

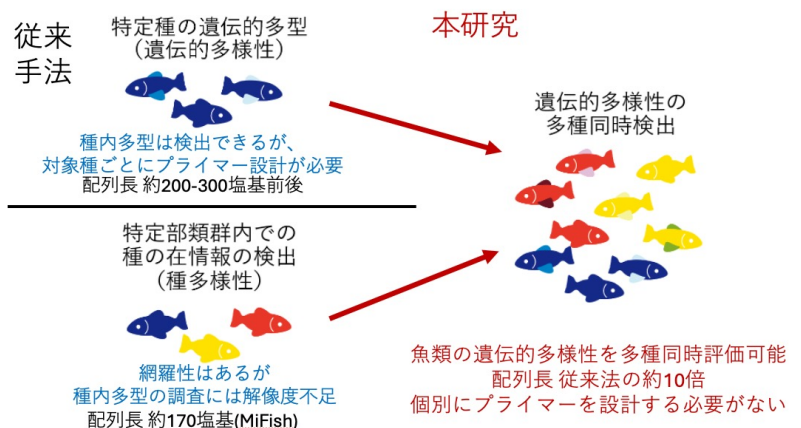
|           |                                      |
|-----------|--------------------------------------|
| 研究課題番号    | 【4RF-2301】                           |
| 研究領域      | 自然共生領域                               |
| 研究課題      | 「生物多様性ビッグデータの持続的創出に資する環境DNA分析手法の高度化」 |
| 研究代表者（所属） | 中臺 亮介（横浜国立大学）                        |
| 研究期間      | 2023年度～2025年度                        |
| 研究キーワード   | 環境DNA、生物多様性ビッグデータ、遺伝的多様性、分類群横断、見える化  |

## 研究概要と進捗状況（中間の2025年度時点）

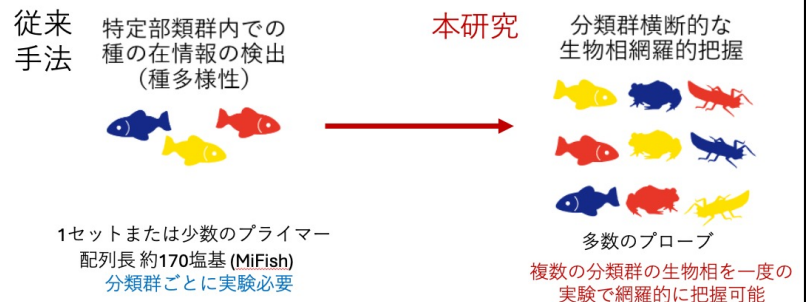
本研究では、従来の環境DNA分析手法を2つのアプローチから高度化し、生物多様性ビッグデータの持続的な収集に資する技術を開発する。1つは、データベース上で公開されている魚類のミトコンドリアゲノムデータを元に、通常より長い配列を解読することのできるロングリードシーケンスに対応した新たなプライマーを設計し、多種同時的に種内遺伝的多型（遺伝的多様性）を検出可能な技術を開発する。もう1つは、各分類群において蓄積された既存のプライマーとプローブ情報を元に、ターゲットキャプチャー法による分類群横断的（魚類、両生類、水生昆虫など）に生物相情報を網羅的に把握することができる技術を開発する。開発した2つの手法は、それぞれ室内の水槽実験と半自然状態の水族展示の水槽を対象として、性能評価を実施する。これらの性能評価を通じた手法確立の後、琵琶湖を対象とした環境DNAサンプリングを実施し、手法の利用可能性を検証すると共に、魚類の遺伝的多様性及び分類群横断的な種多様性の“見える化”を試みる。将来的にはこれらの高度化した環境DNA分析手法を用いることで、現在進行形で必要性が高まっている日本列島全域での生物多様性情報の持続的な取得に役立てる。

ロングリードシーケンスを用いた手法については、プライマーを設計し、既に水槽実験と水族展示における検証を実施し、多種の遺伝的多型の情報が一度に収集可能であることを確認している。ターゲットキャプチャー法については、候補プローブを設計するためのプログラムと手順を構築した。これにより、配列情報が入手できれば、今後も同様の手順で候補となるプローブ配列を設計することができる。既に魚類、水生昆虫類を対象として、候補となるプローブ配列を設計している。今後は分類群を増やすと共に上記で開発中の手法を実際に野外で適用するため、琵琶湖周辺の研究者と連携しながら、調査船を用いた採水と沿岸部の採水を計画している。

### ○ロングリードシーケンスによる新規手法



### ○ターゲットキャプチャー法による新規手法



## 環境政策等への貢献

○ロングリードシーケンスの手法の確立により、環境DNAから取得できる情報が高解像度化すれば、従来困難だった近縁種間の識別が可能になるだけでなく、外来種と異なる地域系統の侵入と在来種の交雑による遺伝的攪乱のリスクなどの早期発見が可能になる。

○ターゲットキャプチャー法による分類群横断的な検出手法の確立により、実験に要する時間コストを減らし、より多くのデータを取得できるようになる。

○両手法とも環境省の環境DNA関連事業に導入することで、環境政策への貢献が期待できる。