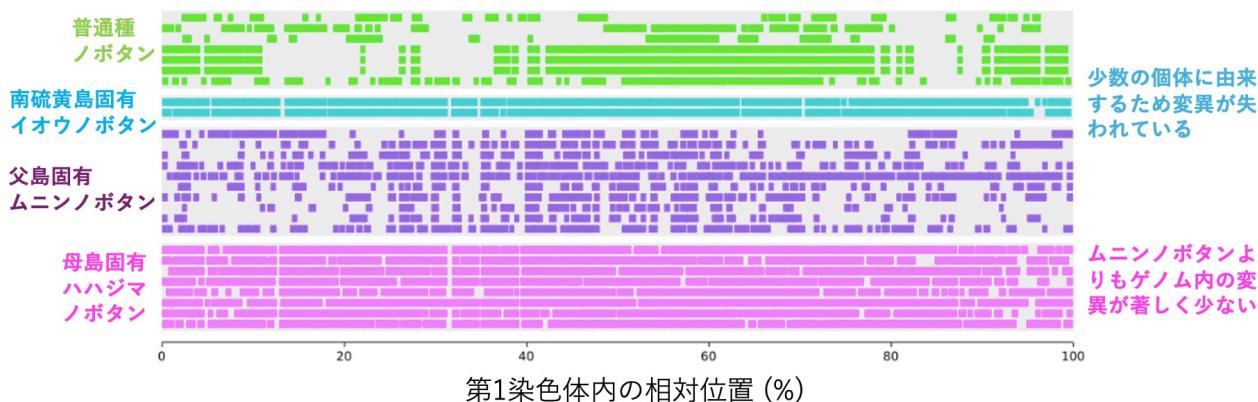


研究課題番号	4MF-2202
研究領域名	自然共生領域
研究課題名	保全ゲノミクスによる保護増殖事業対象種の存続可能性評価
研究代表者名（所属機関名）	井鷺裕司（京都大学）
研究実施期間	2022年度～2024年度
研究キーワード	保全ゲノミクス、生物多様性保全、絶滅危惧種、種の保存法、個体群動態推定

研究概要、研究成果等

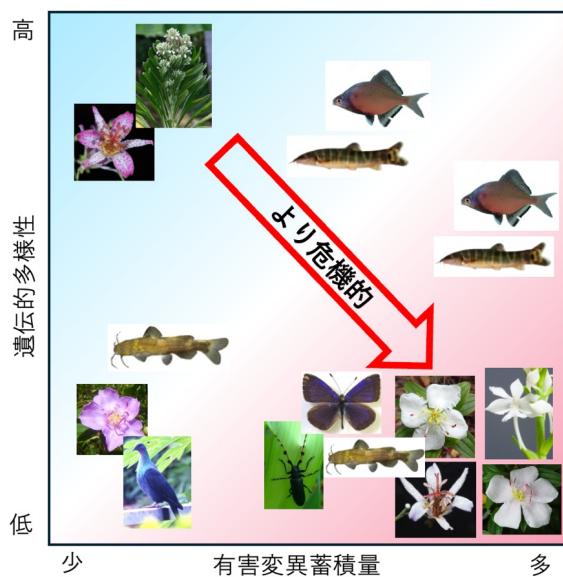
■この研究課題では、種の保存法による保護増殖事業対象種の存続可能性評価を行うために、ゲノム情報に基づいて希少種の歴史や脆弱性を推定し、野生集団と生息域外保全集団の将来予測を行うことを目指した。それぞれのサブテーマで2種、合計6種の解析を研究の当初目標としたが、研究期間を通して目標を超える16種について解析を行うことができた。

■かつて大集団で存在していた保護増殖事業対象種が開発や汚染などによって小集団になるまでに、個体のゲノム・遺伝構造にもたらされた変化を希少種ごとに見出すことができた（下図は小笠原産ノボタン属のゲノム構造の解析例。塗りつぶされた領域では遺伝的変異が消失している）。



■本研究では鳥類、植物、魚類、昆虫類から多様な希少種を対象に詳細なゲノム解析を行った。これらの分類群は生存する個体数が著しく少ないという点で共通しているのにもかかわらず、個々のゲノムの状態は、解析分類群や集団によって大きな違いが見出された。ゲノムの状態を示す要素の中で、生物保全上重要な要素である有害変位量と遺伝的多様性には、過去の個体群動態を反映して解析分類群ごとに大きな違いが認められた。右図では右下に向かうほどより危機的な状況にある。

■個体数だけでなく、これらのゲノム情報を活用することで、保護増殖事業対象種のより正確な危機評価・将来予測や、適切な保全策の提案が可能になった。



環境政策等への貢献

■保護増殖事業で個体群が回復あるいは崩壊した分類群には、それを裏付けるゲノム構造があることが判明した。ゲノム情報を有用に活用することで、より効果的な保全策の構築が可能になる。

■ゲノム解析によって、保護増殖事業対象種よりも危機的である種も検出された。このような種に関しては手遅れにならないように迅速な保全対策を開始することが望まれる。