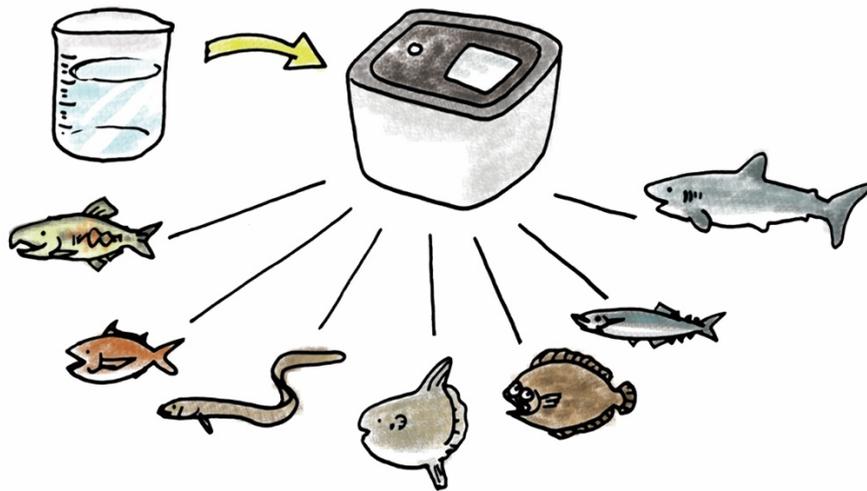


DNA で世界が見える！

～ここまで分かる・DNA 分析入門～



一般社団法人サステナビリティセンター

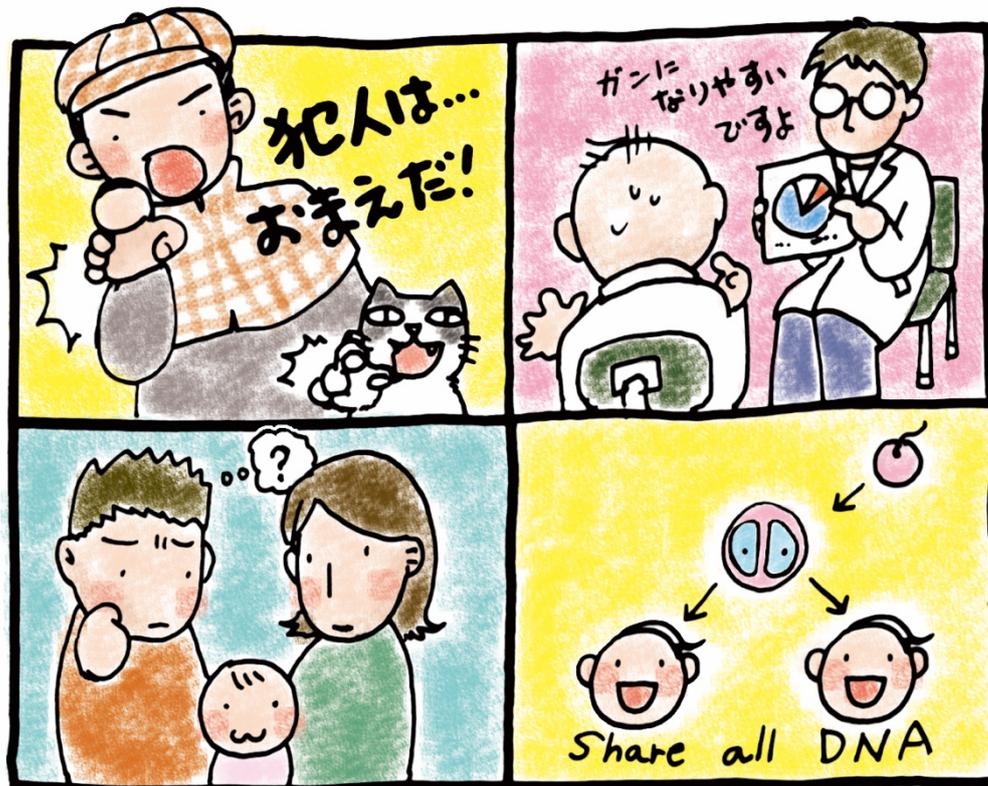
イラスト：ニシザワマキコ（NPO 法人大阪自然史センター）

目次

○DNA ってどんなもの？	2
○DNA は生物の設計図（レシピ）	3
○DNA の遺伝情報を調べる方法	6
○2005 年からのすごい分析技術	9
○ここまできた！最新技術編	10
◇どんな魚がいるか水をとるだけで分かるように！	10
▪ 環境 DNA 調査の実際	11
▪ コンタミの恐怖	14
▪ 高度生態系予報へ向けて	17
◇親子も親戚もサッと見分けるスゴイ技術（MIG-seq 法）	18
▪ MIG-seq 法でズバリ解決	19
▪ MIG-seq 法の応用例	20
○DNA 分析で、地域の生物環境や多様性を正しく評価する	21

○DNA ってどんなもの？

DNA は私たちの暮らしの中で、とても身近な言葉になってきました。犯罪捜査で犯人を特定するのに使われたり、芸能人の親子鑑定が世間をにぎわすこともあります。また、最近の医学界では病気の可能性を DNA で診断する、なんてことも可能になってきました。そもそもなぜ DNA を調べるといろいろ分かるのでしょうか？



DNA には、一言でいうならば、生き物が体を作る際の設計図（遺伝情報）が刻まれています。人間は基本的に一人ひとり違う DNA をもっているけれど、一卵性双生児の DNA は同じものである、ということは、なんとなくお分かりだと思います。この一人ひとり違う（あるいは同じ）という特徴を決定づける情報が遺伝情報であり、それが DNA 上に記されているのです。

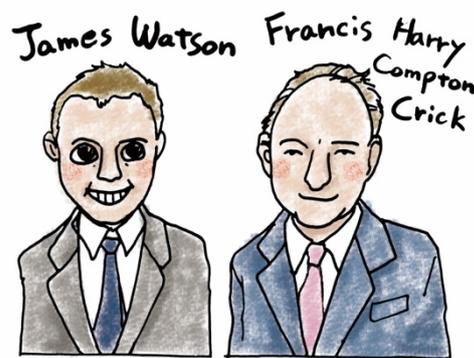
具体的には、二重らせんと呼ばれる長い鎖の上に、A（アデニン）・G（グアニン）・T（チミン）・C（シトシン）という4つの塩基がどのような順番で並んでいるかで表されます。

地球上に存在する生き物は、すべて共通の祖先から進化したといわれていますが、その証拠として、これまで調べられたどんな生き物も、この共通の約束事に

基づいた DNA を持っていることがあげられます。

子が親に似るのは、お父さんとお母さんから DNA 情報を半分ずつ受け継ぐからです。

「遺伝子」と呼ばれる遺伝情報が記されているもの。その正体が DNA であることが分かってきたのは 1940 年代の事です。そして、DNA が二重らせん構造を持ち、4 種の塩基の配列によって遺伝情報が次の世代へと正確に伝わる仕組みを明確に示したのは、ワトソンさんとクリックさんという 2 人の科学者でした。この発見から生物の遺伝情報



を解読したり、それに手を加える技術が一気に開花します。いわゆるバイオテクノロジーの隆盛です。私たちは、これまで偶然に任せるしかなかった遺伝子の変化を、DNA に手を加えることによって人工的に再現する方法を手に入れたのです。

これだけでもすごい技術革新なのですが、時代はコンピューター技術の発達によりさらに先へと進み、最近ではバイオインフォマティクスという分野が急速に発展しています。

さまざまな手法と高性能な機器の開発により、私たちは一昔前なら考えられないほど、簡単・安価・短時間で、DNA の持つ情報を「見る」ことができるようになってきました。

これにより、私たちにはどんな世界がひらけるのか、最新の DNA 分析技術をひもときながら、どのように社会に活かしたらよいかも含め、一緒に考えてみましょう。

○DNA は生物の設計図 (レシピ)

