

所属	農学生命科学部	氏名	曾我部 篤・東 信行
課題名	網羅・定量的環境 DNA 分析を用いた水産資源管理法の開発		

1. 概要

湖沼や河川、海洋で採取した水に含まれる DNA 断片を分析することで、そこに生息する水棲生物の生息状況（在・不在や生物量など）を推定するモニタリング手法は「環境 DNA 分析」と呼ばれ、従来の目視や捕獲による調査法に代わる低コストで高精度、非侵襲的な手法として、希少種の検出や侵入外来種の早期発見、従来法では調査困難な環境での生物多様性の評価など数々の成果を上げている。本技術を水産の現場に応用することで、低コストな資源量推定、資源量変動に影響する生物学的要因（捕食、被食、資源競争や病原生物など）の検出とそれによる資源量変動予測が可能になると期待される。しかしながら、高精度な資源量推定・予測を行うためには、まだまだ多くの技術的・方法論的な障壁があり、単純な系における基礎的知見の蓄積が不可欠である。

本課題では、もともと魚類の生息しないカルデラ湖である十和田湖でおよそ 100 年前に始まったサケ科魚類ヒメマス増養殖事業をモデルとして、網羅的・定量的環境 DNA 分析を用いた水産資源量の高精度な推定、資源量変動の生物学的要因の解明と資源量予測を目指した技術開発をおこなう。環境 DNA 分析試料を採取するため、十和田湖内に 24 のサンプリング地点を設定し、各地点で年 4 回表層水と底層水を採取する。得られた環境 DNA に十和田湖に生息しないことが確実な淡水魚類の既知濃度の DNA を内部標準 DNA として加え、魚類ユニバーサルプライマー (MiFish) を用いて作成したライブラリを、次世代シーケンサーを用いて網羅的にシーケンスする。得られたリードから、サンプル中に含まれる魚種を同定し、内部標準 DNA のコピー数と魚種ごとの検出配列数を分析することで、各魚種の DNA 量を定量する。本手法を用いた十和田湖の魚類現存量追跡調査を 3 年間継続しておこない、環境 DNA 分析に基づく各種魚類の資源量や水産統計量の変動パターン、環境計測データからヒメマス資源量に影響する生態学的・水産学的要因を時系列解析や数理モデルを用いて明らかにする。

本課題で開発する環境 DNA 分析手法は、水産資源管理の他にも野生生物管理や環境教育など、以下に挙げるような様々な利用が期待される。

- ・青森県内の高精度な野生生物インベントリの作成
- ・青森県内に生息する希少生物の環境負荷の少ないモニタリング
- ・青森県内の侵略的外来種の早期発見
- ・学童を対象とした身近な自然の生物相を学ぶ体験的な学習
- ・市民参加型の野生生物調査を通じた地域環境保全の啓蒙



図 1

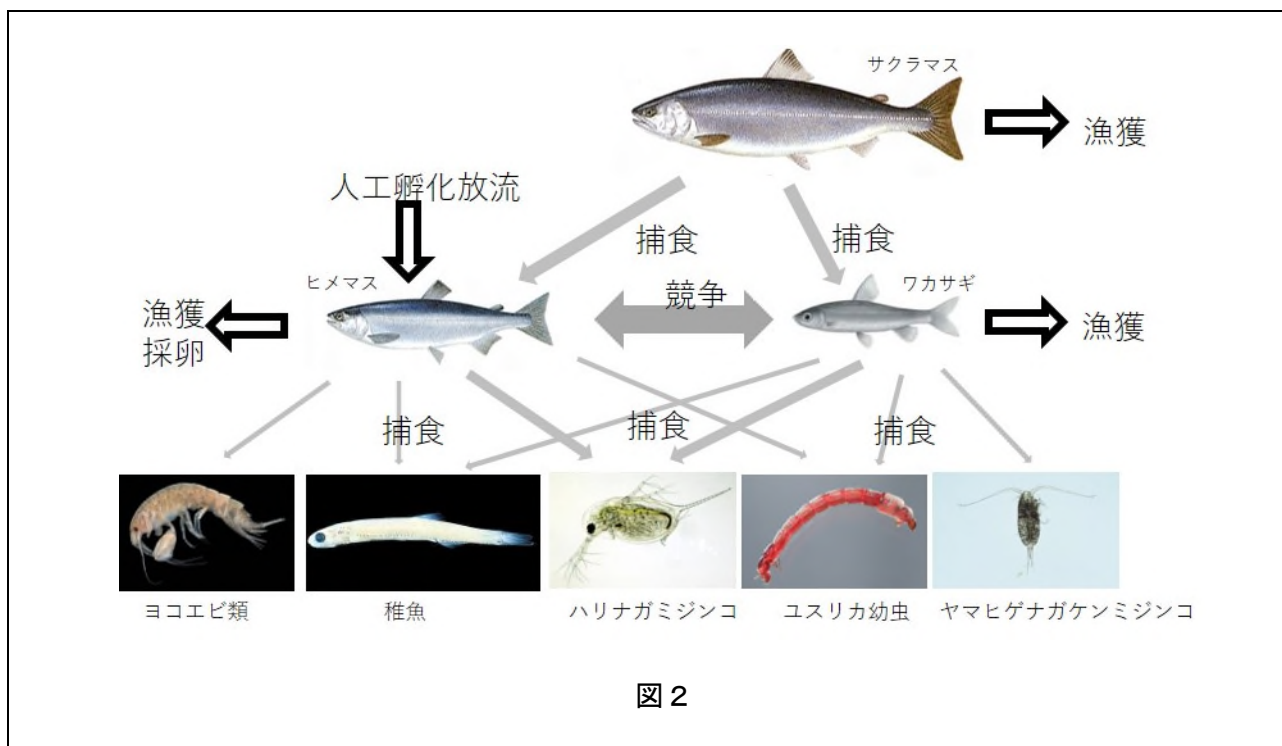


図2

2. 画像の説明

図1 少量の水をフィルターで濾過して環境DNAを得る

図2 環境DNAで生き物のつながりを解き明かす