

令和元年6月24日現在

機関番号：13101

研究種目：若手研究(B)

研究期間：2016～2018

課題番号：16K18481

研究課題名(和文) 雑食性外来生物アメリカザリガニが希少種に与える直接的影響の評価

研究課題名(英文) Direct impacts of *Procambarus clarkii* on rare plant and animal species

研究代表者

岸本 圭子 (Kishimoto, Keiko)

新潟大学・研究推進機構・准教授

研究者番号：80525692

交付決定額(研究期間全体)：(直接経費) 3,200,000円

研究成果の概要(和文)：調査地のビオトープに侵入したアメリカザリガニの胃内容の直接観察から、本種は植物由来の餌生物に依存している個体が多いことが示唆された。DNAバーコーディングによる解析では、6科の植物と、クモ類や昆虫類(4目)が餌候補として推定された。今回の調査では希少な水生動物の出現が確認できなかったことや、動物由来の生物への依存度が低いと考えられたことから、調査地では希少な水生生物を直接捕食することによるインパクトは低いと予想される。一方で、植物の中には希少な水生生物の産卵植物も含まれている可能性が示唆され、切除するだけでなく、直接摂食によっても、水生生物に間接的な負の影響をもたらしている可能性が予想された。

研究成果の学術的意義や社会的意義
生物間相互作用を無視した外来種駆除によって新たな問題が生じる可能性が指摘されているが、駆除前に捕食-被食関係を把握するのは難しい。本研究は、DNAバーコーディングが雑食性のアメリカザリガニの餌生物をある程度絞込める有効な手法であることを示した一方で、共食が多く、ブロッキングプライマーを用いた手法では食物網解明が難しいこともわかった。
また、本研究では、より正確に種レベルで餌生物を同定するために、対象地域の希少種を含む動植物の網羅的なデータ整備を行った。データベースは将来の研究への活用と、在来種保全や遺伝子資源の保全など生物資源保全への貢献が期待される。

研究成果の概要(英文)：Our diet analysis on *Procambarus clarkii* by direct observing indicated that most of the individuals rely on the plant materials in the study site. DNA barcoding analysis suggests that the crayfish species feed on six plant families, spiders, and 4 insect orders. According to our diet analysis by DNA barcoding, rare species of aquatic animals was not detected. In addition, the proportion of the plant materials detected in the crayfish guts tended to be high for the most of the individuals. Thus, it is unlikely that the crayfish species have great impacts on the rare aquatic animal species by direct feeding in the man-made ponds of our study site. However, our study suggested that the host plants that rare aquatic animal species oviposit are included in the plant materials detected by DNA barcoding analysis. There is a possibility that the crayfish species indirectly impact on the rare aquatic animals through not only cutting plants but also directly feeding the host plants.

研究分野：群集生態学

キーワード：侵略的外来生物種 DNAバーコーディング アメリカザリガニ 捕食-被食関係

1. 研究開始当初の背景

侵略的外来種は、強力な捕食性や、別の種との競争、環境を改変させる作用等を通じて、在来の生物や生態系に多大な影響を及ぼすため、それらの駆除や個体数管理が世界中で火急の問題となっている。一方で、駆除対象の外来種の捕食-被食を介した生物間相互作用を無視した駆除が、別の外来種の急増や予想外の在来生物種の絶滅を引き起こすことも知られるようになった。適切な駆除・管理のためには、外来種の捕食-被食関係を詳しく紐解くことが欠かせない。

侵略的外来種のアメリカザリガニは、国内の里地里山の水辺環境に深刻な影響を与えることが懸念されている。本種は、形態による胃内容物分析や安定同位体分析によって、雑食性であることがわかっている。一方で、実際には、アメリカザリガニが希少な生物種を捕食して減少させたという直接的な証拠は少ない。

調査地の佐渡島の水田や河川などの水辺環境は、本土部ではすでに目にすることが少なくなってしまう希少な動植物が比較的数多くみられる。近年になって、アメリカザリガニの分布拡大が観察され、希少生物や在来の生態系への影響が懸念されている。早急にそれらの個体数を管理するための対策を講じ、実行に移す必要があるが、この地域のアメリカザリガニをめぐる生物間相互作用網は未解明である。近年、生物間相互作用網の解明には、従来の直接観察や形態による胃内容物分析に比べて、DNA バーコーディングによる手法が、迅速かつ正確であることが様々な生物群で示されている。DNA バーコーディングの活用は、より緊急性の高い外来種の駆除・個体数管理の基盤ともなる種間関係の解明に最適である。

2. 研究の目的

侵略的外来生物種の駆除や個体数管理のためには、それらの外来種をめぐる生物間相互作用の把握が不可欠である。侵略的外来種のアメリカザリガニは、在来の生態系に多大な影響を及ぼすことが国内外で報告されているが、それらの影響がアメリカザリガニによる在来生物種の捕食を介した直接的な影響かどうかはほとんど評価されていない。本研究では、アメリカザリガニの胃内容物をDNAバーコーディングによって調べ、生物間相互作用網の解明と被食種に対する選好性の定量化を試みる。そのうえで、効果的な駆除対策の実施に向けて、アメリカザリガニが希少生物種に与える直接的な影響を評価する。