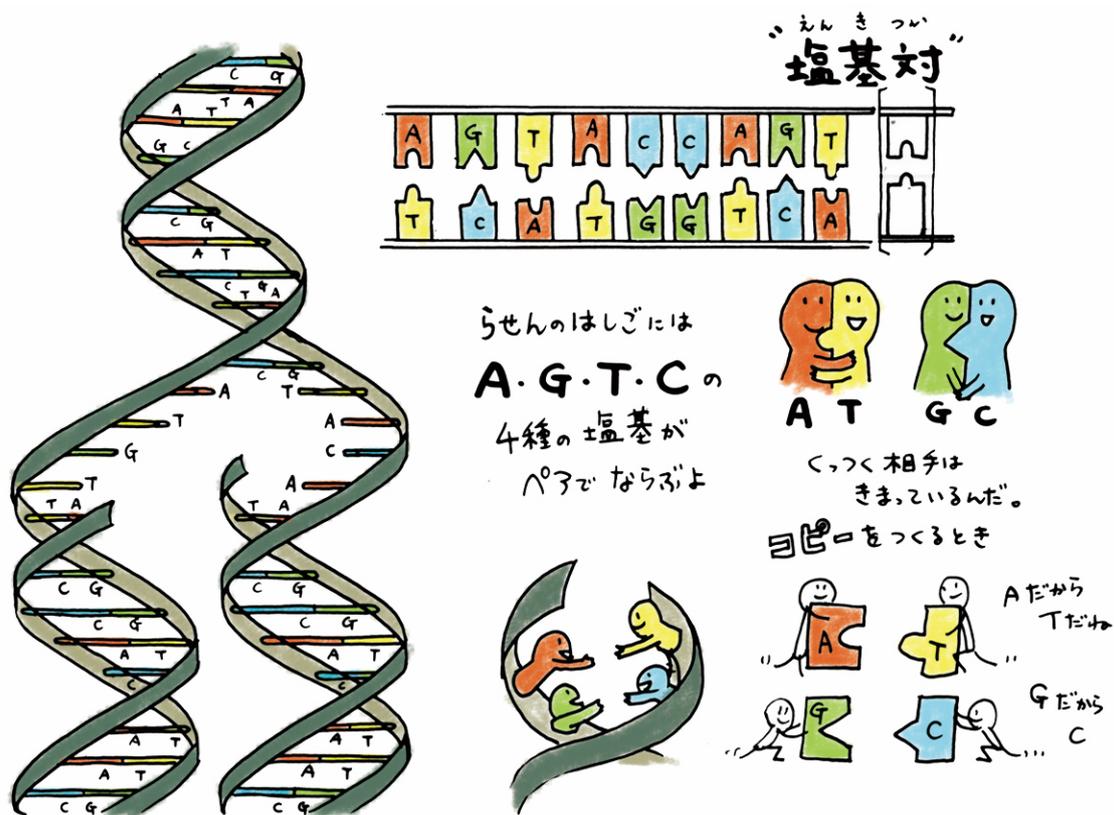
DNA が遺伝情報の記録装置として優れている点は、正確に複製が作れるということです。

二重らせんの一方には、A (アデニン)・G (グアニン)・T (チミン)・C (シトシン) の 4 種の塩基が 1 列に整然と並んでいます。そして、もう片方には A の対面には T が、G の対面には C が必ずペアとなるように塩基が並び、A-T ペア

と G-C ペアが手をつなぐようにしてらせん階段のステップとなる部分を形作っています。(これを塩基対といいます。)

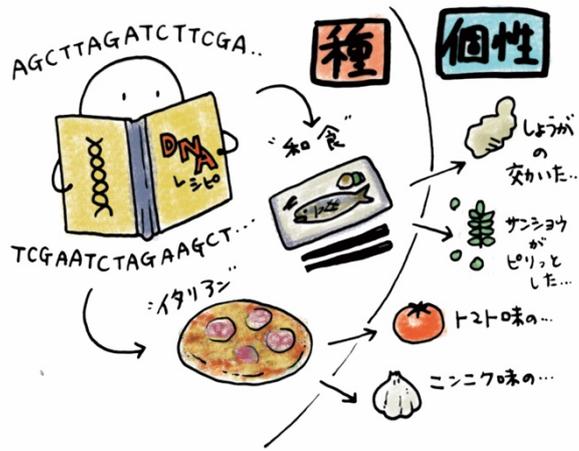
そして、この A・G・T・C の並び順こそが遺伝情報の正体であり、生き物の設計図がこの 4 つの塩基の並び順により記されています。

DNA は、らせんの片方を鋳型にすることで正確なコピーがつくられ、体中の細胞に同じものが装備されるとともに、子孫にも伝わっていくというわけです。



身近なところで血液型を例に挙げれば、A 型のひとは、A 型転移酵素というものを定義する特定の遺伝子を持っています。これは料理にたとえるならば、A 型転移酵素をつくるレシピが、A・G・T・C の並ぶ順番によって書かれているということです。このレシピは血液型ごとに特有であり、全く同じレシピが父母から子どもに半分ずつ伝わっていきます。

ということは、この A・G・T・C の並び順という暗号で書かれたレシピ集を眺めたら、そこが何料理を出す店なのかを知ることができます。また、同じ料理でも使う調味料によって大分趣が異なるものとなることは容易に想像できるでしょう。この場合、和食かイタリアンかというのがどんな生物(種)を表すのかに対応し、和食の中でも隠し味にショウガを使ったのか山椒を効かせたか、という



のが個体の違い (個性) に相当するという感じです。

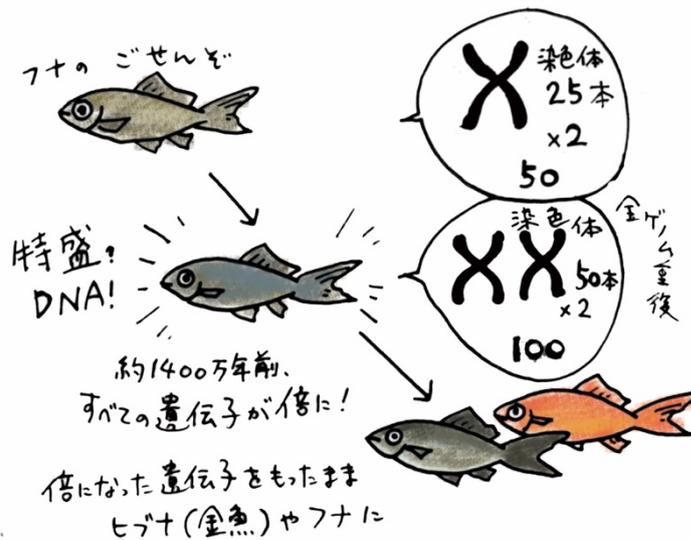
DNA の持つ遺伝情報を調べるといことは、基本的にはこのレシピを読み取るという作業にほかなりません。

DNA に関して、基本的な事項をさらにいくつか確認しておきましょう。

- ①DNA は変化することがある。
- ②DNA の全てが遺伝子として使われているわけではない。

DNA は正確に複製され、次の世代に伝えわっていく、と書きましたが、たまに元の配列と違った形になってしまうことが起こります。

例えば、生物の細胞の中では、DNA の 2 重らせんがいくつかの要因で切れてしまうことがあります。強い紫外線に当たった場合などもそのひとつでしょう。その場合、生物はそれを修復する機能を備えているのですが、時に修復しきれないことがあったり、修復時に別の塩基が誤って入ってしまうこともあります。それが、生命の機能を維持するのに不可欠な部分で起これば、重大な不具合となり、その情報が次の世代に伝わることはありません (つまり、その個体はガンになったりして死んでしまう)。ですが、変わっても特に問題が出なかった場合、変異した配列がそのまま次の世代に伝わっていくということが起こりえます (黒いフナから突然変異でヒブナが生まれてくるなど)。



そして、生物の細胞に存在する DNA は、その全てが機能しているわけではないということも分かってきています。

ある生物が持つ全ての DNA 情報を「ゲノム」といいますが、ゲノムの全てが遺伝子として働いているわけではありません。ヒトゲノム 60 億塩基対のうち、遺伝子として働いているのはたったの 2% 以下 (!) であるといわれています。それ以外の部分にも一部役割があることも示されていますが、ヒトゲノムの約半分は遺伝的には意味を持たない繰り返し配列です。

