

Point

環境DNA分析技術は、海域への適用も可能です。採水(採泥)だけで生物の生息状況を把握できる環境DNA調査の利点により、外洋域や深海底など、これまでは調査が困難であった場所においても、効率的かつ効果的な生物調査が行えるようになります。

環境DNA調査の海域への展開

環境創造研究所 遺伝子解析室、九州支店 環境調査・化学部

※本調査は、一般社団法人全国水産技術者協会との共同研究として実施しました。

海域における学術研究事例

環境DNA調査の研究例や実用事例は、河川や湖沼など淡水域で行われたものが大半でした。世界で最初に環境DNA調査が海域でも適用可能であることを示した研究は、デンマークのThomsen *et al.*(2012)によるものです。彼らは、漁港の内外で1地点あたり海水1.5Lを採水して計15種の魚類を検出することに成功し、環境DNA調査が海域でも行えることを示しました¹⁾。

(1)海外の事例

海外での事例は、ここ2~3年で特に増加する傾向にあります。グリーンランド沖における中層深海性魚類の水産資源量を調査する手法として、従来のトロール漁法と環境DNA調査法が比較され、従来法で確認された魚種の約93%が環境DNAでも検出されました(図1)。また、両法による調査結果(漁獲重量とDNA配列数)に有意な正の相関が認められ、環境DNA調査が資源量推定法として使える可能性が示唆されました²⁾。

オーストラリア西部海域では、継続的な定点モニタリング調査を実施するなかで観測された「夏季の異常な高海水温」が発生した年の前後で、当該海域の生物多様性がどのように変化したのかが明らかにされました³⁾。この研究では、8つの遺伝子領域を対象とした環境DNA分析を組み合わせることにより、刺胞動物、軟体動物、甲殻類、魚類等のほか合計20門245科にわたる非常に広範囲の生物分類群が検出されています。また、同時に測定された化学的水質調査のデータと統合することで、環境DNA調査が急速に変化する気候状況の下で海洋の健康状態を監視するための強力なツールとなりうる可能性が示されました。

(2)日本の事例

日本国内では、舞鶴湾を対象海域とした実証的な研究が精力的に行われています。舞鶴湾内の一部に網の目状に47か所の調査地点を設定し、2014年の初夏に湾内の優占種となるマアジを対象とした調査が行われました。この調査では、環境DNA調査と計量魚群探知機を用いた調査を同じ地点で実施し、そこで得られた資源量を比較しました。この結果、環境DNA濃度と魚群サイズには有意な正の相関がみられたことから、環境DNA調査により海域におけるマアジの生物量を把握できることが明らかとなりました⁴⁾。また、魚類相を網羅的に調べることが可能なMiFish法により前述のサンプルを分析した結果、過去14年間にわたる潜水観察調査で確認されていた魚種の62.5%(40種)が、わずか1日6時間の環境DNA調査により検出されました⁵⁾。

環境DNA調査は、ニホンウナギの産卵場推定にも利用されています。これまでの研究で産卵場と考えられている西マリアナ海嶺周辺の海域9か所のそれぞれ12層の水深で採水を実施し、合計108検体について環境DNA分析を行ったところ、水深250mおよび400mで採水した3検体からニホンウナギのDNAが検出されました⁶⁾。

これらの事例のように、広大な海域では捕獲や観察による生物調査は膨大な労力とコストがかかりますが、環境DNA調査を行えば効率的な調査が可能となります。このように環境DNA分析技術を用いた調査手法は、海域調査においても活用効果が高いと考えられます。

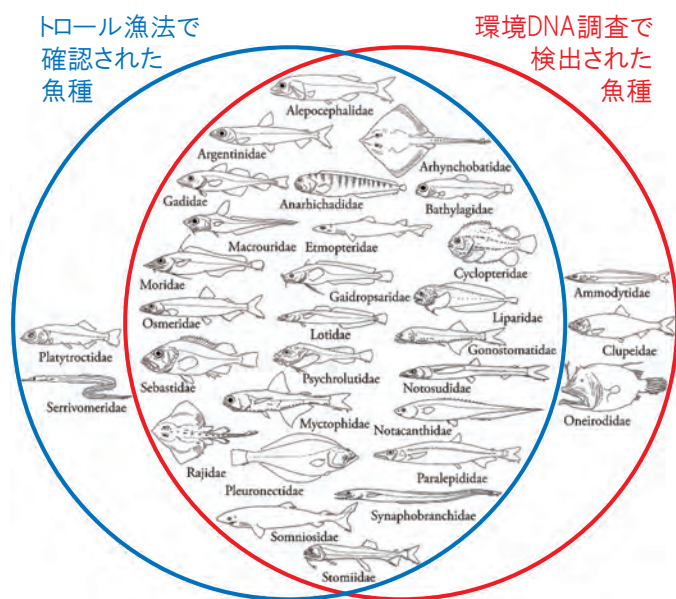


図1 トロール漁法と環境DNA調査で確認された魚種 (Thomsen *et al.*(2016)のFig.2を改変)

