GBIFワークショップ21世紀の生物多様性研究（通算第21回）

環境DNAデータが拓く生物多様性研究・観測

要旨集



GBIF.org

主　催：国立科学博物館
共　催：国立環境研究所
後　援：国立遺伝学研究所
連絡先：s-net_info@kahaku.go.jp

https://gbif.jp/activities/workshop/2026/1206/

2026年12月6日（日）
13:00～16:00
オンライン開催

はじめに

21世紀の生物多様性研究ワークショップ（通称GBIFワークショップ）は、文部科学省ナショナルバイオリソースプロジェクトの支援を受ける活動拠点「日本生物多様性情報イニシアチブ（JBIF）」が毎年開催している一般向けの講演会です。本ワークショップでは、生物多様性に関するデータのさまざまな側面に焦点を当てています。JBIFは、日本の生物多様性に関する情報、特に標本や観測にもとづく生物の分布情報を、国際的なデータの集約を担う地球規模生物多様性情報機構（GBIF）を通じて発信することを主要な活動としています。

21回目を迎える今回の21世紀の生物多様性研究ワークショップ（通称 GBIFワークショップ）では環境DNA（environmental DNA、eDNA）を取り上げます。環境DNAを用いた研究や生物多様性観測は世界的に広がりをみせており、世界各国において観測網が構築されつつあります。日本でも、公的な観測プロジェクト等で環境DNAによる調査手法の検討・採用が進んでいます。一方で、環境DNAには、分類群による検出精度の違いやデータの共有・連携・再利用などの課題もあります。

世界の生物多様性に関するデータを集約・公開している地球規模生物多様性情報機構（GBIF）でも、環境DNAをはじめとするDNA由来データを共有するための基盤整備を進めています。2021年にはDNA由来データの公開ガイドラインを、2024年には環境DNAデータの公開支援ツール（MDT）をそれぞれ公開しました。さらに2026年から、環境DNAデータをGBIFのデータ基盤に統合するための重点プロジェクト（SPLICE）が開始されています。

そこで本ワークショップでは、環境DNAを用いた解析や生物多様性観測に取り組まれている研究者・実務者の皆様から各活動をご紹介いただくとともに、GBIFやJBIFの近年の動向を紹介いたします。それらを踏まえ、環境DNAを用いた研究や生物多様性観測、データ共有の今後の展望と課題について議論を行う場にしたいと考えています。

プログラム

時　間	演　題	講演者(敬称略)	所　属
13:00～13:20	開会挨拶・趣旨説明	今藤　夏子	国立環境研究所
13:20～13:50	環境DNAで探る樹上の生物多様性 ―樹幹流を用いた 新たなモニタリング手法―	坂田　歩美	千葉県環境生活部文化振興課
13:50～14:20	環境DNA調査の社会実装― 民間企業による 生物多様性モニタリングの現在地	中村　匡聡	いであ株式会社
14:20～14:30	休　憩		
14:30～15:00	環境DNA観測網から 生物多様性情報インフラへ： ANEMONEが目指すもの	近藤　倫生	東北大学 変動海洋エコシステム高等研究所
15:00～15:30	環境DNAデータの共有を促進する GBIFデータ基盤とデータ標準の動向	戸津　久美子	国立環境研究所
15:30～16:00	質疑応答・クロージング	神保　宇嗣	国立科学博物館

環境DNAで探る樹上の生物多様性
―樹幹流を用いた新たなモニタリング手法―

坂田　歩美（千葉県環境生活部文化振興課）

森林の生物多様性を理解するうえで、樹上に生息・生育する生物の把握は重要な課題である。樹木の幹や枝には、地衣類、蘚苔類、ラン、シダ、菌類などが生育し、これらを利用する多様な生物が関わり合いながら、複雑な生態系を形成している。しかし、樹上へのアクセスには労力や技術、資金を要するため、その実態の把握は容易ではない。そこで我々は、調査の簡便さと有効性から、近年急速に発展した環境DNAメタバーコーディング法（多種同時並列検出法）に着目した。本手法は、水の中に含まれるDNAを分析することにより、生物を直接捕獲・観察することなく、そこに生息・生育する生物の種類を把握できる技術である。すでに魚類のモニタリングにおいて極めて高い有用性が示されており、国土交通省の河川水辺の国勢調査に採用されるなど、水域においては社会実装まで進んでいる。

