

第1回 国立環境研究所琵琶湖分室セミナー

「水の分析から生息魚種を知る環境 DNA 分析とその生物多様性モニタリングへの展開」

日時：2017年5月30日（火）15：30-16：30

セミナー講師：山中 裕樹（龍谷大学理工学部）

野生生物は体表組織の更新や排泄行動などを通じて、周囲の生息環境中に自らの遺伝物質(DNA)を放出している。こうして生物個体から離れて水中や土壌中に残存している DNA を環境 DNA と呼び、近年はこれらを回収・分析することによって魚類等の大型生物を検出する環境 DNA 分析技術が急速に発展してきている。魚類を対象とした調査の場合、野外で必要な作業は水を汲むだけであるという簡便さから、これまで困難であった広域多地点調査や、超長期のモニタリングが比較的小労力で実行可能になる。得られた DNA 試料は半永久的に凍結保存できるため、興味ある種ごとの検出や、メタバーコーディングによる網羅的な種の検出など、必要に応じて「振り返っての」分析ができる。このように生物群集情報を簡便に凍結保存しておけると利点から、環境 DNA 分析は生物多様性調査の在り様を大きく変えようとしている。

琵琶湖沿岸に設定した 21 地点で 4 季節に採水した試料を環境 DNA メタバーコーディングに供し、1 年間の種組成変化を解析した。2015 年 11 月、2016 年 2 月、5 月、8 月の試料から、それぞれ 39 種、39 種、46 種、39 種が検出され、合計では 50 種が検出された。群集組成について非類似度をもとに PERMANOVA で解析したところ、環境変数として与えた緯度と季節が、ともに有意な効果を持っていた。また、季節と緯度との交互作用は有意ではなかった。地点間距離と非類似度との関わりについて Mantel テストによって解析したところ、地点間距離は非類似度と有意な正の相関を持ち、距離が離れるほど、非類似度が高くなる結果であった。NMDS によって群集の非類似度をもとに群集間距離を二次元プロットして季節、琵琶湖の中でも南湖か北湖か、そして琵琶湖の東か西かという地点の特徴で地点のまとまりを分析した。結果、北湖と南湖という区分で見た場合に、両グループに区分された地点がもっとも明瞭にまとまってプロットされた。この結果は、琵琶湖の魚類組成は北湖と南湖という、水深その他で大きく特徴の違う水域間でその群集組成も異なっていることを示している。緯度と季節の効果が有意であるという PERMANOVA の結果を受けて、検出された DNA のリード数について種ごとに緯度と季節に沿っての変化を解析した。結果、フナ類やオオクチバス、ブルーギルのようにこれらの変数にほとんど依存せずいつでも検出される種や、ウグイのようにほとんど北湖でしか検出されない種、ワカサギのようにほぼ冬のみを検出される種など、様々な検出パターンが明らかになった。

種特異的な検出から出発してメタバーコーディングによる種組成の解析へと拡張され、

さらには種内の遺伝的多様性の解析にまで可能になってきた。今後は超広域、かつ長期的なモニタリングに環境 DNA 分析が利用されるようになるのは必至の状況であり、琵琶湖とその周辺水域においても生物多様性モニタリングに適用していく体制作りが始まっている。多くの研究者、行政、そして市民も巻き込む形で滋賀県においてこの手法をもちいたモニタリング体制の実例を作り、日本国内でより広く使われる手法へ発展・普及していくためのロールモデルとしたい。