仮に、この遺伝的に意味のない配列部分で①のような変異が起こったところで、生物の生存にはなんら影響はなく、その変異が保存されて次の世代に伝わっても、実質なんの問題もおきませんよね。

よって、見た目は全く違いが分からないけれど、DNA 配列を調べたら違いが見つかるなんてことも起こるわけです。

では、具体的にはどんな方法で DNA を調べているのでしょうか？ ちょっとのぞいてみましょう。

○DNA の遺伝情報を調べる方法

DNA が遺伝子の本体であり、それが A・G・T・C という 4 つの塩基の配列によって記されていることが明らかとなってから、その配列を調べるさまざまな方法が考案され、改良が重ねられてきました。

この塩基の配列のことを「シーケンス」と呼び、塩基配列を調べて明らかにする操作・作業のことを「DNA シーケンシング」と呼びます。

DNA シーケンシングでは、1977 年にサンガーさんによって開発された「サンガー法」が広く普及していきます。

サンガー法（鎖停止法）

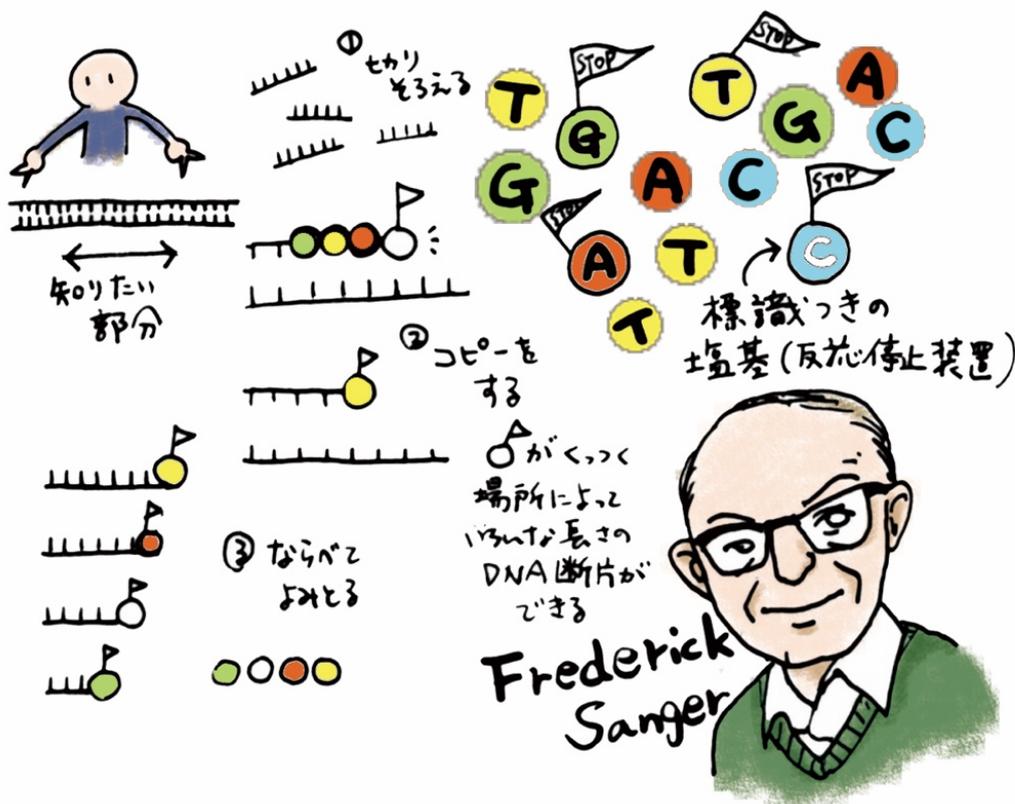
①調べたい DNA を採取して適当な長さにそろえたもの (DNA 断片) を準備し、余分なものが入っていない状態に調整する (採取・前処理)

②次に DNA の複製の仕組みを使い、調べたい DNA 断片を鋳型として DNA の複製を行う。

このとき材料として、A・G・T・C の 4 つの塩基、それぞれの塩基にターミネーターと呼ばれる反応停止装置 + 種類ごとの標識を付けたものを投入する。

③複製された DNA 断片を短いものから並べ、標識を読み取って DNA の情報を再構成する。

生物の体の中では日常的に行われている DNA の複製の仕組みを、人工的に再現することで塩基配列の解読に利用しよう、といううまい方法ですね。



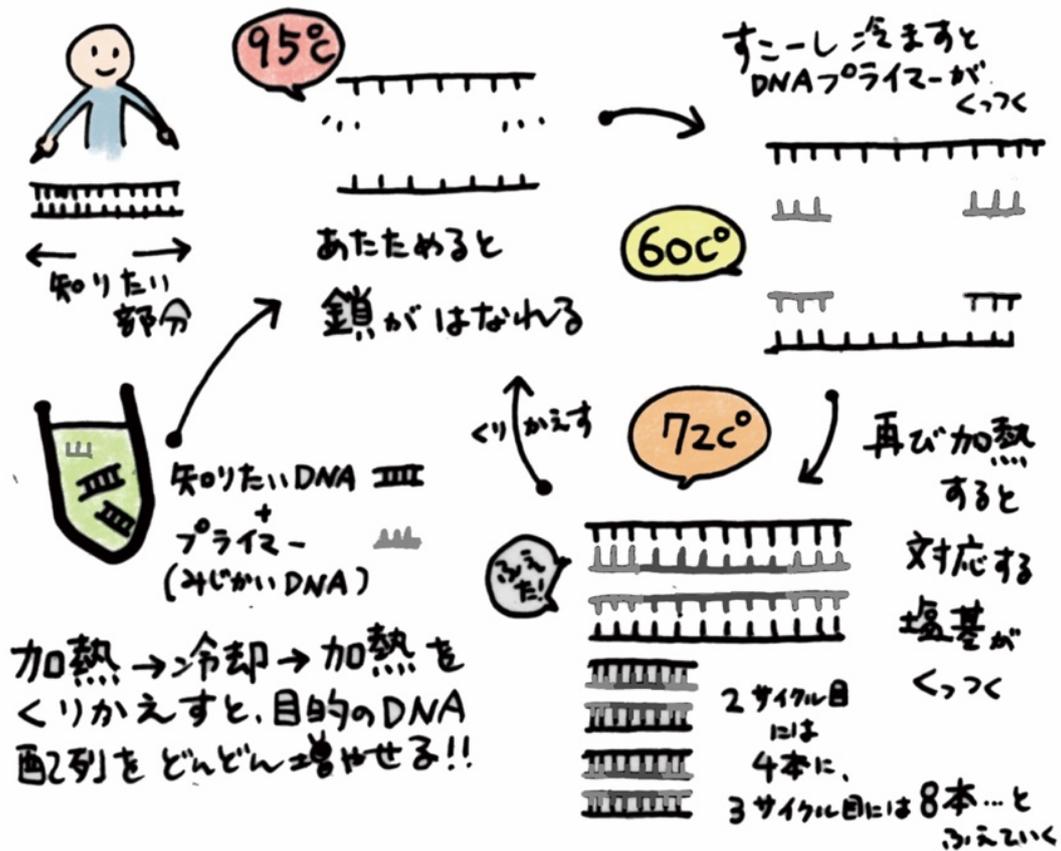
<サンガー法>

DNA断片を長さ別に仕分けするには、寒天でつくったプルプルの板(ゲル)のなかを電気をかけて流す「ポリアクリルアミド電気泳動」という方法が使われてきました。最近では微細な管をとおして分ける、より高感度・高分解能で操作性の良い「キャピラリー電気泳動」という手法へと変わっています。

標識の方法も最初は放射性物質を取り込ませて、放射線による反応を検出していましたが、現在は蛍光標識が使われるなど、より簡便で高精度な方法が開発されています。

また、特定の DNA 領域を増幅させる PCR (ポリメラーゼ・チェーン・リアクション) という手法の開発もこの分野の進展に重要な役割を果たしました。(最近では、新型コロナウイルスの検査手法として有名になりました。) この手法を使