この方法を、樹上環境のモニタリングに応用するため、樹幹流に注目した。樹幹流とは、雨が枝や幹を伝って流れ落ちる“水”のことで、樹幹流には、樹木のさまざまな部位に触れながら流下する過程で、枝や樹幹上に生育する生物の断片が混入すると考えられた。そこで、樹幹流からDNAを抽出し、環境DNAメタバーコーディングを実施することで、樹上の生物相を簡便に把握できるのではないかと着想した。地衣類の環境DNAメタバーコーディングを実施したところ、調査木上で目視により確認された葉状地衣7種のうち6種を検出することに成功し、さらに目視では確認できなかった2種を検出することに成功した。目視による確認結果とDNAによる検出結果を比較することで、樹上に生育する地衣類を樹幹流から検出できることを実証した。

樹幹流から抽出したDNAには、地衣類以外の樹上生物のDNAも含まれている。対象とする生物群を広げて検証することで、これまで調査が困難であった樹上の生物多様性を、簡便かつ迅速にモニタリングできるようになることが期待される。環境DNAは、多くの謎に包まれた樹上の生物多様性を明らかにする、新たな手がかりとなるかもしれない。



図1　樹幹流を活用した新たな樹上生物多様性モニタリング手法

環境DNA調査の社会実装―民間企業による生物多様性モニタリングの現在地

中村　匡聡（いであ株式会社）

環境DNA調査は、河川や湖沼、海などから採水した環境試料に含まれる生物由来のDNAを分析し、そこにすむ生物を知る手法である。近年は学術的な研究にとどまらず、開発事業の環境影響評価や希少種・外来種の監視、自然再生事業の効果検証など、実際の環境調査の現場で使われるようになってきた。例えば、国土交通省が全国の一級河川やダム湖で5年ごとに実施している河川水辺の国勢調査でも、令和8年度版の調査マニュアルに魚類の環境DNA調査が加えられた。

本講演では、環境コンサルタント会社の実務の視点から、環境DNA調査が業務にどう組み込まれているかを紹介する。環境DNA調査は「水を採ってDNAを調べれば生物が分かる」ほど単純ではなく、採水の設計から試料の保存、分析、精度管理、種の同定、結果の解釈まで、多くの工程を適切につなぐ必要がある。河川水辺の国勢調査のような全国一律の調査では、結果が実施者や現地の状況に左右されないことも求められる。さらに実務では、従来の捕獲・目視調査との使い分けや、発注者・地域の方々への結果の説明、データの品質確保といった、学術研究とは少し異なる課題にも向き合う必要がある。

こうした調査が日本各地で繰り返されることで、生物多様性の観測データは大量に蓄積される。しかし現状では、その多くが個別の報告書や事業者の内部情報としてとどまっており、社会全体で十分に活用されているとは言えない。今後は、これらのデータを標準化し、品質を担保したうえで、GBIFのようなデータ基盤を通じて共有・活用するための有効な仕組みをどう作っていくのかが重要な課題となる。民間企業、研究機関、行政、市民がそれぞれの役割でつながることで、環境DNA調査が生物多様性を継続的に見守る社会の基盤技術へ発展しうると考える。

参考文献

1）一般社団法人環境DNA学会（2026）「環境DNA調査・実験マニュアル Ver. 3.1（2026年5月1日発行）」
2）環境省 自然環境局 生物多様性センター（2024）「環境DNA分析技術を用いた調査手法の手引き（淡水魚類・両生類）第1版」
3）国土交通省 水管理・国土保全局 河川環境課（2025）「令和８年度版 河川水辺の国勢調査基本調査マニュアル【河川版】魚類環境DNA調査編（案）」

