

研究課題番号	4RB-2401
研究領域名	自然共生領域
研究課題名	希少ヤマネコの糞由来DNAにもとづく高効率・高精度な遺伝的モニタリング手法の確立
研究代表者名（所属機関名）	松本悠貴（アニコム先進医療研究所株式会社）
研究実施期間	2024年度～2026年度
研究キーワード	絶滅危惧種、糞由来DNA、ツシマヤマネコ、イリオモテヤマネコ

研究概要、研究成果等

絶滅危惧種の遺伝的なモニタリングはこれまで、ミトコンドリアのDNAや、核DNAの短い反復配列といった限られた遺伝領域で調べられてきた。しかし、絶滅危惧種は個体数の減少に伴い遺伝的多様性が低くなっているため、限られた遺伝マーカーを用いた解析では、個体識別が実施できないといった、遺伝マーカーによる評価が困難なケースが見られる。そのため、より正確な多様性評価を行うためには、より多くの遺伝マーカーを使用した頑健な手法が必要となる。

本研究では、国内希少野生動植物種に指定されているイリオモテヤマネコとツシマヤマネコを対象に、両種の遺伝情報を高効率、高精度、低コストで得る手法を開発することで、保全政策の策定に有用な科学的なエビデンスを提示することを目的とした。

これまでの実績として、①DNA全体（ゲノム）のデータ解析、②種・個体・雌雄の3つの判別と遺伝的多様性の評価を可能にする遺伝マーカーセット（モニタリングパネル）の設計と生産、並行して③飼育下個体群および野生個体群の糞の検体収集・依頼を行うとともに、④当該パネルの予備実験により得られたデータを解析した。

イリオモテヤマネコでは、①の解析の結果、ゲノム全域で顕著な近親交配が進んでおり（図1）、想定以上に個体間で違いがある変異が検出されなかった。そのため、多数の遺伝子型の違いから個体識別を検出する今回の分析系では、イリオモテヤマネコでの個体識別は難しいことが示唆された。

ツシマヤマネコでは、①～④の解析の結果、解析個体数が現状では限られているものの、動物種判別、雌雄判別（図2）はともに成功率100%であり、現行の手法の値（各99%、42%）を上回っている。個体識別については50%と現行手法と同程度であったが、現行手法で対象外である遺伝的多様性の評価についても100%の成功率を実現した。目標値はいずれも80%であったため、ツシマヤマネコにおいては個体識別を除き本手法の設定目標をクリアするとともに、手法の有効性が示された。

今後はより多くの個体で検証しながら、とくに個体識別の精度向上のため、ターゲット領域の最適化により改善版のモニタリングパネルを作成するとともに、実験手法の見直しを行う予定である。

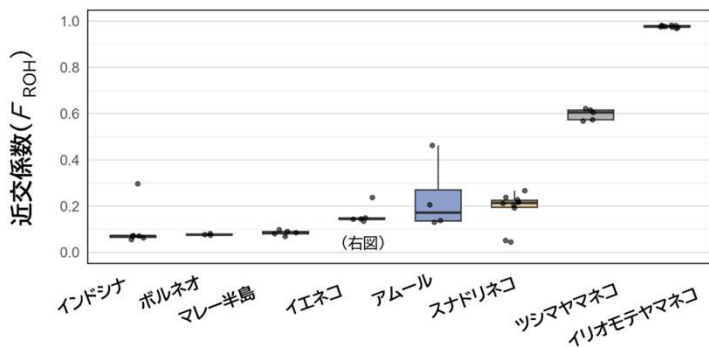


図1 ゲノムデータにもとづく近交係数の推定値

各点は個体を示し、縦軸の近交係数の値が1に近いとゲノムのホモ接合の度合いが高い。イリオモテヤマネコは近縁種と比較して非常に高い近交係数であり、個体間の遺伝的な違いがほとんどないことがわかった。



図2 雌雄判別マーカーの解析結果

各サンプルの灰色のバーが存在する場合、その領域の配列検出ができていないことを示す。野生のツシマヤマネコの糞はY染色体マーカーは検出されず、X染色体マーカーが多く検出されているため、メスに由来する糞と推定される。

環境政策等への貢献（の見通し）

- ・現在ツシマヤマネコを対象に行われている遺伝的モニタリング手法よりも、雌雄判別と遺伝的多様性評価の面で本手法が優れており、より多くの情報を得られ、保全政策の策定に活用できる。
- ・イリオモテヤマネコは遺伝的多様性がネコ科動物の中でも最も低い状態にあり、遺伝的な面では絶滅のリスクが高いことが示されたため、遺伝的多様性まで考慮した保全政策が重要である。