3. 研究の方法

アメリカザリガニとその餌候補の生物は、佐渡島の水田やビオトープで定量的に集める。その地域は、近年アメリカザリガニの分布拡大が確認されているが、本土部では絶滅が危惧されている希少な動植物が今でも比較的多く生息している。採集したアメリカザリガニの胃内に残された被食者由来のDNA バーコード領域を分析すると同時に、餌候補生物のDNA バーコードライブラリを作成し、それらの情報を照合して餌生物の種レベルの同定を行う。それらによって、アメリカザリガニの種間関係と餌生物に対する選好性を解明する。

4. 研究成果

1) 餌候補生物の種名に紐づけられたDNAバーコードライブラリの作成

研究対象のアメリカザリガニの胃内容物を分析した結果、本種は当初検討していた餌候補生物よりも広い分類群を餌として利用していることが推測された（参照2）。そのため、対象生物群を広げてDNAバーコードライブラリを作成した。サンプリングを終えた餌候補生物のDNA抽出・PCR解析・バーコード領域の解析は順調に終わった。特に、水生甲虫と地表徘徊性のゴキブリ類のバーコード領域情報とそれに紐づけられた証拠標本の集約は終わり、それぞれ投稿論文を準備中である。

2) アメリカザリガニの胃内容物分析

餌候補生物を採集した同じ調査地で、アメリカザリガニを捕獲し胃内容物分析をおこなった。調査地のピオトープに侵入したアメリカザリガニの胃内容物の直接観察から、全胃内容物の50%以上が植物由来の餌生物に偏っていた個体は94.5%で、植物由来の餌生物に依存している個体が多いことが示唆された。体サイズによる違いは、今回はみられなかった。また、直接観察による調査では、91個体のうち27個体で動物由来の餌を利用していることがわかった。昆虫類では、ゲンゴロウ類などの水生生物がわずかに確認されたほか、陸生のアリが比較的良好に出現した。アメリカザリガニは水域に落下した昆虫類を頻繁に摂食すると考えられた。また、27個体中11個体の胃内容からはアメリカザリガニが検出された。そのうちのほとんどの個体が、水生植物の被覆割合が低いピオトープで捕獲されていた。

アメリカザリガニの胃に残された被食者DNA情報をもとに餌生物を解明するため、以下の実験・解析を行った。まず、アメリカザリガニの胃サンプルから被食者DNAを抽出し、植物と無脊椎動物のユニバーサルプライマーをもちいてPCR増幅した。PCR産物をクローニング、単離したDNAのシーケンシング解析を行った。その結果、アメリカザリガニ自身のDNAの増幅が確認され、それによって被食者DNAの増幅を妨げている可能性が考えられた。一方で、1コロニーから得られたバーコード領域は甲虫目オサムシ科である可能性が高く、胃内容物の直接観察から得られた結果と同様に、陸生の昆虫を摂食している可能性が示唆された。次に、アメリカザリガニ自身のDNAを増幅させないためにブロッキングプライマー（捕食者DNAに特異的に結合し3'側に伸長阻害用のスパーサーなどを付加したプライマー）と、植物・無脊椎動物用のユニバーサルプライマーを使ってライブラリー作製、シーケンシング解析を行った。植物は、ガマ科、カヤツリグサ科、タデ科、キク科、ミズキ科、ブナ科が餌候補であることが推測された。ガマ科、カヤツリグサ科は、直接餌として利用され、ミズキ科、ブナ科は、落葉が利用されているものと考えられた。動物は、1個体のサンプルから、クモ類、カメムシ類、ハエ類（ユスリカ科を含む）、ハチ類、甲虫類カミキリムシ科が餌候補として推定された。本実験でも陸生生物の利用が示唆され、アメリカザリガニは水域に落下した昆虫類を頻繁に摂食すると考えられた。

今回の調査では希少な水生動物の出現が確認できなかったことや、動物由来の生物への依存度が低いと考えられたことから、調査地のピオトープ群においては、希少な水生生物を直接捕食することによるインパクトは低いと予想される。一方で、ガマ科に含まれる水生生物の中には希少な水生生物の産卵植物も含まれており、切除するだけでなく、直接摂食によっても、水生生物に間接的な負の影響をもたらしている可能性が予想された。今後は、産卵植物への摂食の実証や、調査対象個体を増やした調査が必要である。

5. 主な発表論文等

〔雑誌論文〕(計 1 件)

岸本圭子「特集 トキ野生復帰の事例から里山を考える～水田畦畔のムシたち」Wild Forum (印刷中)

〔学会発表〕(計 4 件)

岸本圭子, 向井喜果, 関島恒夫.「日本産昆虫 DNA バーコードライブラリ整備の現状～種間関係の解明にどこまで迫れるか」, 第 66 回日本生態学会大会, 神戸国際会議場, 2019 年 3 月

岸本圭子, 満尾世志人.「餌場としての里山生態系の現状とこれから」, 「野生生物と社会」学会第 24 回大会, 福岡, 2018 年 11 月

Furukori N, Kishimoto-Yamada K, Homma K. 「Developing Environmental Indicators of Matter Flow in Satoyama Ecosystem using Edaphone Community」. International Symposium for Food & Agriculture 2018, Malaysia, 2018 年 11 月

岸本圭子「トキの餌生物とそれらの生息環境」システム農学会 2017 年度春季シンポジウム、新潟、2017 年 6 月 27 日

〔図書〕(計 0 件)

〔産業財産権〕

出願状況(計 0 件)

取得状況(計 0 件)

〔その他〕

ホームページ等

6. 研究組織

(1)研究分担者

なし

(2)研究協力者

なし