うことで、最初の鋳型となる DNA 断片を増やし、時間を短縮してよりクリアな結果を得ることができるようになりました。また、PCR を使えば、とても少ない量の DNA 断片からでもシーケンシングが行えます。



<PCR 法>

こうして私たちは遺伝情報という見えないものを読み取る技術を手に入れ、ヒトゲノム解析計画でヒトのゲノムを丸ごと調べようと試みるなど、さまざまな分野で生物のもつ DNA シーケンスを調べ、比較し、応用する道が開けたのです。

当初はとてつもなく手間と時間とお金のかかる作業でした。

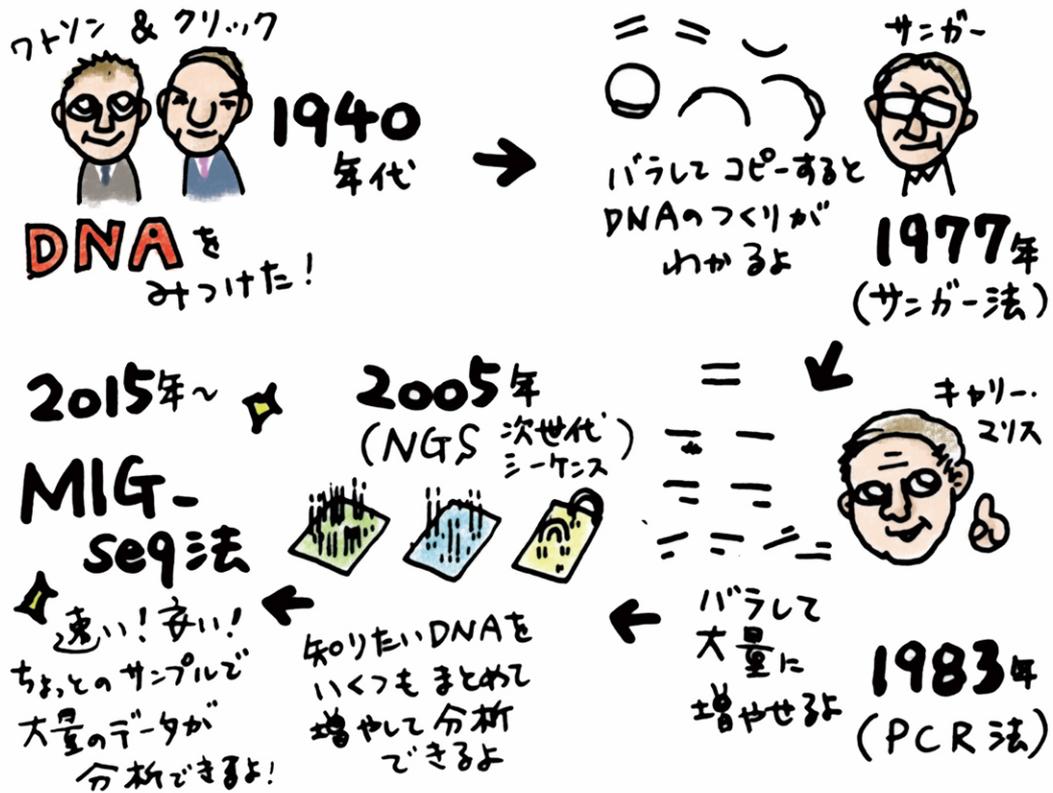
DNA シーケンシングを自動化するシーケンサーの開発元の illumina 社によれば、最初に自動化した第 1 世代のシーケンサーは当時としては高性能でしたが、1 回の使用で処理できたのは 84kb (84 キロベース=84,000 ベース:塩基数) でした。2001 年に論文が発表されたヒトゲノムプロジェクトでも使われましたが、プロジェクトにかかった歳月は実に 15 年、30,000,000,000 ドルの費用を要しました。

○2005年からのすごい技術

そんな状況が2005年の次世代シーケンサー (NGS) の登場により、一変します。

大量並列シーケンス技術という新たな技術により、1回に1Gb (1ギガベース=1,000,000,000ベース) が扱えるようになり、その費用も1,000ドル程度と5年前の数万分の一で済むようになったのです。これを使えば、30年かけてようやく解読したヒトゲノムが、1年かからず解読できる計算です。そして2014年時点では、年間18,000サンプルものヒトゲノムが読めるようになっています。1サンプルあたりのコストも1,000ドルと、とんでもない価格破壊です。

この次世代シーケンサーという新たな技術の登場により、DNAシーケンシングが「早く・安く・手間なく」できる環境が整ったことで、これまでは手が届かなかったさまざまな面白い試みが可能になってきました。



○ここまできた！最新技術編

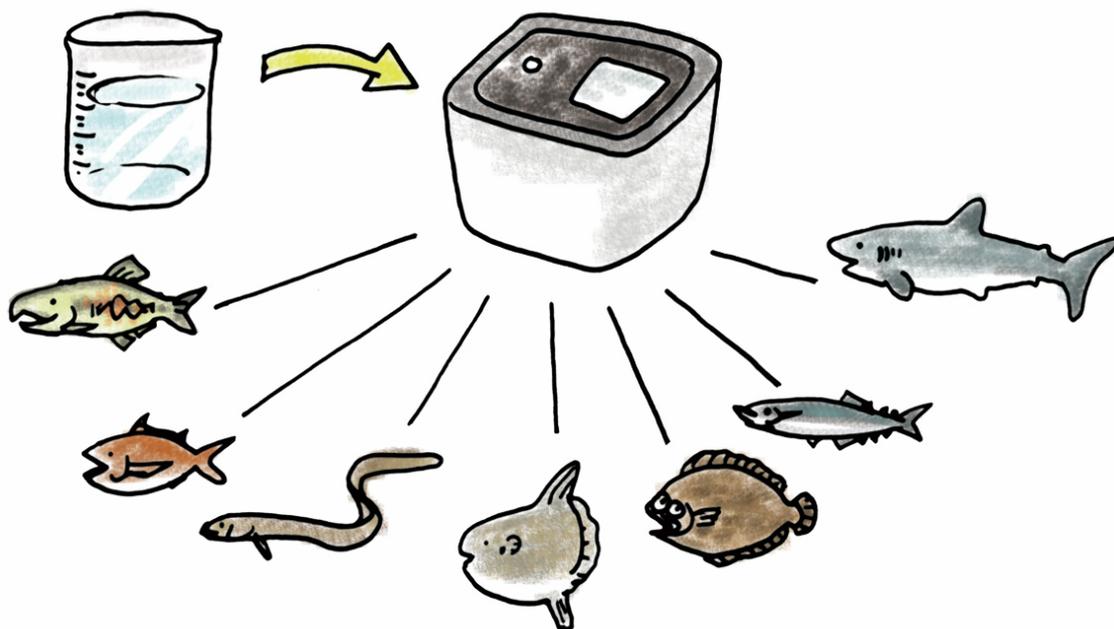
◇どんな魚がいるか水をとるだけで分かるように！

海からたった一杯の水をとるだけで、そこにどんな魚がいるのか分かる、そんなスゴイ技術が開発されています。「魚類環境 DNA メタバーコーディング法（多種同時並列解析法）」というこの技術、単に「環境 DNA の分析」といった方がとおりが良いかもしれません。

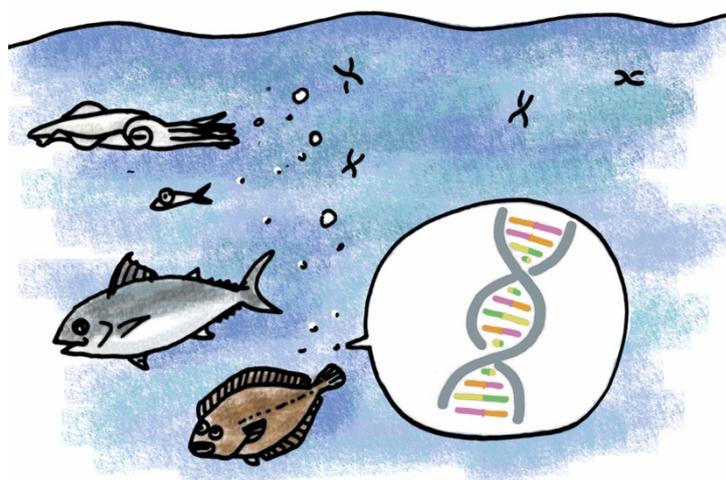
「海洋と生物」という専門誌が 2018 年 2 月号で特集を組んだのですが、その巻は早々に売り切れとなり、残念ながらバックナンバーが手に入らない状況です。業界の人間しか読まないと思われる（失礼！）マニアックな雑誌が売り切れになったことから、その関心の高さがうかがえます。

