

【4-1605】 遺伝情報解読ブレークスルーを活用した「種の保存法」指定種の最適保全管理 (2016~2018 74,204 千円)

研究代表者 井鷲 裕司 (京都大学)

1. 研究実施体制

- (1) ゲノム情報を活用した絶滅危惧種の最適保全管理 (京都大学)
- (2) 絶滅危惧種保全のためのバイオインフォマティクス解析 (東北大学)
- (3) 絶滅危惧種を構成する残存集団のデモグラフィック解析 (筑波大学)
- (4) 絶滅危惧種のゲノム情報の縮約解読技術開発 (東北大学)

2. 研究開発目的

本課題では、遺伝子解読技術におけるブレークスルーを活用し、社会的かつ行政的に保全の必要性が高い国内希少野生動植物種について、ゲノム情報を活用した、組織的、合理的、効果的な生物保全策を構築することで、「種の保存法」の有効実施を強力にサポートする手法を確立することを目的とした。この目的の達成のために、「種の保存法」の保全対象種 (国内希少動植物種) とその近縁普通種を対象にゲノムレベルの解読を行い (サブテーマ1)、その情報を解析することで、有害遺伝子の蓄積量や適応進化能力から希少種の存続可能性の評価 (サブテーマ2)、希少種の歴史的集団サイズの変動履歴解析 (サブテーマ3) を行う。また、微量サンプルや劣化サンプルでもゲノムレベルの遺伝情報を解読できる手法の開発・改善を行う (サブテーマ4)。

この研究アプローチを通して、COP10愛知ターゲットの目標12「2020年までに、既知の絶滅危惧種の絶滅及び減少が防止され、また 特に減少している種に対する保全状況の維持や改善が達成される」及び、目標19「2020年までに、生物多様性、その価値や機能、その現状や傾向、その損失の結果に関連する知識、科学的基礎及び技術が改善され、広く共有され、適用される」の達成に貢献する。野生生物保全をめざした法律において、保護対象種にゲノムレベルの遺伝解析を行い、適切な保全を図ることは世界的に見てもきわめて先進的な試みであり、ゲノム解読時代における新たな生物保全策のスタンダードを構築する。

3. 本研究により得られた主な成果

(1) 科学的意義

1) 機能遺伝子の網羅的解読によって、国内希少野生動植物種等希少種の脆弱性や環境適応性を評価することが可能になり、ゲノム情報に基づく絶滅危惧種の新たな評価基準を提言することができた。このことは世界的に見ても全く新たな生物保全のアプローチである。

2) 日本国内では極めて個体数が少ないために国内希少野生動植物種とされているが、

海外には相当数が生育している分類群について、解析サンプルは少数であっても、ゲノムレベルの解析を行うことで、国内希少野生動植物種の遺伝的独自性や国内における履歴・歴史を正確に知ることができた。希少種の保全価値評価などに活用が期待される。

3) これまで、時間・労力・経済性・分析対象試料の質・量の問題等により実施が困難であった保全遺伝学的情報取得法に関して、本研究により実効性のあるゲノム情報の縮約解読技術を開発した。希少種の保全状況や履歴などに関して科学的客観性に基づいた評価が可能になった。

(2) 環境政策への貢献

<行政が既に活用した成果>

1) 環境省は、国内希少野生動植物種に指定されている小笠原産固有希少植物について、個体の繁殖の促進、生息地等の整備等の事業の推進の必要性を認め、保護増殖事業を行っている。本研究で行われた国内希少野生動植物種に指定されている小笠原産固有希少植物の遺伝解析の結果は、実施計画の策定に活用されている。

2) 環境省と日本植物園協会の間で締結された「生物多様性保全の推進に関する基本協定書」に基づいて設立されたサガリラン野生復帰検討会において、今後の保全方法、域外保全集団の確立方法、人工交配の好適な組み合わせ方法などについて、本研究の遺伝解析結果が活用された。

3) 環境省東北地方環境事務所が行うチョウセンキバナアツモリソウ生育域外保全実施計画検討会準備会合等において、本研究成果であるゲノム縮約解読技術を用いたチョウセンキバナアツモリソウの分析結果を提示し、保全実施計画の検討に貢献した。

4) 桐生市によって国内希少野生動植物種カッコソウ保全のために設立されたカッコソウ協議会に対して、カッコソウの遺伝構造、遺伝子汚染の有無等情報を提供し、その保全活動に貢献した。

5) 環境研究総合推進費による他プロジェクト 4-1702「希少植物の自生地復元に向けた問題解決と基盤整備での活用」が行っている小笠原産希少種の遺伝解析にも本プロジェクトの解析結果を提供した。

6) 本プロジェクトで著しく解析能力の向上した縮約ゲノム解読技術 MIG-seq は、農研機構生研支援センター「イノベーション創出強化研究推進事業」において、簡易品種判定、効率的育種、税関での水際取締などを目指した、国内食用きのこ全登録品種の DNA 情報データベース構築と、他農産物にも応用できる汎用品種鑑定システムの開発に活用されている。

<行政が活用することが見込まれる成果>

1) 本プロジェクトで解析対象とした国内希少野生動植物種や希少植物に関して、それぞれの分類群で現存するほぼすべての野生個体について位置情報や生育状態、繁殖状況の確認、個体レベルの遺伝子型解読を行うことができた。野生個体数や域外保全個体数

が極めて少ない希少種について遺伝的な個体数を明らかにすることで、より効果的な保全策の構築が可能になった。

2)本プロジェクトで開発・改善を行ったゲノムの縮約解読法は少量の劣化試料にも適用可能であり、国内希少野生動植物の遺伝的個体識別や産地判定を行うことで、盗掘・違法売買を低コストで効果的に防止することや、近縁種との交雑による遺伝子汚染を検出することなど、行政による国内希少野生動植物種の効果的な保全策の実施に活用できる。

3)すでに多数が指定され、また、今後も多数が指定される予定である国内希少野生動植物種について、その絶滅リスクや存続可能性を事前に評価できる。また、ただ単に、個体数の少なさだけでなく、機能遺伝子の網羅的解読によって、国内希少野生動植物種等希少種の脆弱性や環境適応性を評価することが可能になり、ゲノム情報に基づく絶滅危惧種の新たな評価基準に基づいて、世界的に見ても先進的かつ合理的・効果的な保全策の構築が可能になる。

4)愛知ターゲットに関して、その目標 12（2020 年までに、絶滅危惧種の絶滅・減少が防止され、特に減少している種に対する保全状況の維持・改善が達成される）と目標 19（2020 年までに、生物多様性などに関連する知識、科学的基礎及び技術が改善され、共有適用される）について、生物多様性条約第 10 回締約国会議 (COP10)開催国としての責務遂行に貢献できる。

4. 委員の指摘及び提言概要

全般に期待通りの成果が得られ、サブテーマ間の連携もスムーズに行われている。希少種であっても種によってゲノムの健全度がまちまちである点などを見出しており、優先的に保護すべき種の判定を客観的基準により行い、合理的な保全策を構築することに貢献する重要な研究成果が得られている。今後は対象種の生息地環境等の現況も踏まえた保全計画に本成果を外挿する具体案につなげてゆく必要がある。この研究で得られた成果の中には、外来種の制御や将来予測に役立つ技術もあるように推測されるのでその面での技術、政策への反映も期待したい。また、動物の「種の保存法」についても、同様な研究を期待する。

5. 評点

総合評点：A