有明海におけるナルトビエイを対象とした調査

(1)背景

有明海はアサリやタイラギなど二枚貝類の好漁場として広く知られてきましたが、その漁獲量は、1980年代から急激に減少しています。その原因として、貧酸素水塊や底質の悪化などさまざまな環境要因が挙げられてきましたが、二枚貝類を好んで食べることで知られる魚類「ナルトビエイ」が2000年頃から有明海で増加し始めたこともその一因ではないかと考えられています⁷⁾(写真1)。



写真1 ナルトビエイ

有明海におけるナルトビエイは、毎年4月頃から個体数が増加し始め、夏季には湾内を回遊しながら摂餌や繁殖活動を行い、海水温が低下する11月以降には湾外へ移動することが知られています⁷⁾。本種は、水産庁から「漁業有害生物」に指定されており、漁業被害対策として年間数十～数百トン程度が駆除されています。その一方で、環境省版海洋生物レッドリスト(2017)においては、準絶滅危惧にランクされており、その評価については来遊量や行動生態等の生物学的な基本情報をさらに集めたいうえで、慎重に考慮する必要があります。そこで今回は、ナルトビエイの来遊量(生物量)を把握するための調査手法として、環境DNA分析技術が有効かを検討する調査を行いました(写真2)。



写真2 環境DNA分析サンプルの採水作業(有明海)

(2)調査概要

有明海の干潟では、日最大約6mに及ぶ干満差が見られます。調査の実施にあたっては、この日本一大きな干満差が、環境DNA調査に影響するのではないかと懸念がありました。潮汐の影響の強い海域での調査事例は全く知られていないため、まずは最適な採水タイミングがいつなのかを検討する必要がありました。そこで、湾内の2か所に調査地点を設定し、採水位置を固定したうえで、1時間間隔の採水を12時間連続で実施することで、潮汐等の影響による環境DNAの検出レベルの変化を把握しました。

調査の結果、採水した時間によって検出レベルに大きな違いがあることがわかりました。これにより有明海におけるナルトビエイの環境DNA調査の採水タイミングは、下げ潮時が最適であると推察されます。今回の調査を行った8月は、ナルトビエイの繁殖期であり、日中は干潟等の浅場に集まっていたと考えられます。このことから、採水地点近くの浅場の海水が、潮汐の影響により沖方面に動いていた時間に採水することで、環境DNAを効果的に検出できることがわかりました。

今後の展開

近年、洋上風力発電や海底鉱物資源開発など海域での開発事業が注目を集めています。一方で、生物多様性の保全や持続可能な資源利用等の観点から、沖合域における海洋保護区の設定に向けた動きが加速しています。開発と環境保全の両立を目指すためには、海洋生物の生息状況の把握や開発に伴う影響評価調査を行う必要が生じますが、このような調査には簡便で効率的な調査が可能な環境DNA分析技術が有効と考えられます。今後、増加すると考えられる海洋生物のモニタリング調査に向けて、これからも技術開発を進めながら、皆様のニーズに合わせたご提案を行ってまいります。

〔参考文献〕

- 1) Thomsen *et al.*(2012), Detection of a Diverse Marine Fish Fauna Using Environmental DNA from Seawater Samples, PLOS ONE, 7(8): e41732.
- 2) Thomsen *et al.*(2016), Environmental DNA from Seawater Samples Correlate with Trawl Catches of Subarctic, Deepwater Fishes, PLOS ONE, 11(11): e0165252.
- 3) Berry *et al.*(2019), Marine environmental DNA biomonitoring reveals seasonal patterns in biodiversity and identifies ecosystem responses to anomalous climatic events, PLOS Genetics, 15(2): e1007943.
- 4) Yamamoto *et al.*(2016), Environmental DNA as a 'Snapshot' of Fish Distribution: A Case Study of Japanese Jack Mackerel in Maizuru Bay, Sea of Japan, PLOS ONE, 11(3): e0149786.
- 5) Yamamoto *et al.*(2017), Environmental DNA metabarcoding reveals local fish communities in a species-rich coastal sea, Sci. Rep., 7: 40368.
- 6) Takeuchi *et al.*(2019), First use of oceanic environmental DNA to study the spawning ecology of the Japanese eel *Anguilla japonica*, Mar. Ecol. Prog. Ser., 609: 187-196.
- 7) 川原逸朗, 伊藤史郎, 山口敦子(2004), 有明海のタイラギ資源に及ぼすナルトビエイの影響, 佐賀県有明水産振興センター研究報告, (22): 29-33.