環境中の目に見えない微生物を DNA を検出することにより調べよう、という試みから始まった環境 DNA の分析技術。これを湖や海の魚の調査に使えないのだろうか？という発想でやってみたら、ホントに使えちゃったということで、魚類の調査業務をなりわいとする事業者からすれば、「商売あがったりだよ・・・」となってしまふほどのインパクトがある研究です。しかも、その開発をリードしているのは日本の研究者というから、なんだか嬉しくなってしまうですね。

水域での環境 DNA 研究が進むにつれ明らかになったことは、水中にはじつに多くの生き物の痕跡が DNA という形で存在しているという事実であり、DNA 情



報をつきあわせて種の判定ができるリファレンス・データベース(種ごとの DNA 図鑑のようなもの) さえあれば、他のどんな調査方法よりも早く、安く、簡単に魚類の分布を調べることができるということです。ということは、これまでよりずっとずっと広範囲・高頻度で生態系の移り変わりを「見る」ことが可能になるかもしれません。



■ 環境 DNA 調査の実際

環境 DNA 調査の現場では、どんな風に作業が行われているのでしょうか。1 つのサンプルに必要なのは、調べたい海域で採取した 1 リットルの海水のみです。

ただし DNA はいたる所に存在していますので、気をつけないと他の場所由来の DNA が混ざってしまい、何を調べているのか分からなくなってしまいます。これをコンタミネーション (コンタミ) といい、環境 DNA 調査で最も気をつけないければならない事です。魚の環境 DNA の研究者の間では、調査前に魚を食べないことが作法となっている程です。

よって、コンタミを防ぐため、使う道具も DNA の付着が疑われない未使用なものを用いるか、または付着している DNA を分解しきれいに拭き取ってから調査に用います。

採った海水は、その中に浮遊している DNA を集めるために濾過します。この濾過したものから DNA を取り出し、実験室に持ち帰って次世代シーケンサーなどを駆使してその塩基配列を調べ、これまでに分かっている魚種の配列とつきあわせる、というのが一連の流れになります。

よって、一般的な野外調査で行うのは、「現場の水を採る」→「濾過する」→「保存・運搬する」ところまでとなります。

それぞれの工程で気をつけなければならないポイントがあります。

・採水時

DNA は水中に均質に分布しているわけではないので、1 サンプルの採水でも 1 リットル×1 回よりは 0.1 リットル×10 回のような取り方が、より多くの種を検出するためには望ましいといえます。

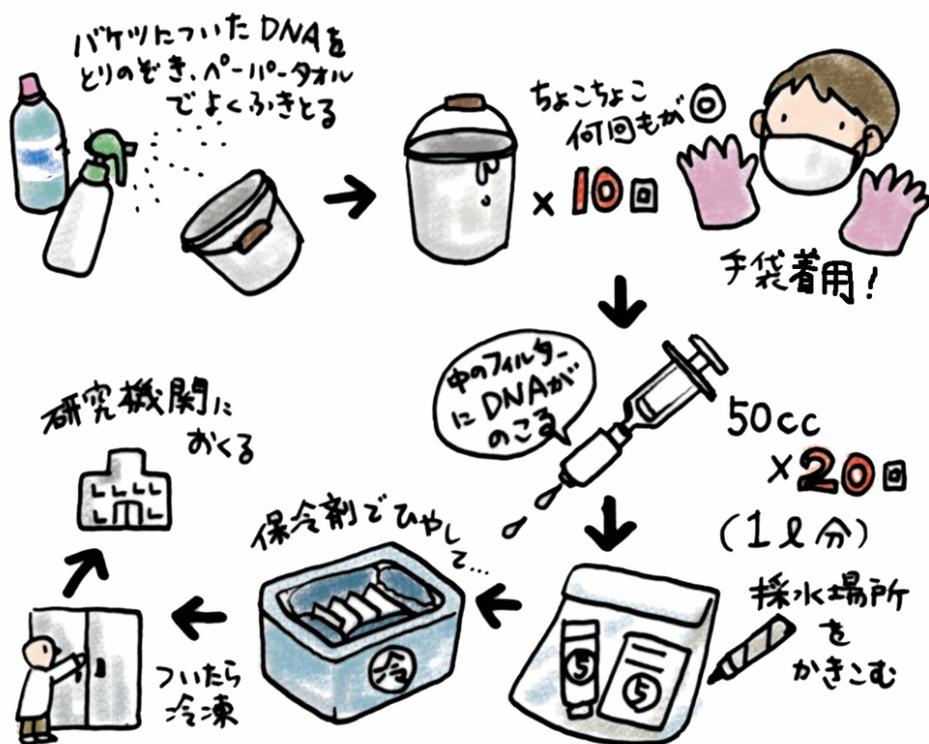
採水に使うバケツは、使用前に次亜塩素酸ナトリウム溶液（ハイターなど）を吹き付けて、付着している DNA を分解・除去しておくことがコンタミを防ぐ上で大切です。

サンプリング場所の様子を記録しておくことも重要です。GPS データや周囲の写真、サンプリング日時、その場所の水温・塩分などの情報を記録します。

・濾過時

DNA は壊れやすいので、海水はできるだけ現場で処理し、薬品で安定化処理をする事が望まれます。その後の持ち運びや取り回しを考えると、現場で水を濾過し、集めた DNA が壊れないように薬品で安定化してしまうのが一番です。

現場での濾過には、注射器のシリンジとステリベクスというカートリッジ型の



濾過フィルターを組み合わせで使います。シリンジとステリベクスは2組準備します。バケツで1回水を汲むごとに、それぞれのシリンジで50ccずつ2回水を取り、対になるステリベクスにとおして濾過します。

20回分（合計1リットル）の水を濾過したステリベクスカートリッジ（2本）には、最後は注射器で空気を通し、カートリッジ中の水を排出します。その後、DNAの分解を防ぐRNAレイターという薬品を注入し、密閉します。密閉したカートリッジには、その後の分析時にも文字が消えないよう、特殊用途用のペンを使ってサンプル番号を記載し、ひとつのサンプルのできあがりです。

・保存・運搬

サンプルは他のサンプルと触れないように個別にパッキングし、すぐにクーラーボックスに入れ、保冷剤で冷却した状態で運びます。この時、直接保冷剤に触れると、RNAレイターの効果が現れる前に凍ってしまう恐れがあるので、保冷バッグなどにいれて調整します。

その後は、実験室の冷凍庫で保管します。DNAサンプルの保管には、解凍と冷凍の繰り返しは良くないので、霜取り機能のついていない冷凍庫を用います。また、魚類のサンプルと一緒に保管はコンタミの原因になるので、できるだけ避けるようにします。

