

## 科学研究費助成事業 研究成果報告書

令和 2 年 7 月 6 日現在

機関番号：16301

研究種目：挑戦的研究(萌芽)

研究期間：2017～2019

課題番号：17K20045

研究課題名(和文)堆積物中の環境DNAを用いた浮魚類の個体数復元に関する研究

研究課題名(英文)Reconstruction of abundance of small pelagic species using sedimentary DNA

研究代表者

加 三千宣(Michinobu, Kuwae)

愛媛大学・沿岸環境科学研究センター・准教授

研究者番号：70448380

交付決定額(研究期間全体)：(直接経費) 5,000,000円

研究成果の概要(和文)：大分県別府湾で採取された約100cmの柱状海底堆積物試料について定量PCR法によりカタクチイワシ・マイワシ・マアジのDNA量を分析しました。その結果、堆積物からこれらの魚種のDNAが検出され、過去300年分に相当する海洋の堆積層中に魚のDNAが存在することが明らかとなりました。また、そのDNA量の時系列変化は、数十年から数百年スケールで有意な変動を示し、漁獲量変化と良い対応関係を示すことが明らかとなりました。この結果は、堆積物DNA技術が、魚の個体数の長期動態を解明する上で有効であることを示唆しています。本研究の成果は、近々Communications Biologyに掲載される予定です。

研究成果の学術的意義や社会的意義

本研究では、環境DNA技術を駆使して魚の個体数の長期変動が堆積物中のDNA量から捉えられることを世界で初めて検証することに成功しました。本研究で用いた堆積物DNAテクノロジーが他の地域にも適用されれば、いまだ地球上のほとんどのマクロ生物種でわかっていない個体群の長期動態の解明につながると期待されます。今後、こうした堆積物DNA技術は21世紀のマクロ生物モニタリングを支える有用な技術として世界中で利用されることが期待されます。また、過去の気候変動や人為攪乱による環境変動に対する生物の応答を詳しく調べることで、より確かな生物種の動態予測、生態系変化予測につながることが期待されます。

研究成果の概要(英文)：Far too little is known about the long-term dynamics of populations for almost all macro-organisms. Here, we examined the utility of sedimentary DNA techniques to reconstruct the dynamics in the “abundance” of a species, which has not been previously defined. We used fish DNA in marine sediments and examined whether it could be used to track the past dynamics of pelagic fish abundance in marine waters. Quantitative PCR for sedimentary DNA was applied on sediment-core samples collected from anoxic bottom sediments in Beppu Bay, Japan. The DNA of three dominant fish species (anchovy, sardine, and jack mackerel) were quantified in sediment sequences spanning the last 300 years. Temporal changes in fish DNA concentrations are consistent with those of landings in Japan for all three species and with those of sardine fish scale concentrations. Thus, sedimentary DNA could be used to track decadal-centennial dynamics of fish abundance in marine waters.

研究分野：古環境学・古生物学・古海洋学

キーワード：環境DNA 海洋堆積物 魚類個体数 長期動態

## 様式 C - 19、F - 19 - 1、Z - 19 (共通)

### 1. 研究開始当初の背景

地球温暖化により、サケ、サンマ等の浮魚類の分布は大きく変わることが予想されているが、その根拠・参照とすべき過去の温暖な時期における分布範囲については、その痕跡となるウロコ等の遺骸がほとんどの場合海洋堆積物中に残っていないため、これまで何の情報も得られていなかった。本研究では、過去の海洋生物の分布範囲の解明に今後期待が寄せられる堆積物中の環境 DNA に着目し、日本列島周辺の有用魚種を対象に堆積物中の環境 DNA が浮魚類個体数を推定する方法として有用性があるかについて明らかにする。環境 DNA とは、生物の体液や糞に由来する環境中の DNA の総称であり、その海底への沈降・堆積量は水塊内の個体数に依存すると考えられる。これまで堆積物中から環境 DNA を定量できることはわかってきているが、定量 PCR によって定量された DNA 量から浮魚類の個体数を推定した例はなかった。その理由として、堆積物中の DNA 量が個体数指標として妥当性があるかを検討できるような確固たる魚の個体数の海洋堆積物記録が希にしか存在しなかったことが一因にある。申請者は、貧酸素環境のために魚鱗が分解されずに堆積物中に残る別府湾の海底コア試料からイワシ類の化石魚鱗を発見し、過去 3000 年間の個体数記録を復元することに成功した (Kuwaie et al., 2017)。こうしたイワシ類の個体数の堆積物記録は世界で数例しかなく、別府湾はイワシ類の DNA 量と実際の個体数変動との関係を長期的に検討できる類希な海域であると言ってよい。この堆積物を使って環境 DNA 量が浮魚類の個体数を確かに反映するという事実が確認できれば、これまで何の情報も得られなかった様々な浮魚類の動態を知る道が開かれるだろう。さらに、完新世中期のような過去の温暖期を含む堆積物の DNA 量を様々な地点で分析することにより、温暖化がどのように個体数を変えたか、さらには今後の地球温暖化による種分布範囲の変化に関する重要な知見が得られるだろう。

