

少量の海水を汲むだけで魚の種類がわかる イノーの海水から魚類 291 種を検出

一般財団法人沖縄美ら島財団 総合研究センター(沖縄県本部町)、千葉県立中央博物館、兵庫県立大学の研究チームは、海水に含まれる「環境 DNA」から魚類を検出する「メタバーコーディング法(多種同時検出法)」という技術を用いて、沖縄県本部町備瀬の礁池(イノー)の11地点で採取した海水11リットルから計291種の魚類を検出しました。

本研究の結果から、メタバーコーディング法がサンゴ礁域など多様性の高い海域においても有効であり、サンゴ礁域における魚類群集モニタリングが実現可能であることが示され、今後琉球列島のサンゴ礁生態系の保全に役立つことが期待されます。

■発表雑誌■

雑誌名: Environmental DNA (DOI: 10.1002/edn3.132)

論文題目: Environmental DNA metabarcoding for biodiversity monitoring of a highly-diverse tropical fish community in a coral-reef lagoon: Estimation of species richness and detection of habitat segregation

著者名: 一般財団法人沖縄美ら島財団 総合研究センター 岡 慎一郎・宮本 圭・花原 望

千葉県立中央博物館 宮 正樹・佐土 哲也

兵庫県立大学大学院 シミュレーション学研究所 土居 秀幸

■ポイント■

- 本部町備瀬のイノーの11箇所ですべて1Lずつ(計11L)海水を採取。
- 海水に含まれていた環境DNAをメタバーコーディング法により分析した結果、生物の多様性が高いサンゴ礁域において、スズメダイやチョウチョウウオなどのサンゴ礁性魚種 合計291種の検出に成功。
- 調査結果の数値解析によりこの地域に約410種の魚類が生息すると予想された。
- さらに、海草の多い岸側とサンゴ類の多い沖側の採水地点での魚種の構成に差があることがわかり、環境DNAは比較的狭い範囲であっても採水場所周辺の魚種をピンポイントで把握できる可能性が示唆された。
- 同手法を用いた分析によって、琉球列島のサンゴ礁域での生物多様性研究が進み、保全に役立つことが期待される。

■代表研究者■

岡 慎一郎(おか しんいちろう):

博士(理学)、一般財団法人沖縄美ら島財団 総合研究センター 動物研究室 係長兼主任研究員
専門は水生生物の生活史研究・保全生態学

<お問い合わせ> 一般財団法人 沖縄美ら島財団 企画広報課 仲宗根・宮内

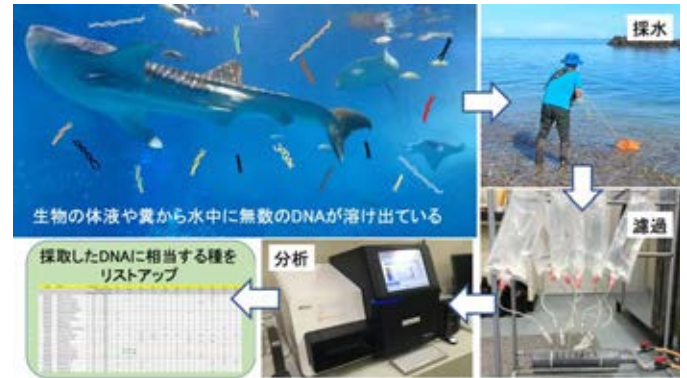
TEL 0980-48-3649 / FAX 0980-48-3122

E-Mail: oki-pr@okichura.jp

<研究の背景>

サンゴ礁生態系は熱帯雨林に匹敵するほどの高い種の多様性を誇るだけでなく、観光資源や漁業資源など、私たちの生活にも大きく関わっている生態系です。この生態系を持続的に保全・管理するためには「そこに何が棲んでいるか」という基本的な情報が不可欠ですが、従来は実際に生物を捕獲または観察するといった手法が取られ、加えて研究者の高度な技術と知識、多大な時間と費用を必要とすることから、琉球列島におけるサンゴ礁域での生物多様性研究はあまり進んでいない現状がありました。

しかし近年、海水を汲んでその中に漂う DNA「環境 DNA」を分析し、生息する魚種を特定する「メタバーコーディング法」という手法が開発されました(右図)。今回の研究では、沖縄県本部町備瀬地区の礁池(イノー)にて、メタバーコーディング手法の中でもより精度の高い「MiFish 法」を用い、数百種の魚が生息する多様性が非常に高いサンゴ礁域での調査を初めて実施しました。



環境 DNA「メタバーコーディング法」のイメージ

<研究の概要>

2019年5月8日の満潮時に、備瀬地区イノー内11箇所それぞれ1Lずつ海水を採取しました。海水は独自開発した濾過装置で素早く処理し、MiFish法での分析に供しました。その結果、環境DNA調査から合計291種のサンゴ礁性魚種が検出されました。

一方で、同じ場所で過去3年間に16回実施した従来法の魚類の捕獲・観察調査による確認種数は217種でしたが、環境DNAの「水を汲んで分析するだけ」のわずか1回の調査で、数年間の従来法を上回る種を検出しました。しかし、従来法で確認されながら環境DNAでは検出できなかったものが100種以上あり、1回の調査だけでは魚種の全体像を十分に把握できないこともわかりました。



本研究の舞台「備瀬イノー」

そこで、環境DNAの検出データをより詳しく解析し、イノーに生息する最大種数の推定とそれを概ね把握するために必要な調査努力量についても検討を加えたところ、推定最大種数は約410種となり、推定最大種数の90%の検出を得るには今回の調査を4回程度繰り返せば良いことがわかりました。

また、検出データの解析により海藻の多い岸側とサンゴ群落が発達する沖側の地点で、種の構成に統計的に有意な違いがあることと、それぞれの環境に対応した魚種の違いが環境DNAで見出され、干満の潮位差が2m近くあり潮流が比較的激しいイノーにおいても、環境DNAは比較的ピンポイントに魚類群集を把握できる可能性が示唆されました。

<今後の展望>

本研究は、サンゴ礁域でのメタバーコーディング法による初の環境DNA研究事例であり、従来の研究を凌ぐ生息種数が確認できただけでなく、推定手法や生息環境の違いの検出など技術の発展に有用な情報も取得できました。今後は調査規模や季節的変化等も配慮した試行を重ね、手法や評価方法の最適化を進めることで、琉球列島サンゴ礁域の生物多様性研究に革新をもたらすような技術開発を目指していきます。