

助成年度：平成 27 年度

[所属] 愛媛大学大学院 理工学研究科

[役職] 研究員

[氏名] 八重樫 咲子

[課題]

次世代 DNA シーケンス解析が明らかにする水環境中の全種多様性

[内容]

本研究では、愛媛県の重信川 12 地点から採集した河川水の次世代 DNA 解析と DNA 種分類法を組み合わせることで、流域に生息する生物の種多様性を検証した。解析対象領域はミトコンドリア DNA の Cytochrome Oxidase I 領域とした。次世代シーケンス解析の結果、全 7,284,649 配列、プライマー配列を持つ 91,535 配列が得られた。この配列を用いて DNA バーコーディングを行った結果、流域全体で 220-246 種が得られた。そのうち昆虫種は 51-68 種であり、水生昆虫は 34-38 種であった。また、PTP モデルを用いた DNA 種分類による種数解析では、68-133 種が得られた。環境 DNA を用いた種多様性解析では、採集しにくい種および上流に生息する種が検出される可能性があるため、従来法よりも種数が高くなることが予想された。しかし、既往の研究で報告される重信川流域の底生動物種数は 79 種であり、DNA バーコーディングでは、陸上昆虫を含めてもこの種数を下回った。これは、DNA データベースへの昆虫 DNA 配列の登録数が少ないためと考えられる。また、DNA 種分類法では未記載種や隠ぺい種、同定が困難な種が検出できるため、やはり従来法よりも多数種を検出できることが予想された。一部で形態同定による種数を大きく下回る結果となった。これは、得られた配列数が非常に少なかったこと、環境水の次世代シーケンス解析で昆虫以外の種が多く検出されたことが、理由の一つであると考えられる。今後は、昆虫由来の DNA のみを解読する手法を開発する必要がある。続いて、水生昆虫では得られた分類群に偏りがあった。これは、流水中における環境 DNA の動態、種毎の環境 DNA を生産する能力の差によると考えられる。環境 DNA を活用した正確な種数評価のためには、これらの点を明らかにする必要がある。さらに、先行研究同様に陸上生物由来の環境 DNA が検出された。水中の環境 DNA の解析により、水中の生物相のみならず水陸一度に流域の網羅的生物多様性を解明できると考えられる。