### 2. 研究の目的

本研究では、別府湾堆積物のマイワシ・カタクチイワシの環境 DNA を分析し、魚鱗濃度や漁獲量、古文書記録と比較することで、これまで検討されることがなかった堆積物中の環境 DNA による浮魚類個体数の推定法の有用性を確認することを目的とする。さらに、堆積物中に鱗が残らない他の魚種にもこの技術が適用できるかを確認する。

### 3. 研究の方法

2017 年、2018 年に採取された別府湾堆積物コアの冷凍試料を使ってマイワシ・カタクチイワシの環境 DNA 量と魚鱗密度及び漁獲量・古文書記録との関係を明らかにした。過去 300 年を対象として、堆積物の環境 DNA を抽出し、定量 PCR 法によって増幅し、DNA 量を推定した。ウロコが堆積物中に残らない他の有用魚種についても、環境 DNA の有用性を検討する。マアジは、マイワシ・カタクチイワシ同様、水産資源上重要な魚種の一つであるが、イワシ類のように捕食者に襲われる際にウロコを大量に落とさない。そのため、別府湾堆積物中にはマアジの鱗はほとんど産出しない。上記の二つの別府湾堆積物コア試料のマアジの DNA 量も同時に調べ、漁獲量記録と比較して、鱗を落とさない他の魚種にもこの環境 DNA 技術が適用できるか検討した。

### 4. 研究成果

過去 300 年分に相当する堆積物からカタクチイワシ・マイワシ・マアジの DNA が検出され、過去 300 年分に相当する海洋の堆積層中に魚の DNA が存在することが明らかとなった(図 1 Kuwaie et al. 2020)。また、その DNA 量の時系列変化は、数十年から数百年スケールで有意な変動を示し、漁獲量変化やマイワシについては魚鱗濃度・古文書記録と良い対応関係を示すことが明らかとなった(図 1)。この結果は、堆積物 DNA 技術が、魚の個体数の長期動態を解明する上で有効であることを示唆している。

これまで、環境 DNA を用いて堆積物中から魚の DNA を検出した例は湖沼からわずかに一例 (Matisoo-Smith, 2008) あるのみで、海洋で、且つ、水産資源上重要な多様性浮魚類の個体数の長期記録が復元された事例は皆無であった。本研究では、環境 DNA 技術を用いて過去の魚の個体数の復元が可能であることを初めて示した研究であり、今後様々な海域でこの技術が適用されれば、温暖化が魚の個体数変動に与える影響や、今後の地球温暖化による種分布範囲の変化に関する重要な知見が得られる可能性がある。

本研究では、主に魚種について扱ったが、堆積物に含まれるのは魚種だけでなく、他のマクロ生物の DNA も含まれる可能性がある。本研究で用いた環境 DNA テクノロジーが他の地域にも適用されれば、いまだ地球上のほとんどのマクロ生物種でわかっていない個体群の長期動態の解明につながると期待される。さらに、過去の気候変動や人為攪乱による環境変動に対する生物の応答を詳しく調べることで、より確かな生物種の動態予測、生態系変化予測につながる事が期待される。

<引用文献>

Kuwaie M., et al. (2017) Multidecadal, centennial, and millennial variability in sardine and anchovy abundances in the western North Pacific and climate-fish linkages during the late Holocene. *Prog. Oceanogr.* 159, 86-98.

Kuwaie, M., Tamai, H., Doi, H., Sakata, M.K., Minamoto, T., and Suzuki, Y. (2020) Sedimentary DNA tracks decadal-centennial changes in fish species abundance. *Communications Biology* (in press)

Matisoo-Smith E., et al (2008). Recovery of DNA and pollen from New Zealand lake sediments. *Quat. Internat.* 184, 139-149.

