 種ほどの DNA データベースが構築されている。また、いまや環境 DNA メタバーコーディングは、甲殻類や鳥類などにも応用されている。千葉県の館山の海岸で「あまりカニはいないだろう」と思いつつ採水して分析した宮氏は、40 種以上のカニが検出されて驚いたという。

国際的な研究の広がりを受けて、日本の科学者らは 2018 年 4 月 27 日、環境 DNA 技術を活用した自然調和型社会を目指す「（一社）環境 DNA 学会」を立ち上げた。今後、生物多様性をビッグデータとして管理することで、世界中の未知の生態系の謎解きが大きく前進することが期待される。

（本文中の所属・役職は 2019 年 3 月現在のもの）

（瀬戸内 千代）