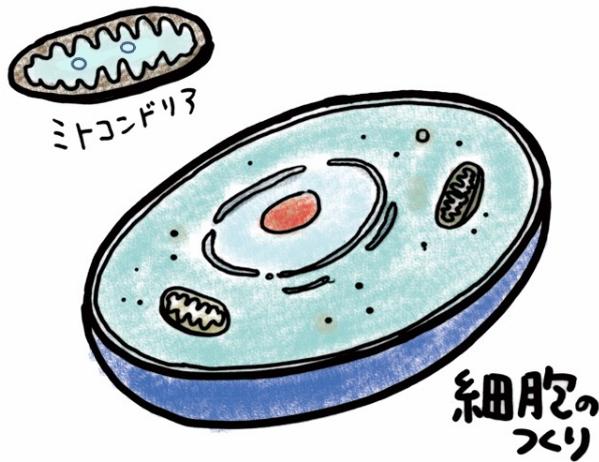
・解析

サンプルはこの後まとめて分析のできる機関に送り、いよいよ次世代シーケンサーをつかってサンプル中に存在するDNA塩基配列の読み取りを行います。

ここでとても重要となるのが、DNAのどの部分の配列を読み取るか、ということですが。

何でもかんでも読めれば良いというわけではなく、比較可能な特定の部位のDNA配列のみを増幅するために、調整を行います。

専門的になるので詳しい事は省略しますが、魚の場合、ミトコンドリアDNA



にコードされている
12SrRNA という部分をターゲットとして読み取ること
種の比較ができる方法が開発されています。これは千葉県立中央博物館・農学博士の宮正樹さんが中心となって開発した MiFish 法で、魚類環境 DNA 解析の標準的な方法となっています。

これまでに調べられた魚類の

ミトコンドリアゲノムは 7,000 種を超え、オンラインデータベースという形でネット上にも公開されていますので、これと次世代シーケンサーの解析結果を比較することでどんな魚の DNA が検出されたかが分かるという仕組みです。膨大な DNA 配列を比較するためのプログラムは解析パイプラインと呼ばれ、これもまたインターネットから入手できるようになっています。便利な時代になったものです。

ところで、このコンピュータ解析結果が出たら万々歳かと思えば、実はまだそうでもないようです。

それは、オンラインデータベースに登録されていない種が検出された場合は、最も近そうな種に強制的に割り当てられてしまうということがあるからです。このため、解析結果の解釈は慎重に行う必要があります。また、どうしても近縁種の判別が難しい場合もあります。

現世魚類は世界中で 25,000 種、うち日本では 4,000 種を超える魚類がいると言われています（日本だけで毎年新たに 20 種程度が記録されます）。日本産魚類でオンラインデータベースに登録されているのは全体の 2/3 だそうですので、まだ登録されてない種を捕まえたら、解析精度の向上にとっても役に立つことになります。常に魚に接している漁業者や釣り好きの方のご協力があれば、日本産魚類全種コンプリートもきっと夢ではありませんね。

■ コンタミの恐怖

DNA の調査・分析では、サンプルに調べたい対象のものでない DNA が混入すると、おかしい分析結果がでてしまい、何を調べているのか分からなくなってし

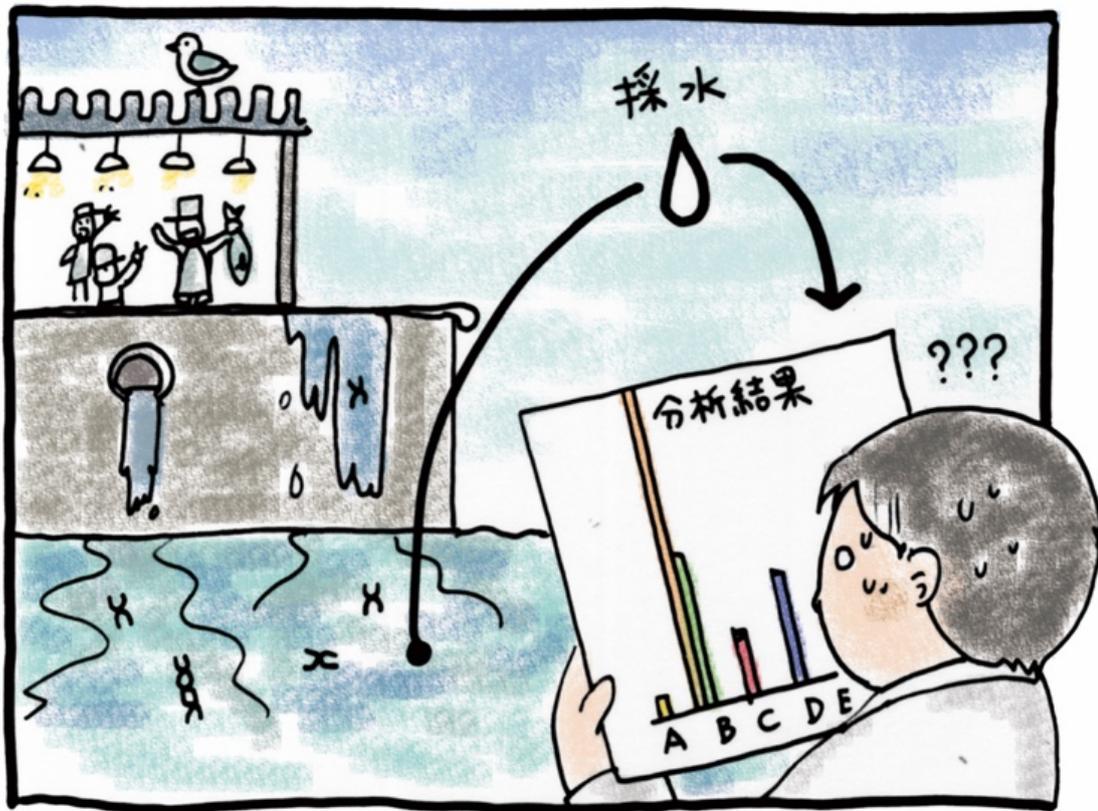
まいます。それ故、変なものの混入、つまりコンタミの防止には、とても気を遣います。調査日の朝食には魚を食べないというのも、そういった配慮のひとつです。



なんせ、相手が 1mm の千分の一レベルの肉眼では確認できない大きさであるため、朝食のサケの切り身の DNA が、ちょっと手についてしまったとしても、全く分かりません。それがサンプリング操作の時に誤って混入してしまうと、本来サケがいないはずの場所でサケの DNA が検出されてしまうことになります。この問題は、サンプルが採集されてから DNA シークエンサーに入れられるまでの間、常につきまといます。例えば、水を汲むためのバケツ。サンプリングのたびに新しいバケツを使うわけにも行かないので、1回の調査ごとに表面を塩素系漂白剤で洗浄し、前の調査の DNA が残らないようにします。また、DNA サンプルを運ぶときのクーラーボックスや、サンプルを一時的に保管しておく冷凍庫も、DNA の混入防止のため魚に使うものと分けたり、しっかり洗浄してから使うことでコンタミが起きないようにします。

また、調査サイトの選び方にも考慮すべきことがあります。

魚を扱う施設、特に周辺に魚市場や魚の加工場がある場合は注意が必要です。そ

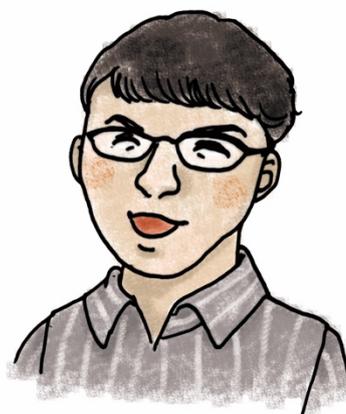


こから排水中に流れてくる DNA を拾ってしまい、その調査点だけ急に魚の種類が増えたり、いるはずのない魚が出てきてしまうことがあるからです。環境 DNA の分析手法がとても検出力が高い方法だからこそ、コンタミ防止のために十分な注意を払う必要があるということです。

▪ 高度生態系予報へ向けて

環境 DNA 研究という新たな分野は、今急速に進化しています。

生物を捕獲する必要もなく、専門家による種同定もいらない調査手法は画期的です。調査自体が対象種にダメージを与えてしまう可能性のある絶滅危惧種の調査にも威力を発揮するでしょう。陸上を含めた様々な調査手法が日進月歩で開発され、その適用範囲も広がってきています。