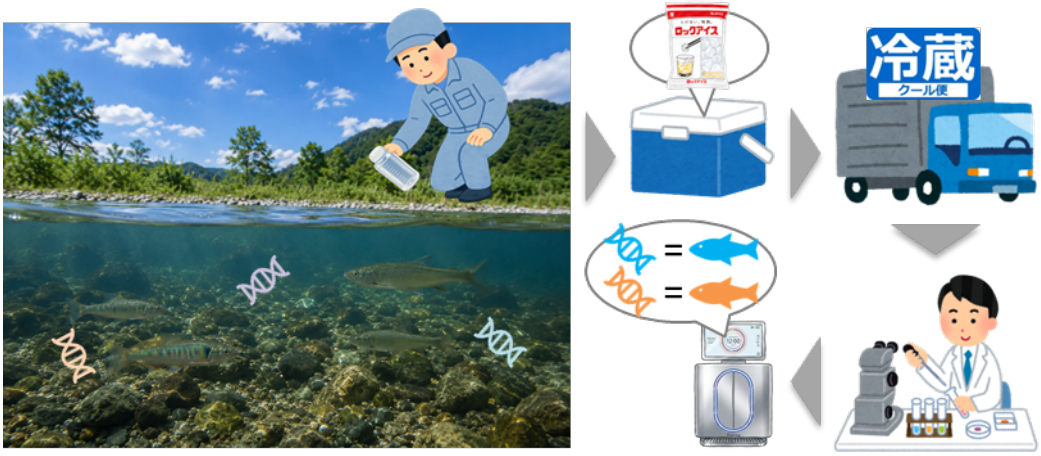


図1　環境DNA調査の流れ

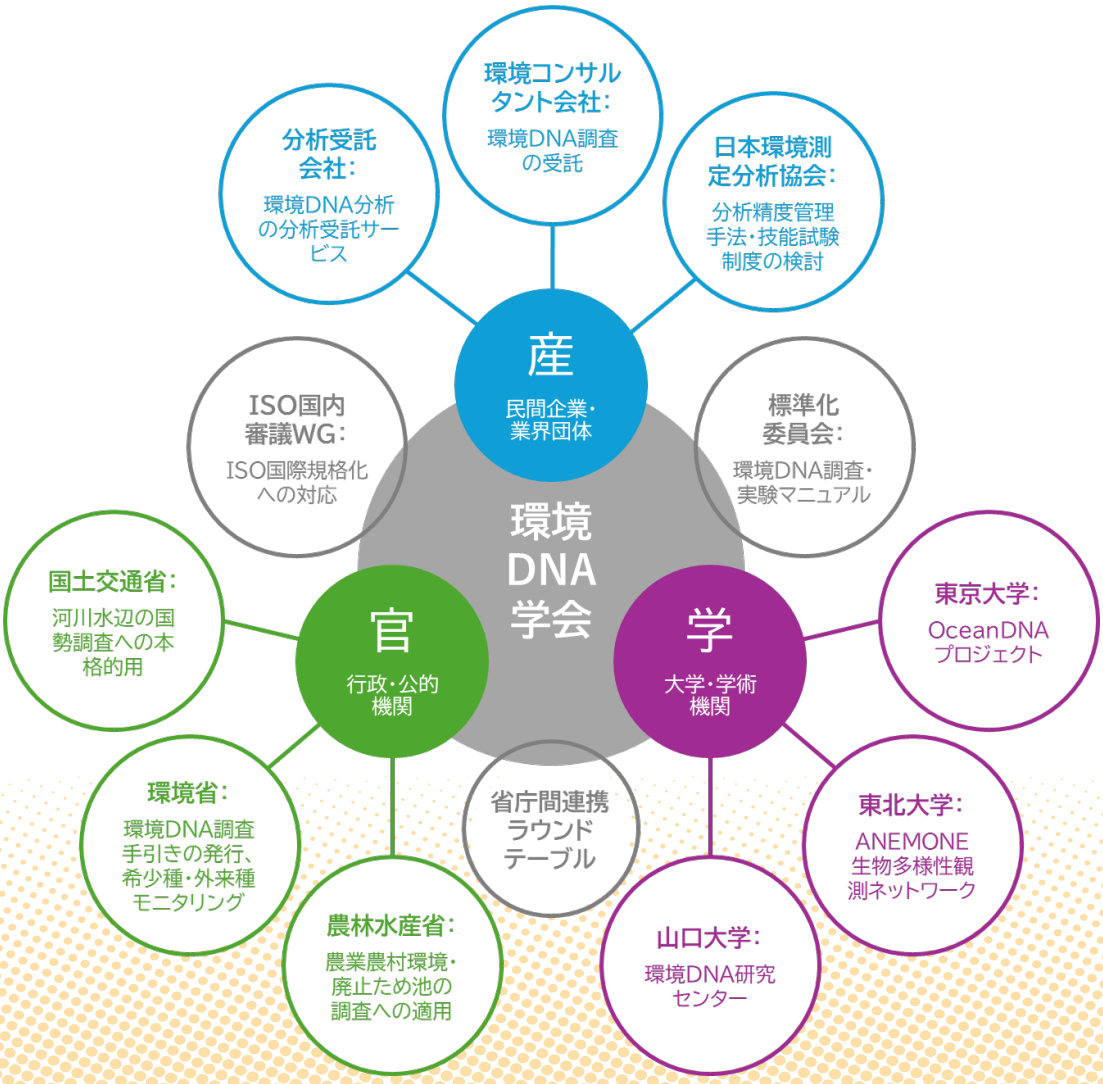


図2　国内における環境DNAの社会実装を支える産官学連携体制

環境DNA観測網から生物多様性情報インフラへ：ANEMONEが目指すもの

近藤　倫生（東北大学・変動海洋エコシステム高等研究所）

生物多様性の損失を食い止め、回復へと転じるためには、自然の状態とその変化を継続的に把握し、科学的な根拠に基づいて行動することが欠かせない。しかし、生物多様性を広域かつ継続的に観測することは容易ではなく、得られた科学的知見を社会の意思決定に結びつける仕組みも十分に整っていない。

