



報道関係各位

大阪大谷大学

環境 DNA で侵略的外来種ブルーギルの分布拡大経路を再現 効率的な外来種防除への新たな一歩

【本研究成果のポイント】

- 侵略的外来種であるブルーギルが、過去に分布を拡大した経路を、水に含まれる DNA (環境 DNA) の分析により再現することに成功。
- ブルーギルの初期定着地であり供給源と考えられる琵琶湖には、本種の遺伝的なタイプ (ハプロタイプ) のすべてが存在するが、琵琶湖から離れるにつれ、ハプロタイプの種 類が減少するパターンを検出。このパターンは、ブルーギルが琵琶湖から周辺水域へ分 布を拡大する過程で確率的にハプロタイプの多様性を失ったことを示唆。
- 環境 DNA を用いたハプロタイプ組成モニタリングにより、外来種が分布を広げる経路を推定できる可能性を実証。環境 DNA 分析の迅速性・簡便性を生かした外来種防除への活用に期待。

【概要】

大阪大谷大学薬学部の内井喜美子准教授と脇村圭助教、岐阜県水産研究所の米倉竜次専門研究員、および龍谷大学生物多様性科学研究センターの山中裕樹教授による研究チームは、日本における侵略的外来種ワースト 100 にランクされているブルーギルの遺伝的なタイプ(ハプロタイプ)を迅速に検出する環境 DNA 分析手法を開発しました。この手法を用いて西日本広域で環境 DNA 調査を実施した結果、ブルーギルが琵琶湖を供給源とし、周辺の水域へ徐々に分布を拡大したことを示す遺伝的な痕跡を検出しました。

外来種の新たな生息地への侵入は少ない個体数で始まることが多いため、分布を拡大するにつれ、ボトルネック効果により遺伝的な多様性が失われやすいことが知られています。 研究チームはこの特徴に着目し、外来種に見られる遺伝的多様性低下のパターンを環境 DNA から検出できれば、分布拡大経路の迅速な推定を実現できると考えました。

そこで、琵琶湖を含む 33 ヶ所の水域で採取した水から環境 DNA を抽出し、ブルーギル DNA の塩基配列を超並列シーケンサーを用いて解読しました。その結果、移植記録等から ブルーギルの供給源と考えられる琵琶湖では、本種の遺伝的なタイプ (ハプロタイプ) のすべてが検出され、琵琶湖から離れるにつれ、検出されるハプロタイプの種類が減少することが明らかとなりました。この結果は、外来種が分布を拡大する際に遺伝的多様性を消失するパターンとよく一致しました。つまり、ブルーギルが琵琶湖を供給源として周辺水域へ徐々に拡散したという分布拡大経路が再現されました。

本研究では、環境 DNA 分析により、外来種の分布拡大経路を再現することに成功しました。わずか 1 リットル程度の水を採取するだけで行えるこの簡便かつ迅速な環境 DNA 分析手法は、素早い対応が求められる外来種防除において強力なツールとなると考えられます。将来的には、本手法のようなアプローチが、外来種の拡散経路の遮断や防除対策へと活かされることが期待されます。



【背景】

外来種の防除において、早期発見・早期駆除は、さらなる分布の拡大を防ぐ上で重要です。しかし、外来種の新天地への侵入は、通常とても少ない個体数で始まるため、早期発見は非常に困難で、これが外来種の効率的な防除を妨げるひとつの原因となっています。この問題を解決する可能性があるのが環境 DNA 分析です。水にはそこに生息する生物に由来する DNA (環境 DNA) が含まれています。したがって、水から DNA を抽出し解析すれば、生物を捕獲せずともそこに棲む生物の情報を得ることができます。捕獲や目視観察にくらべ、迅速かつ簡便に実施できるだけでなく、検出感度も高いことが様々な生物種において実証されており、外来種のサーベイランスへの活用も期待されています。

ブルーギル(Lepomis macrochirus; 図 1)は日本の侵略的外来種ワースト 100 にランクされている北米原産の淡水魚です。現在日本に生息するブルーギルは、米国アイオワ州グッテンバーグを流れるミシシッピ川で捕獲され、1960 年に持ち込まれた、わずか 18 個体を起源とします。日本への導入後、数年のうちに滋賀県に移植され、1965 年には琵琶湖で定着が確認されました。先行研究(Kawamura et al. 2006 Molecular Ecology, DOI: 10.1111/j.1365-294X.2006.02823.x)によると、日本のブルーギルに見られるミトコンドリア DNA のハプロタイプは、グッテンバーグ個体群に由来する 5 種類であることが分かっています。また、日本全国のブルーギル個体群の遺伝的な類似度を調査した先行研究(Kawamura et al. 2010 Molecular Ecology, DOI: 10.1111/j.1365-294X.2010.04886.x)からは、早期にブルーギルが定着した琵琶湖を主な供給源とし、各地へブルーギルが広がったことが示唆されています。