環境 DNA 学会会長で東北大学生命科学研究科教授の近藤倫生さんは、環境 DNA を扱う最大のメリットは、省力性と迅速性にあると述べています。省力化と迅速化は、コスト削減をもたらし、これまでかかっていた生態系調査と同じ費用であれば、より多くの地点で調査できたり、年 1 回しかできなかった調査が複数回実施できるようになります。数理生態学を専門とする近藤さんは、こうした調査の多地点化・高頻度化により、生態系の複雑な挙動を推定するための情報（モデル）を取り出すことができると予測しています。これを「高度生態情報」とよび、生態系のビッグデータを集めて解析することで、これまで見えなかった生物種同士や生物と環境変化の関係性が可視化できるというわけです。そう遠くない未来には、「生態系天気図」を使った「生態系予報」が毎日更新され、それを眺めながら、漁をする魚の種類や漁獲量を決めたり、資源を守るための活動に取り組んだりする世の中がやってきそうです。

「生態系予報」の実現に向けて、近藤さんを代表とする魚類環境 DNA の研究グループは、日本各地の沿岸でビッグデータを集め解析するプロジェクトを進行中です。志津川湾でもその調査の一環で 2 週間に一度の頻度で採水が始まっています。一般の方が参加できるサンプリング会も予定しているので、興味ある方は是非、ご参加下さい。

これからこういったデータが集まるのか、とても楽しみです。

◇親子も親戚もサッと見分けるスゴイ技術

生物の世界では、「種（しゆ）」という概念はなかなか複雑です。同じ種の中でも「品種」と呼ばれるグループ分けがあり、例えば、同じコメという種の中にコシヒカリとササニシキという系統が確立していたりします。これは、人間がコメという「種」の中から個性あるものを選抜し、何世代かかけて「ササニシキという品種」として定着させたものです。



動物でいえば、柴犬やチワワは「品種」にあたりますが、同じ「イヌ」ですので、子どもをすることができ、できた子どもは「雑種」と呼ばれます。最近ではミックスなどと呼ばれているようですが、いずれもイヌであることに変わり

はありません。

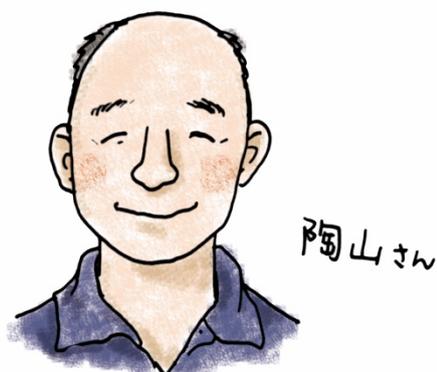
基本的には代々子孫を作れるまとまりが「種」の定義なのですが、別な種との間に子どもができることがあります。

これは「交雑」または「異種交配」と呼ばれ、ライオンとトラの間にできたライガーはその一例です。植物でも同様に、アブラナ科のダイコン・カブ・キャベツ・カラシナなどはたがいに交雑してあいのこを作ることが知られています。交雑が起きるグループは、種の区分が曖昧で、はっきりと分かれきっていない状態であるといえます。

こうした、雑種や交雑種が入り交じり、どれが誰の子なの分からない状態となってしまうこともままあります。

▪ MIG-seq 法でズバリ解決

そんな状態でも、一族なのか他人なのか、親子なのか親戚なのかを、DNA を使ってズバッと見分ける方法を開発したのが、FM 仙台の番組でもおなじみの東北大学大学院農学研究科准教授・陶山佳久さんです。

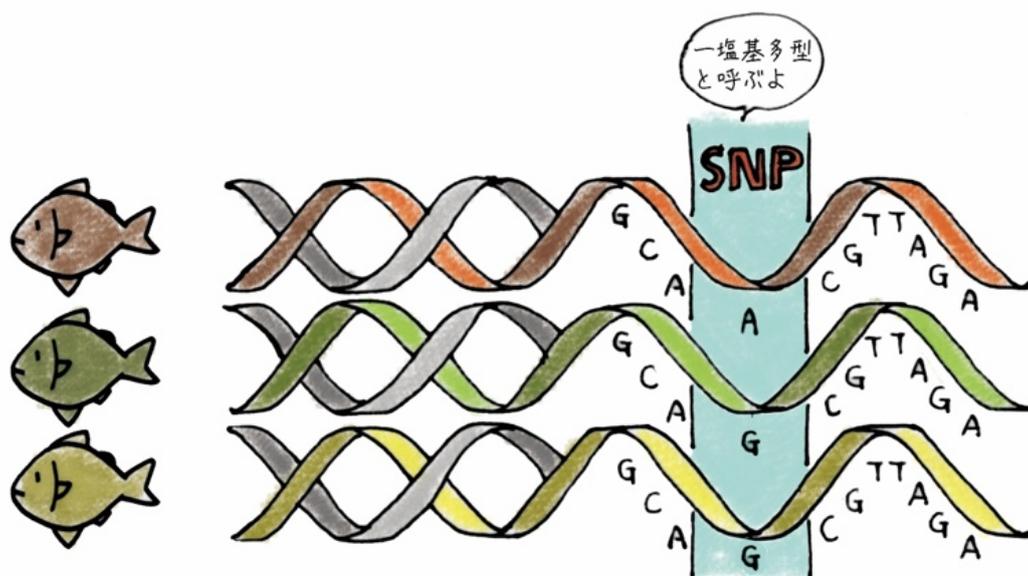


陶山さんの開発した MIG-seq (ミグセック) 法は、生物の遺伝情報 (ゲノム) から SSR

(Simple Sequence Repeat) という繰り返し配列にはさまれた「ほどほど」に多数の領域を取り出して、次世代シーケンサーにかけ、塩基配列の変異 (SNP (スニップ)) を比較する方法です。

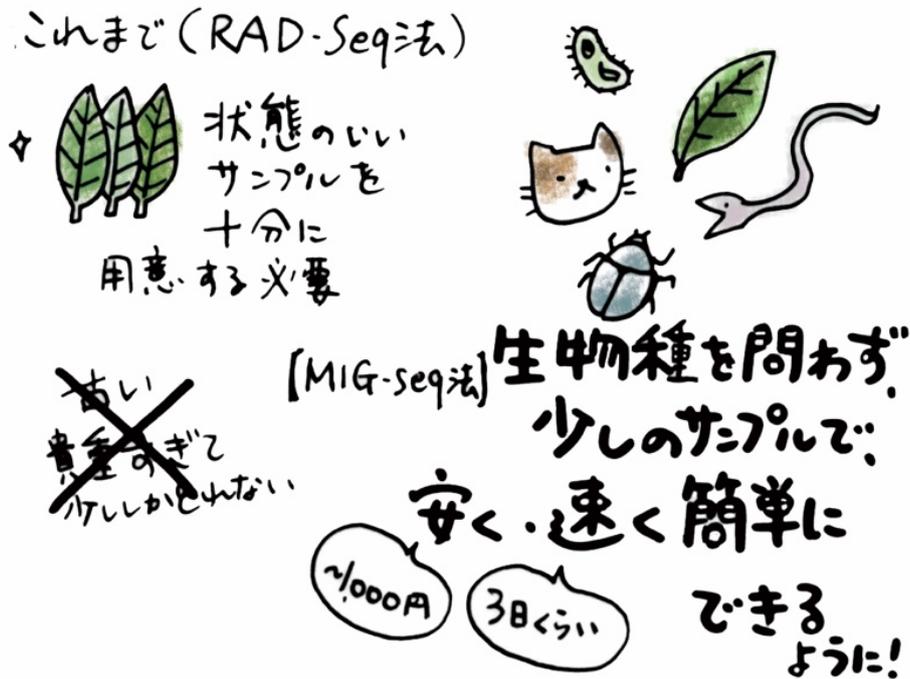
これまでは同様の比較をしようと思ったら、特定の DNA 領域を取り出すために制限酵素という薬品を使うのが一般的でしたが、この方法を使うためには、DNA が劣化していない新鮮なサンプルを結構な量用意する必要があります。

その点、MIG-seq 法はとにかく守備範囲が広く、サンプルがきわめて少なかったり、古くてダメージを受けている場合でも、そこそこ使えるように設計されています。しかも作業工程が少ないので、<早く・安く・多数の>サンプルを分析できてしまうという画期的な方法なのです。