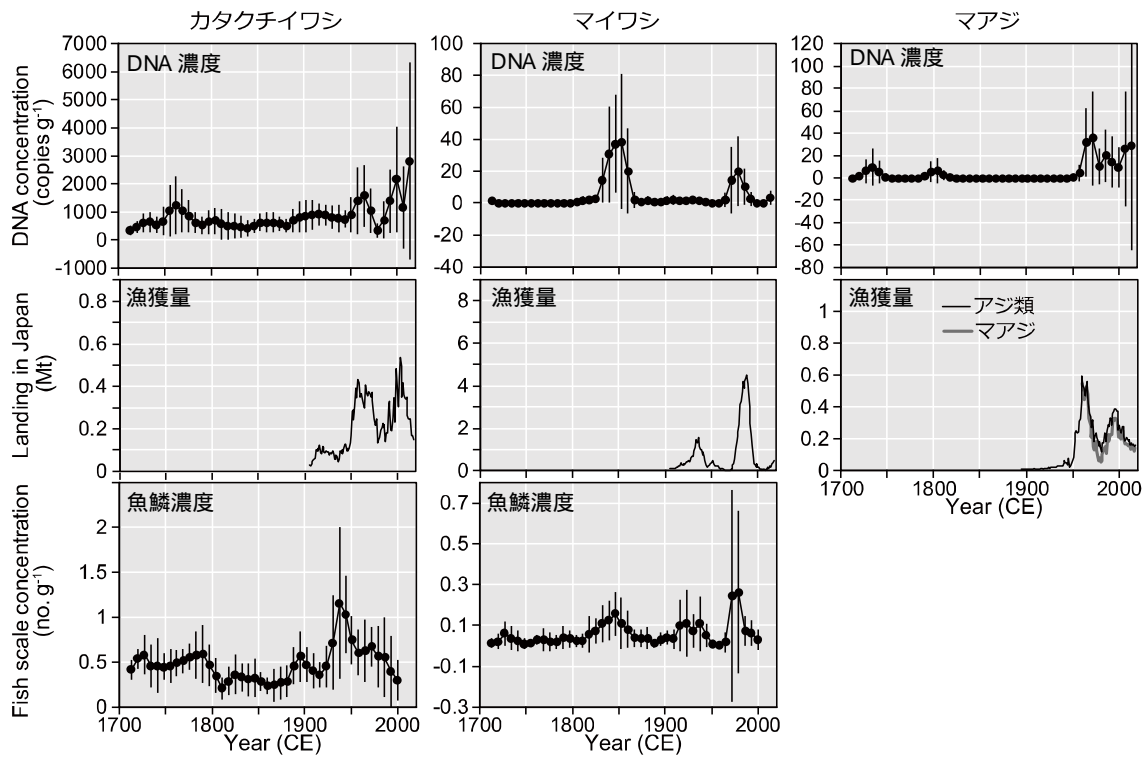


図1 別府湾海底堆積物中の DNA 濃度、日本周辺海域の漁獲量、別府湾堆積物中の魚鱗濃度 (Kuwaie et al., 2020, Communications Biology in press)

5. 主な発表論文等

〔雑誌論文〕 計1件（うち査読付論文 1件 / うち国際共著 0件 / うちオープンアクセス 1件）

1. 著者名 Michinobu Kuwae, Hiromichi Tamai, Hideyuki Doi, Masayuki K. Sakata, Toshifumi Minamoto, and Yoshiaki Suzuki	4. 巻 -
2. 論文標題 Sedimentary DNA tracks decadal-centennial changes in fish species abundance	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 Communications Biology	6. 最初と最後の頁 -
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） なし	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている（また、その予定である）	国際共著 -

〔学会発表〕 計5件（うち招待講演 0件 / うち国際学会 1件）

1. 発表者名 加 三千宣・玉井大道・土居秀幸・源利文
2. 発表標題 別府湾堆積物にみられる過去300年間の魚の環境DNA量変動.
3. 学会等名 日本生態学会2019年大会, 神戸
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 本庄三恵・槻木玲美・加三千宣・岡崎友輔・木村成子・吉田天士・左子芳彦・工藤洋
2. 発表標題 琵琶湖堆積物からの過去 100 年のウイルス叢復元の試み.
3. 学会等名 日本生態学会2019年大会, 神戸
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 槻木玲美・本庄三恵・加三千宣・早川和秀・工藤洋
2. 発表標題 ミジンコ遺骸・DNA 情報から紐解く琵琶湖生態系の変化：栄養カスケードに着目して.
3. 学会等名 日本生態学会2019年大会, 神戸
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 加 三千宣
2. 発表標題 堆積物中の環境DNAで過去の魚の個体数変動を捉えられるか
3. 学会等名 日本生態学会2019年大会, 神戸
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 Michinobu Kuwae, Hironichi Tamai, Hideyuki Doi, Toshifumi Minamoto and Masayuki K Sakata
2. 発表標題 Sedimentary DNA can track decadal-centennial changes in species abundance
3. 学会等名 Ocean Science Meeting 2020 (国際学会)
4. 発表年 2020年

〔図書〕 計0件

〔産業財産権〕

〔その他〕

-

6. 研究組織

	氏名 (ローマ字氏名) (研究者番号)	所属研究機関・部局・職 (機関番号)	備考
研究 分担者	土居 秀幸  (Doi Hideyuki)  (80608505)	兵庫県立大学・シミュレーション学研究科・准教授    (24506)	