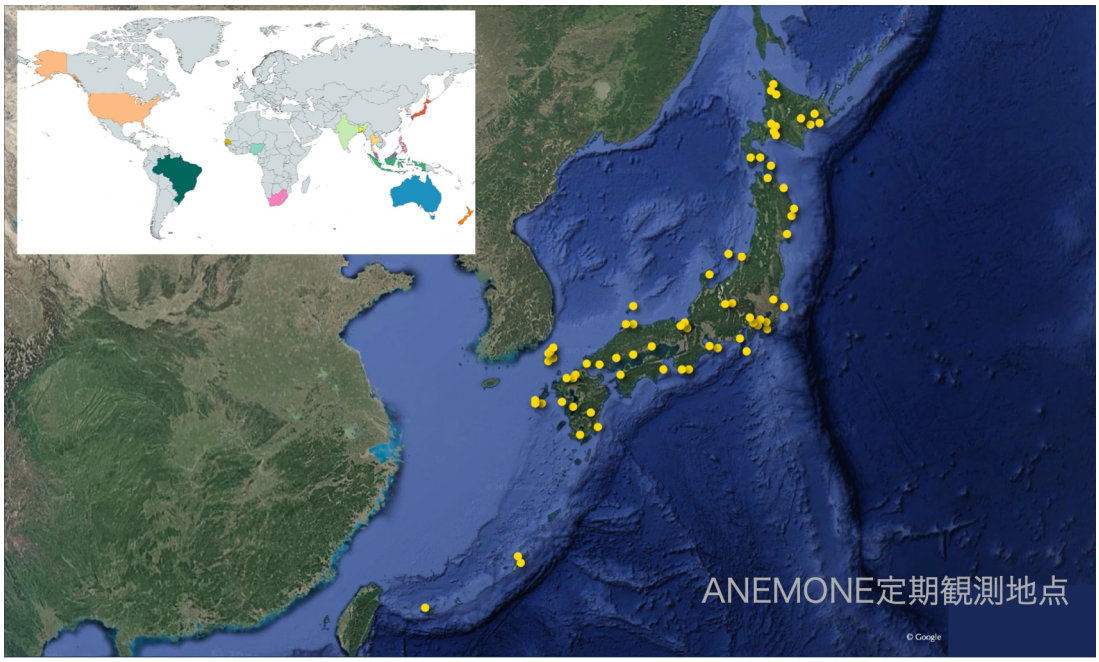


図1　ANEMONEの観測地点
日本全国の環境DNA定期観測地点（黄色点）と、ANEMONE Globalの国際的な展開（左上）。標準化された手法による広域・長期観測を進めている。

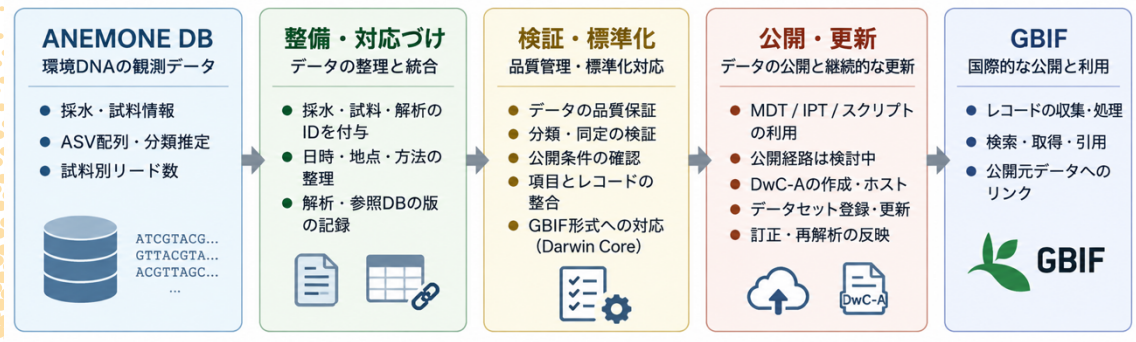


図2　SPLICEによるANEMONE DBとGBIFのデータ連携構想
配列・解析手法の情報を保持し、訂正・再解析にも対応する継続的なデータ公開を目指す。

私たちは、環境DNA技術を活用した生物多様性観測ネットワークANEMONEを構築し、全国の大学、研究機関、市民などとの協働によって、日本各地の沿岸域や河川、湖沼で観測を進めてきた。これまでに1,000地点以上、10,000回を超える調査を実施し、広域的な魚類多様性の分布や時間変化を捉える新たな研究基盤を築いてきた。さらにANEMONE Globalを立ち上げ、標準化された環境DNA観測を国際的に展開する取り組みも進めている。

一方、観測データを蓄積するだけでは、科学や社会で継続的に利用できる情報基盤にはならない。データの品質保証、調査・分析手法の標準化、透明性の確保、継続的な更新が必要である。現在、GBIFのSPLICEプロジェクトでは、ANEMONEに蓄積された環境DNAデータを国際的な生物多様性情報基盤へ接続する仕組みを開発している。DNA配列、分類推定の根拠、分析手法などを対応づけ、再解析による情報の更新にも対応することで、検証可能で再利用性の高いデータ共有を目指している。

ANEMONEは、観測された生物多様性情報を、生態系の状態や変化を評価する指標へと変換し、行政や企業、地域社会の意思決定に役立てる取り組みを進めている。科学的に優れたデータを生み出すことと、社会が信頼して使える情報を提供することは同じではない。後者の実現には、科学者だけでなく、行政、企業、市民などとの協働が不可欠である。本講演では、ANEMONEのこれまでの成果と現在の取り組みを紹介し、生物多様性観測を社会の意思決定を支える情報インフラへと発展させるための課題と展望を議論する。

