

【課題番号】 4RB-2401

【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

【研究期間】 2024 年度（令和 6 年度）～2026 年度（令和 8 年度）

【研究代表者（所属機関）】 松本悠貴（アニコム先進医療研究所株式会社）

研究の全体概要

遺伝的多様性の低下は、病原菌等への耐性や、気候変動への対応能力といった、生物の適応能力の低下等を通じて、当該種の絶滅のリスクを高める。そのため、希少野生動植物種の保全において、遺伝的多様性を適切にモニタリングし、必要に応じて保全政策を行うことが重要である。

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領域で調べられてきた。しかし、絶滅危惧種のように遺伝的多様性が低くなっている場合、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。また、既存の手法では、糞便に存在する夾雑物の影響により、実験の成功率が低いことも課題である。

近年の次世代シーケンサーと関連する計算機の発展、DNA の抽出や次世代シーケンサーの調整試薬の品質の向上により、これまでは DNA の品質の問題で解析することが困難だった糞便からも、多くの遺伝領域の解析が可能になってきた。

本研究の目的は、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で実施されている、遺伝的モニタリング調査における成功率と判別率を高め、両種の遺伝情報を高効率、高精度、低コストで得ることで、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である。この目的を達成するため、糞由来の DNA を用いて、核 DNA 全体（ゲノム）のうち、これらの種を特徴付ける領域をターゲットとした遺伝的モニタリング手法を新たに開発することを目指す。

本研究の手法を確立することで、野生ヤマネコ類の性比や親子関係といった基礎情報を収集できる。また、正確な個体識別が可能になることで、より高い精度での個体数推定が可能となる。その結果、重点的に保全すべき個体群や地域を可視化し、環境政策の限られた経済的、人的リソースを、優先度をつけて効率的に配分することが可能となる。さらに、野生復帰技術開発とともに再導入の計画が進められているツシマヤマネコにおいては、飼育および野生集団の遺伝情報を比較することで、飼育集団のどの個体を、どの地域に再導入すべきかを具体的に検討できる。以上から、本研究は科学的根拠をもとに、希少動物の保全に向けた環境政策に大きく貢献する。

研究の全体概要図

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
(アニコム先進医療研究所)

これまでの希少ヤマネコ類の遺伝的モニタリング調査の課題

1. 糞便由来のDNAの品質が悪く、対象遺伝子の配列決定の効率が低い
2. 種内の遺伝的多様性が低いため正確な個体識別が困難



解決方法

全ゲノム解析により塩基配列を効率的に決定でき、かつ多様性のある領域を選抜するとともに、高効率な実験試薬を用いてこれらの課題を解決する

本研究課題の対象種

環境省レッドリスト 絶滅危惧 I A類(CR)



ツシマヤマネコ
@対馬

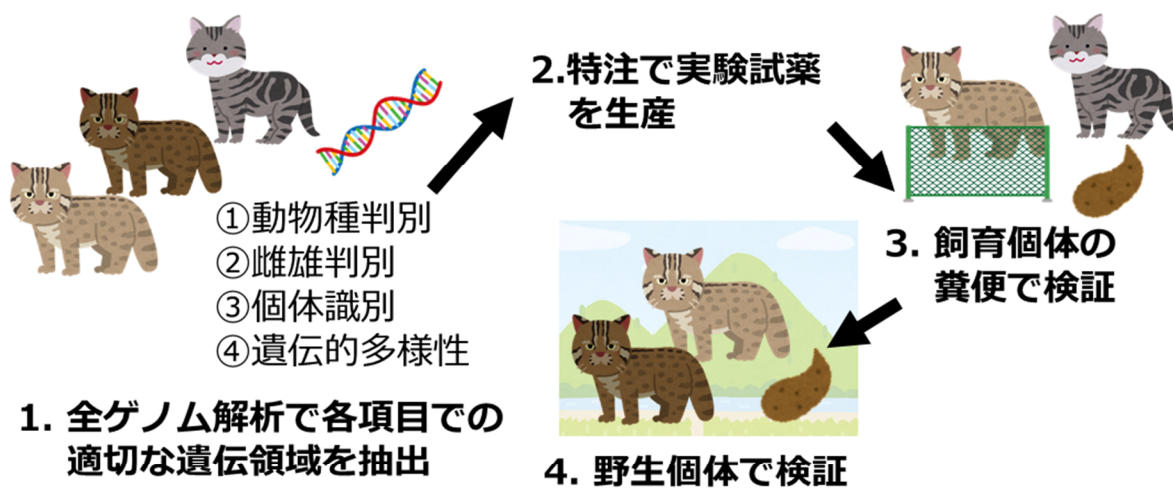


イリオモテヤマネコ
@西表島

侵略的外来種



イエネコ
@全国各地



高効率・高精度なモニタリング調査の実現

→ 希少種の保全のみならず外来種問題に関する環境政策にも貢献