多くの場合、外来種の侵入は少ない個体数で起こります。そのため、新たな生息地へ侵入するたびに、ボトルネック効果によって遺伝的多様性が失われる現象がしばしば観察されます。裏を返せば、遺伝的多様性低下のパターンから、外来種が分布を広げた経路を推定できると考えられます。そこで本研究では、ブルーギルをモデルとし、環境 DNA を用いた迅速・簡便なハプロタイプ多様性分析を西日本広域に適用することにより、外来種の分布拡大経路を再現できるかどうかを検証しました。

【研究成果】

研究チームは、ブルーギルのミトコンドリア DNA の 2 つの領域を同時に増幅し、超並列シーケンサーを用いて DNA 塩基配列を解読することにより、本種の 4 つ ^{注 1} のハプロタイプを検出する方法を開発しました。さらに、2021 年から 2023 年にかけ、琵琶湖を含む西日本の 33 水域において環境 DNA 調査を実施しました。各水域では 3 地点で表層水を採取し、等量ずつ混合したあとフィルターに濾過しました。フィルターから環境 DNA を抽出し、開発手法で分析することにより、それぞれの水域にどのハプロタイプが存在するのかを調べました。

環境 DNA 調査を実施した 33 水域のうち、28 水域でブルーギル DNA が検出され、ハプロタイプ組成が明らかとなりました(図 2)。本種の初期定着地であり供給源と考えられる琵琶湖では、本研究で開発した手法で検出可能な4つのハプロタイプすべてが検出されました。琵琶湖の近くには、3つか4つのハプロタイプが検出される水域があった一方、琵琶湖から遠く離れた水域で検出されたハプロタイプは1つか2つでした。また、琵琶湖からの距離と検出ハプロタイプ数の関係を解析したところ、両者の間に有意な負の相関が検出されました(図 3)。この結果は、外来種が侵入を繰り返すたびに遺伝的多様性を連続的に消失するパターンと一致しており、ブルーギルが琵琶湖を供給源として周辺水域へ段々と分布を拡大したことが環境 DNA 分析からも再現されました。

注1: 超並列シーケンサーの解読配列長の制約により、5つのハプロタイプのうち、1つは検出不能。



【期待される波及効果】

本研究により、環境 DNA を用いたハプロタイプ組成モニタリングが、外来種の現時点での分布情報に加え、外来種が分布を拡大してきた経路の推定にも有効であることが実証されました。環境 DNA 分析が持つ迅速性と簡便性という特徴を生かし、これまで困難であった外来種サーベイランスの広域・多地点、そして高頻度の実施が実現すれば、外来種の分布最前線における早期の駆除や、将来予測される分布拡大経路の遮断といった、効率的な外来種防除策へとつながることが期待されます。かつてない環境変動に晒される現代において、効果的な生物多様性保全を実現するためには、生物の変化を迅速に捉えること、そして持続的なモニタリングが重要です。本研究成果が生物多様性保全の一助となることを願います。

なお、本研究成果は、1月12日(アメリカ東部標準時間)付けで国際科学雑誌『Environmental DNA』にオンライン掲載されました。

URL: https://doi.org/10.1002/edn3.70055

論文名: Environmental DNA haplotyping reveals dispersal patterns of invasive bluegill sunfish, *Lepomis macrochirus*, in Japan

著者: Wakimura K, Yonekura R, Yamanaka H, Uchii K* *責任著者

研究資金:(独)環境再生保全機構環境研究総合推進費(JPMEERF20204004)

【お問い合わせ先】 大阪大谷大学薬学部

准教授 内井 喜美子(うちい きみこ)

TEL: 0721-24-9742 (土・日・祝は不在) Email: utiikimi@osaka-ohtani.ac.jp

【本資料の配付先】 大阪科学・大学記者クラブ



【参考図】



図 1. ブルーギル (撮影:内井喜美子)

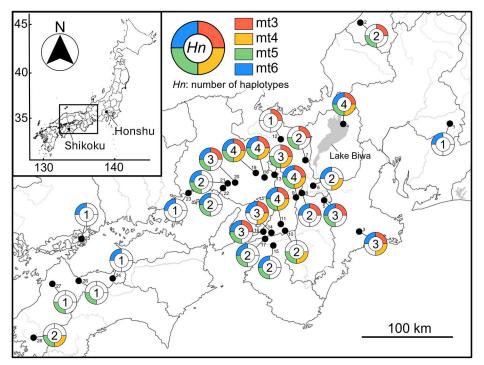


図 2. 琵琶湖を含む 28 水域におけるブルーギルのハプロタイプの種類。円グラフの中の数字は検出されたハプロタイプの数を示す。(本論文より流用)

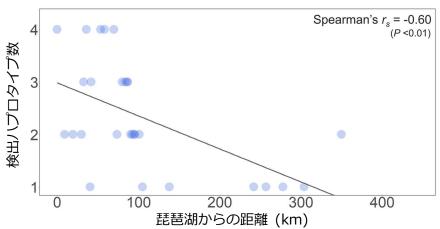


図 3. 各水域の琵琶湖からの距離と、検出されたハプロタイプ数の関係。琵琶湖から離れた水域ほどハプロタイプ数が少なくなっている。(本論文より流用)