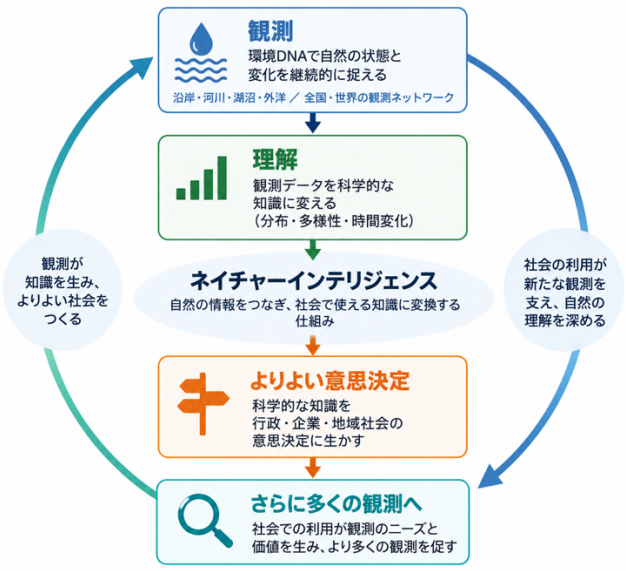


図3　Nature Intelligenceの構想
継続的な生物多様性観測から科学的知識を生み出し、より良い意思決定につなげる。情報の社会的利用が新たな観測を促すことで、観測と意思決定が相互に発展する循環を目指す。

環境DNAデータの共有を促進する GBIFデータ基盤とデータ標準の動向

戸津　久美子（国立環境研究所 生物多様性領域）

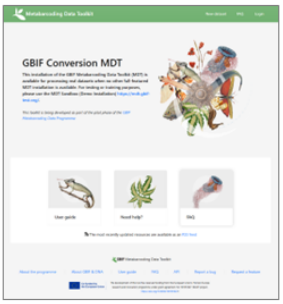
生物多様性情報のデータ基盤を提供するGBIFでは、世界中のオカレンスデータ（何の生物がいつ、どこで確認されたかの記録）を共通の形式で統合している。標本、目視観察、カメラトラップ、環境サンプル中のDNAなど、様々な方法で収集されたデータがGBIFで公開されている。GBIFはINSDCやBOLDなどの塩基配列データ基盤を運営する機関と連携し、DNAに由来するオカレンスデータの公開を推進してきた。2014年にDNA由来データが初めて公開されて以来、データ標準の検討、DNA配列に基づく生物識別子（例. BIN、SH）の取込など、DNA由来データをGBIFで共有するための土台作りが進んできた。2021年にはDNA由来データ用の拡張ファイルが定義され、公開手順のガイドが出版された。その後、メタバーコーディングデータの変換・公開支援ツールの提供（MDT、2024年）、環境DNAデータ公開の技術開発・基盤整備を支援するプロジェクトの開始（SPLICE、2026年）など、環境DNAデータの共有に向けたGBIFの取り組みが加速している。

環境DNAを用いた研究では、一つの環境サンプルから塩基配列情報を含む膨大なデータが得られる。これらのデータの活用を促進するには、生物種の検出に用いた調査・実験・解析手法の情報と併せて、機械判読可能な形式で公開することが重要となる。現在、GBIFへの登録ではDarwin Core Archive（DwC-A）と呼ばれる標準形式が使用されるが、同じ情報の繰り返しによるデータ容量の増大、情報の関連付けの制約により、多様なデータを表現しにくいことが指摘されてきた。そこで、これらの課題に対応した新しい標準形式（Darwin Core Data Package: DwC-DP）の進展が注目されている。DwC-DPでは塩基配列や解析方法等の情報を一度記述し、それらを調査や環境サンプルの記述に関連付けて表現できることから、環境DNAデータの記述にも適していると期待されている。本発表では、GBIFにおける環境DNAデータを含むDNA由来データの公開方法、近年のデータ標準に関する動向について紹介する。



