

【課題番号】 4-2001

【研究課題名】次世代 DNA バーコードによる絶滅危惧植物の種同定技術の開発と分類学的改訂

【研究期間】 令和 2 年度（2020 年度）～令和 4 年度（2022 年度）

【研究代表者（所属機関）】

矢原徹一（一般社団法人九州オープンユニバーシティ）

## 研究の全体概要

生物多様性条約第 10 回締約国会議で合意された愛知目標では、「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」ことを目標 12 に掲げている。わが国ではこの目標達成のために、種の保存法に基づく国内希少野生動植物種への指定を進めるなどの努力を行っている。しかし、種数が多い維管束植物では、分類学的研究が完成されておらず、絶滅危惧植物に関する分類学的研究を迅速に行う技術の開発が急務となっている。本研究では、以下の 3 つの方法によって、わが国における未記載種の網羅的探索を行う。これら未記載種とその近縁種の DNA 配列差を MIG-seq 法、およびマルチ・バーコーディング法により決定し、この結果をもとに新種記載、および近縁種間の分類学的整理を行う。

(1) 新種の可能性がある植物のリストを作成し、これらについて現地調査を行い、DNA 分析用の試料と証拠標本を得る。代表者が把握しているだけでも約 20 種の新種候補があり、おそらく 50 種程度の新種候補がすでに知られている。これらの多くは絶滅危惧種であり、これらを正式に発表するとともに、絶滅リスクの評価を行い、レッドリスト掲載に向けて資料を整える。

(2) ギボウシ属など、分類学的研究が遅れており、研究を進めれば新種が発見されることが確実視されるグループについて、全国調査を行い、分類学的研究を進める。

(3) 絶滅危惧種を含む種多様性が高く、新種が発見が期待される地域（九州中南部、南西諸島、四国、紀伊半島、中部地方など）においてトランセクト法による全種調査を行い、新種を探索する。

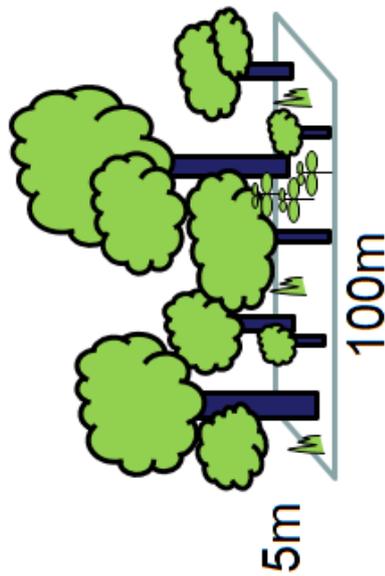
植物の DNA バーコーディングには葉緑体 DNA の *rbcl*, *matK*, *psbA-trnH*, *trnL intron* など、および核 DNA の ITS1, ITS2 が広く用いられてきた。しかし、これらの配列をすべて決定してもなお、近縁な植物種間での種特異的な違いが見いだせないことが多かった。これに対して MIG-seq 法を用いれば多くの植物群において種を効率よく、高精度で識別できる。また、MIG-seq 法から得られる遺伝子型情報を個体識別に利用することもできる。この方法は今後、近縁種の識別・個体の識別に広く利用できる次世代 DNA バーコーディング法として、世界標準になり得るものである。

この技術を国内特定希少種に適用するうえでの大きな課題は、網羅的 DNA 試料・標本の採集である。本研究では、100m x 5m の小区画を用いた網羅的植物調査法を、絶滅危惧種や固有種が多い地域に適用する。この調査で得られる試料を MIG-seq 法で分析し、わが国における未記載の希少種・絶滅危惧種を探索し、これらの分類学的検討を行う。この研究を通じて、既知の多くの希少種・絶滅危惧種についても MIG-seq データを取得し、国内特定希少種の種指定に活用する。最終的に、日本の自生植物種の約 70% を網羅する 3500 種の次世代 DNA バーコードデータをデータベース化し、汎用性のある形式で公開する。また、このデータベースを利用して種同定を行うことができる検索システムを公開する。

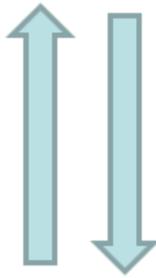
以上の成果にもとづいて、レッドリストの改訂、および国内特定希少種指定に貢献する。

サブテーマ1：絶滅危惧植物の新種候補および絶滅危惧植物を含む同定が困難な群の分類学的研究

全国360地点で野外調査を実施  
100 × 5 m内の全種を識別して採集



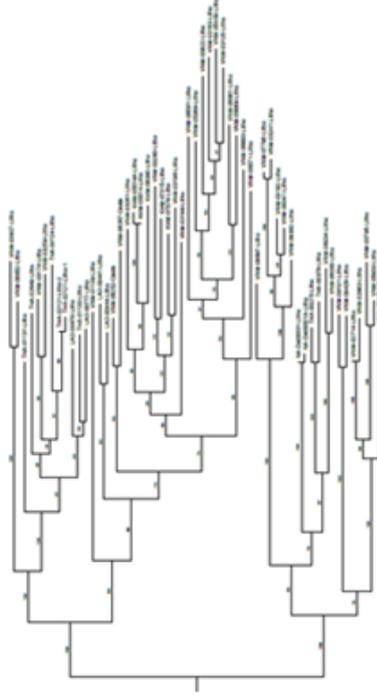
試料の提供



系統樹の提供

サブテーマ2：絶滅危惧植物の種同定・新種記載のための次世代DNAバーコードの開発

ゲノム全体のDNA多型を利用したMIG-seq法による分子系統解析



分類が困難な絶滅危惧植物を含む日本自生種の分類の網羅的再検討

3500種(日本自生種の70%)の次世代DNAバーコードデータの開発

最終目標：種識別の客観的根拠を提示することによって、レッドリストの改訂、および国内特定希少種指定に貢献