

【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 (H28～H30)

研究代表者 井鷲 裕司 (京都大学)

1. 研究開発目的

本申請課題では、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する。「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。

2. 研究の進捗状況

本プロジェクトの 4 個のサブテーマにおいて、予定通り、あるいは予定以上の進捗状況となっている。サブテーマ 1 は国内希少動植物種とその近縁普通種、2 組についてゲノムレベルの DNA と RNA の塩基配列情報をそれぞれ RAD-seq と RNA-seq によって解読することを計画していたが、RAD-seq に関しては計画通り 2 組について解読できた。野生生物を対象として量・質共に十分な RNA 抽出と解析を行う事は不確実性を伴うが、本サブテーマでは予定を超える 3 組の分類群について RNA-seq に成功したので、サブテーマ 2 で、より信頼度の高い比較解析が可能になった。

サブテーマ 2 では、環境適応や進化に関連する遺伝情報を用いた保全ゲノミクスを実行するためのバイオインフォマティクスのパイプラインを構築した。サブテーマ 1 から得られた小笠原固有の国内希少動植物種とその近縁普通種の RNA-seq データに解析手法を適応し、国内希少動植物種ではゲノム内に保持されている有害遺伝子が多いことや、多様な環境や環境変動に対する適応進化能力が低いことなど、従来の保全遺伝学的解析では得られなかった、画期的な事実を明らかにする事ができた。

サブテーマ 3 では、サブテーマ 1 で得られた RAD-seq データを用いて、国内希少動植物種の残存集団のデモグラフィック解析を行った。RAD-seq データの中から、遺伝構造やデモグラフィック解析に適した中立遺伝子座を選別するパイプラインを構築した。本サブテーマで行った過去の集団サイズ変動を復元する解析は、植物の核 DNA を対象にした保全遺伝学的研究では前例がなく、新規性の高い保全遺伝学的情報を提供できた。

サブテーマ 4 では、入手可能な解析サンプルが微量であったり、劣化している事が多い絶滅危惧種においても、ゲノム情報を解読できる手法の開発・改良を目的とし、想定以上の成果を上げることができた。MIG-seq 法をベースにプロトコルの改善を重ねることで、ゲノム縮約解読における解析遺伝子座数を増加させ、かつ、解析の正確性を大きく向上させることに成功した。

3. 環境政策への貢献(研究代表者による記述)

① より効率的かつ合理的な保全策の構築

■2013 年 6 月に改正された「種の保存法」では、2020 年までに 300 種もの絶滅危惧種を国内希少動植

物種に指定しようとしている。保全のために使用できる各種資源（予算、労力、専門知識など）を有効に活用して、指定された国内希少動植物種を適切に保全するためには、各々の国内希少動植物種の存続可能性、脆弱性を正確に把握し、種の状況に応じて適切な資源配分と保全管理を行う必要がある。

■本研究のサブテーマ2で採用した方法を用いれば、ゲノム内に蓄積されている有害遺伝子の総量や、進化・環境適応能力を直接的に測定・評価することが可能である。従って、従来、おもに個体数から判断されてきた絶滅危惧種の保全状況、存続可能性をより正確に評価でき、現在、環境省などが行っている保護増殖事業などを通して「種の保存法」の有効実施をサポートすることが可能である。

■本研究のサブテーマ3で採用した方法によって、絶滅危惧種を構成する複数の地域個体群について、それぞれの分岐時期や歴史的な有効集団サイズの変遷を推定することが可能である。この情報は、国内希少動植物種の保全にあたって、地域個体群ごとに保全状の重要性を評価する際に活用でき、より効率的な「種の保存法」の実施を実現できる。

② 簡便なゲノム情報解読による国内希少動植物種の全個体遺伝子型解読

■ゲノム情報は国内希少動植物種のような絶滅危惧種保全にきわめて有益であるが、これまでゲノム情報解読には良質のサンプルが大量に必要であった。

■本研究のサブテーマ4で開発・改善された手法を用いれば、多様な分類群を対象に簡便に数百から千遺伝子座における遺伝的変異を解読できる。

■この手法は既に環境省が行っている絶滅危惧種の保全対策検討のための調査等委託業務にも用いられており、平成28年度は琉球列島に生育する国内希少動植物種6種と絶滅危惧種3種、合計9種を対象に野生個体の網羅的遺伝子型解析を行い保全単位の設定など、生物多様性保全に必要な不可欠な情報を提供した。

4. 委員の指摘及び提言概要

絶滅危惧種の保全に関し、新しい基準を提案しており、環境行政への貢献が期待できる。特に域外保全が必要な種の検出に役立つと考える。環境政策としては一定以上の有害突然変異量のある種については（野外個体群の維持が不可能レベル）、積極的保全策はむしろ不要かもしれない（絶滅が不可避の運命なら）。こういう手法を事業ベースで行う場合の効率的なシステム（スクリーニング、保存手法、域外保全の必要性、優先度）を提言できるような形でアウトプットを出してもらおうと良い。

5. 評点

総合評点：A