DNA由来データ出版ガイド

DOI: 10.35035/doc-vf1a-nr22



MDT: Metabarcoding Data Toolkit

https://mdt.gbif.org/

図1　DNA由来データ共有に関するGBIFガイドおよびツール

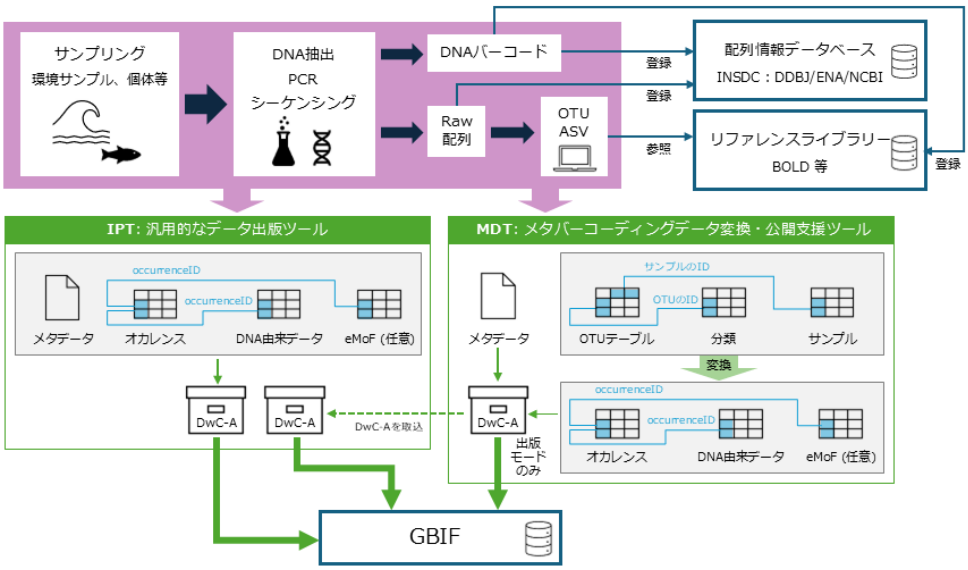


図2　DNA由来データの公開フロー
GBIFのDNA由来データ出版ガイド（DOI: 10.35035/doc-vf1a-nr22）および
MDTユーザーガイド（DOI: 10.35035/doc-wkpc-m352）を参考に作成

日本生物多様性情報イニシアチブ（JBIF）の活動

GBIF（地球規模生物多様性情報機構、https://www.gbif.org/ja/）はインターネットを介して、世界の生物多様性情報を共有し、誰でも自由に利用できる仕組みをつくっています。日本生物多様性情報イニシアチブ*（JBIF、https://gbif.jp/）は協力機関から収集された生物多様性情報データを国内およびGBIFで公開し、国内での普及活動を行っています。日本での活動はJBIFによって運営されており、主に文部科学省ナショナルバイオリソースプロジェクト（NBRP）によって支えられています。日本からは国立遺伝学研究所および国立科学博物館を通じてGBIFにデータを提供しています。

国立科学博物館では、全国の博物館・研究機関から標本情報の提供を受け、GBIFおよびS-Net（サイエンスミュージアムネット、https://science-net.kahaku.go.jp/）を通じて国内外に発信しています。S-Netは国立科学博物館が運営する情報ポータルサイトで、国内の自然史標本情報や自然史系の研究員・学芸員の情報を検索できます。

国立遺伝学研究所では、国立環境研究所と協力し、生物相調査や生態観測分野によって得られたデータ・大学や各種研究機関・プロジェクト研究の成果等を整備することで、GBIFに情報を公開しています。

* JBIFは2021年6月にGBIF日本ノード（GBIF Japan Node）から、日本生物多様性情報イニシアチブ（Japan Initiative for Biodiversity Information）に名称が変更されました。

地球規模生物多様性情報機構（GBIF, https://www.gbif.org/ja/）
日本生物多様性情報イニシアチブ（JBIF, https://gbif.jp/）
サイエンスミュージアムネット（S-Net, https://science-net.kahaku.go.jp/）

これまでに開催した「21世紀の生物多様性研究ワークショップ」のプログラムや資料はJBIFのサイトでご覧いただけます。**https://gbif.jp/activities/**