▪ MIG-seq 法の応用例

この方法を使うことによって、ぱっと見では見分けのつかない熱帯雨林の植物から新種を発見したり、地域の伝統野菜の系統を鑑定したり、といったことがこれまで以上に簡単にできるようになりました。また、盗掘にあった貴重な野草が、生息地のどの辺から採取されたものかを推測するのもに使われたことがあるそうです。

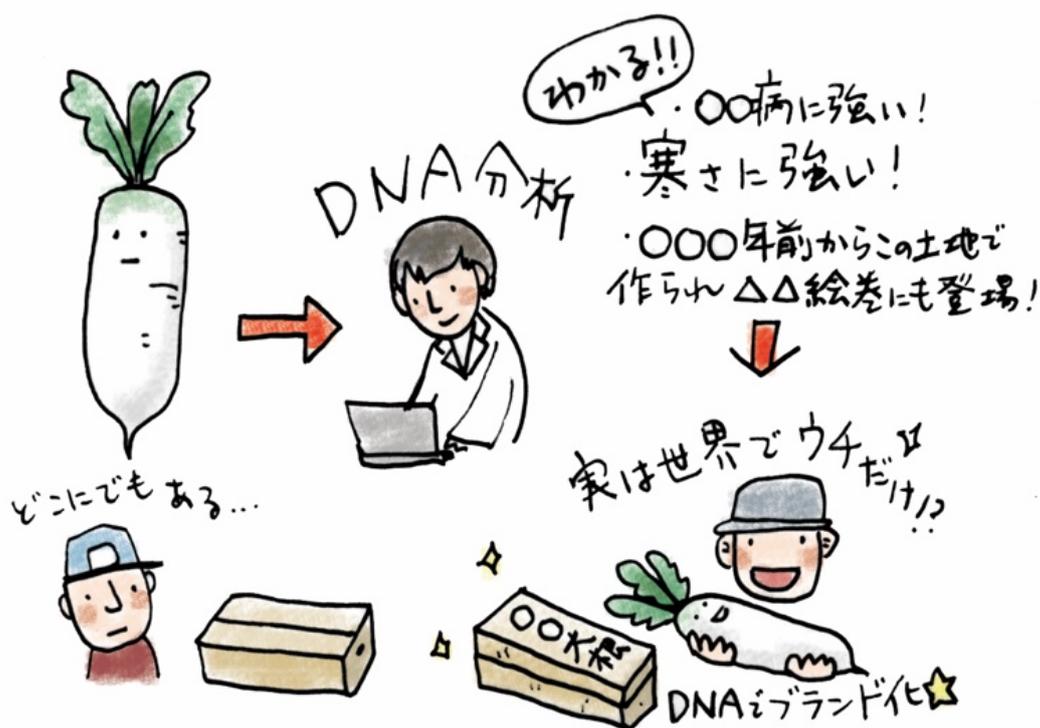


陶山さんによれば、「次世代シーケンサー (NGS) の登場で大量の SNP 情報を取れるようになり、過去にどのような生物の集団があり、どう変わったかを推定できるようになっています (集団動態推定)。SNP 情報を比較できると集団遺伝学的な解析ができますので、数の情報と時間軸の情報の両方から、「これは〇万年前に分かれた種」「100 世代を経て今に至る」など具体的な推定情報を得られます。さらには 集団の未来も予測できるようになってきました。」とのことですので、生物多様性の保全の観点からもとても有効な道具になりえますね。

この方法を用いて、南三陸杉のサンプルを調査したところ、もしかしたら固有の地域個体群といえるかもしれない一団が見つかりました。陶山さんの方で詳しく分析を進めて下さっていますが、FSC®認証も取得し、林業にも力を入れている町としては、どんな結果が出るのか、ワクワクしながら待っている状況です。

MIG-seq 法は、既に一般的な分析手法として調査会社に外注できるようになっていますので、今後ますますいろいろなことに使われ、系統関係や生物多様性の再発見がどしどし生まれてくることが期待されます。

多様性とは、「他とは違う個性」が、「地域ごとにたくさん保存されている状態」といえます。代々受け継がれてきた京野菜も、個性が保たれているからこそ価値があるのです。小笠原諸島が東洋のガラパゴスと呼ばれるのも、他と交わずに独自の進化を遂げた動植物がたくさんいるからです。どちらも他の地域から入ってきたものと混じってしまえばその独自性という価値を失ってしまいます。そして、一度混じったら、元に戻すのは不可能に近いのです。だからこそ、「地域の多様性」を目に見える形で示す武器が必要となってきます。「地域」の価値を高めるためにも、こういった方法を使うことによって、誰にでも納得できる科学的な証拠を示していくことが重要なのですね。



○DNA 分析で、地域の生物環境や多様性を正しく評価する

ここまで、DNA の分析がどのように行われ、何が分かるのかを、MiFish 法や MIG-seq 法を例にして見てきました。

ここでは、とても簡略化して説明しましたが、DNA 情報から魚の痕跡を読み取ったり、南三陸杉の中でどのくらい固有の個体が残っているかなどを正確に理解するためには、実はもう少し専門的な内容を理解する必要があります。

しかしながら、このテキストで基本的な原理や限界について知るだけでも、DNA 分析が示す地域の生物環境や多様性を捉えるためには、十分役に立つでしょう。まずはこうしたところから、地域に暮らす人々自身が最新の知見に触れ、自分たちの足下の自然を理解しようとする活動につなげていくことが重要です。

そして、研究者が何を面白がって研究しているのか、その一端でも理解することができれば、市民と研究者のより良い協働が生まれ、アカデミックな研究を地域社会がどのように活用していったら良いかについての知恵が深まっていくのではないかと思います。

本テキストは、一般社団法人サステイナビリティセンターが実施する最新の DNA 分析手法を学ぶための講座の補助教材として作成しました。センターでは、南三陸での取り組みをベースに最新の調査手法を理解し、活用するための講座を開催しますので、ご興味のある方は下記からお問い合わせ下さい。



さらに知りたい方のために、以下に参考文献や参考となるサイトをご紹介します。

ビジュアルで見る遺伝子・DNA のすべて 原書房 キャット・アーニー著 長谷川知子監訳

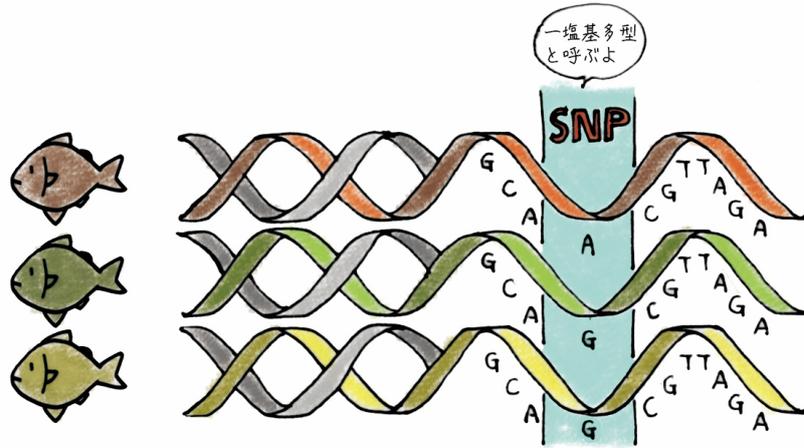
海洋と生物 234 第 40 巻第 1 号 特集 環境 DNA が拓く魚類生態研究の未来

illumina 社

<https://jp.illumina.com/events/webinar/2018/professional-webinar-dr-suyama-180905-j.html>

株式会社生物技研

<https://gikenbio.com/dnaanalysis/ngs/radseq/>



発行者：一般社団法人サステナビリティセンター
宮城県本吉郡南三陸町志津川廻館 69-15

発行：2020年3月

企画：一般社団法人サステナビリティセンター

イラスト：ニシザワマキコ（認定特定非営利活動法人大阪自然史センター）

監修：近藤倫生（東北大学生命科学研究科教授）

陶山佳久（東北大学農学研究科准教授）

※本テキストは、平成31年度南三陸町森里海地域資源活用事業および
三菱地所ハウスネット株式会社様のご協力により製作されました。

本テキストの内容及びイラストの無断転載を禁じます。

©2020 Center for Sustainable Society