

【課題番号】 4-2004（JPMEERF20204004）

【研究課題名】 環境 DNA に基づく希少種・外来種の分布動態評価技術の開発と実践

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

【研究代表者（所属機関）】 荒木仁志（北海道大学）

研究の全体概要

生態系サービスを支える生物多様性と地域生態系の健全な維持管理は、国連が掲げる持続可能な開発目標（SDGs）の根幹を成している。しかしながら、捕獲調査に基づく現行の生物多様性評価手法は経費・労力等の制約から局所的・限定的にならざるを得ず、希少種・外来種対策の適切な優先度選定を困難にしている。

近年生態学ツールとして脚光を浴びる「環境 DNA 技術」は、この問題への有効な解決手段となり得る。環境 DNA とは、環境媒体（河川水、土壌、空気等）に含まれる生物由来の DNA を指す。これまで我々が実施してきた環境研究総合推進費研究（4RF-1302、4-1602）等により、環境 DNA に基づく種特異的検出法や多種を同時検出する環境 DNA メタバーコーディング法は飛躍的な進歩を遂げてきた。一方で環境 DNA を用いた希少種・外来種のモニタリングや生物多様性評価には様々な課題が残されている。例えば河川水由来の DNA の場合、環境要因により拡散・分解速度が変動するため、DNA 量に基づく生物量推定には現状 10 倍以上の誤差が生じると考えられているが、その精度が適切に検証されているとは言い難い。また希少種のように生息密度の低い生物種においては環境 DNA 濃度が検出限界を下回る可能性が高いうえ、既存の環境 DNA 技術では遺伝的多様性の低下に伴う絶滅リスクの上昇を把握できない。更にスナップショットとしての在不在情報だけでは時系列動態が掴めず、その情報のみから保護・駆除の優先種や優先地域を特定するのは難しい。

そこで本研究では、種レベルでの希少種・外来種の生物量推定精度の検証と手法改良に加え、環境 DNA を用いて種内変異と集団遺伝構造を解析する技術を開発し、希少種の遺伝的多様性評価や外来種の侵入規模推定を可能にする。更に従来の環境水に加え、より長期的な生物動態を反映し得る水圏堆積物コアを用いた環境 DNA 解析を組み合わせることにより、時系列に沿った個体群動態情報を得ることを目指す。生物量、遺伝的多様性と時系列動態の情報統合を行うことで、希少種の絶滅リスクや外来種分布拡大等の実態をより効率的かつ正確に把握でき、緊急性の高い種や保全・駆除優先地域をよりの確に選定することが可能となる。

これらの手法確立により、特に生態系への影響が大きい希少種・外来種のより広域かつ正確な分布把握が実現すると共に、その生物分布・生物量の時系列変動や遺伝的多様性の評価に基づき、重点対策地域の選択基準が飛躍的に明確化されることが期待される。

