

絶滅危惧種を多く含む水生甲虫・水生カメムシで 環境 DNA 分析に必要な参照 DNA 配列を網羅的に整備

概 要

中濱直之（兵庫県立大学自然・環境研究所准教授 兼 兵庫県立人と自然の博物館主任研究員）、平澤桂（アクアマリンいなわしろカワセミ水族館副館長）、加藤雅也（大阪公立大学大学院農学研究科緑地環境科学専攻大学院生）、渡部晃平（石川県ふれあい昆虫館学芸員）、倉田正観（北海道大学北方生物圏フィールド科学センター助教）、林成多（ホシザキ野生生物研究所所長）らの研究グループは、日本の水生昆虫、特に絶滅危惧種を多く含む水生甲虫や水生カメムシの DNA 配列データベースを整備しました。

近年の外来種の侵入、圃場整備や農薬の使用などにより、日本の水生昆虫の多くは絶滅の危機に瀕しています。そうした状況の中、近年は環境 DNA などの技術の発展に伴い、これまでの野外調査と比較して網羅的かつ簡易に生物相調査が可能となってきました。しかし、環境 DNA による分析では、得られた配列がどの種にあたるのか？を知るための参照データベースが必要不可欠です。魚類などでは参照配列のデータベースが充実している一方で、水生昆虫ではそうした参照 DNA 配列の構築は、ユスリカなど一部を除いて日本でなされていませんでした。特に、水生甲虫や水生カメムシは水田やため池など、開発や外来種の影響を受けやすい止水環境に多く生息しており、絶滅危惧種を多数含んでいます。そのため、こうした水生甲虫や水生カメムシの参照 DNA 配列の網羅的な決定は必要とされてきました。

本研究では、日本産水生甲虫・カメムシ類を網羅的に収集し、ミトコンドリア DNA のうち 16S rRNA 領域の一部の配列を決定しました。その結果、日本産水生甲虫のうち 140 種（亜種含む）、日本産水生カメムシのうち 58 種（亜種含む）の配列を決定しました。これは、日本産水生甲虫全種（亜種含む）の 35.5%、日本産水生カメムシ全種（亜種含む）の 45.3%を占めています。属レベルでは日本産水生甲虫の 72.0%、日本産水生カメムシの 70.5%を占めています。また、配列決定に用いた個体はいずれも兵庫県立人と自然の博物館、石川県ふれあい昆虫館、アクアマリンいなわしろカワセミ水族館、ホシザキ野生生物研究所に証拠標本として収蔵していることから、今後の分類学的な改訂にも対応が可能となっています。

本研究により、今後の環境 DNA 分析において、一度に多数の水生甲虫・水生カメムシが種や属などより細かいレベルまで分布の有無を明らかにできるようになることが期待できます。特に水田やため池などは開発や外来種の侵入により突然環境が変化してしまうリスクもしばしばあります。そのため、本研究は環境 DNA 分析とそれに基づいた保全施策の策定に欠かせない研究基盤として貢献することが期待できます。本研究成果は 2025 年 9 月 23 日に、国際誌「Zookeys」の電子版に掲載されました。

背 景

生物多様性を調べる際には、同定（その生き物が何かを決定すること）にその生物の DNA 配列がしばしば利用されます。特に、近年活用が進んでいる環境 DNA 分析においては、水中に含まれる DNA 配列を調べることで、その水域に生息している生物を網羅的に調べることが可能です。特に自然環境の悪化が著しい現在では、迅速に生物多様性情報を蓄積できる環境 DNA 分析は欠かせない方法になっています。

ここで欠かせないのが、参照 DNA 配列です。参照 DNA 配列とは、対象となるそれぞれの生物の DNA 配列のことです。環境 DNA 分析で検出された DNA 配列と参照 DNA 配列を照合することで、その DNA 配列をしている生物、つまり分析で検出された生物を同定することが可能となります。これまでに魚類などでは参照 DNA 配列のデータベースが整備されてきました。

水生昆虫のうち、水生甲虫や水生カメムシ（図）の多くは水田やため池に生息しています。これ

らは外来種や農薬、開発などにより環境が悪化しやすい環境状況です。実際にこれらのグループは絶滅危惧種を多く含んでいることから、定期的なモニタリングは非常に重要です。にもかかわらず、水生甲虫や水生カメムシでは、参照 DNA 配列の整備が大きく遅れていました。

そこで本研究では、日本産水生甲虫と水生カメムシを収集し、かつ参照 DNA 配列のデータを整備いたしました。

方 法

日本産水生甲虫及び水生カメムシを日本各地より収集し、ミトコンドリア DNA のうち 16S rRNA 領域の一部の配列を決定しました。また、DNA 配列を決定できた個体については、証拠標本作製し、各地の研究機関に収蔵しました。

研究成果

一連の研究の結果、日本産水生甲虫のうち 140 種（亜種含む）、日本産水生カメムシのうち 58 種（亜種含む）の配列を決定しました。いずれも系統的な矛盾はなく、得られた配列が正しいことを確認しております。これは、日本産水生甲虫全種（亜種含む）の 35.5%、日本産水生カメムシ全種（亜種含む）の 45.3% を占めています。この中には、マルコガタノゲンゴロウやコバンムシなど、種の保存法において国内希少野生動植物種（特定第 2 種含む）に指定されている種も含まれています。また属レベルでは日本産水生甲虫の 72.0%、日本産水生カメムシの 70.5% を占めています。また、配列決定に用いた個体はいずれも兵庫県立人と自然の博物館、石川県ふれあい昆虫館、アクアマリンいなわしろカワセミ水族館、ホシザキ野生生物研究所に証拠標本として収蔵していることから、今後の分類学的な改訂にも対応が可能となっています。

波及効果

本研究成果によって、多くの水生甲虫や水生カメムシの参照 DNA 配列を決定したことにより、環境 DNA 分析において水生甲虫や水生カメムシもより簡易に種や属まで同定することが可能になります。水生甲虫や水生カメムシは先述の通り多くの絶滅危惧種を含むことから、今後環境 DNA 分析が各地で実施されることによって、より詳細なモニタリングが可能となると期待できます。

研究プロジェクトについて

本研究は、日本学術振興会学術研究助成基金助成金若手研究 (JP19K15856) 及び基盤研究 B (JP24K01781) により実施しました。この場をお借りして御礼申し上げます。



(図) 本研究で参照 DNA 配列を決定した水生昆虫の一部。いずれも平澤桂撮影。

論文情報

【タイトル】

Mitochondrial DNA 16S region and voucher specimen collection of Japanese aquatic Coleoptera and Hemiptera for environmental DNA metabarcoding analyses

タイトル和訳: 環境 DNA メタバーコーディング分析に向けた日本産水生甲虫及びカメムシのミトコンドリア DNA の 16SrRNA 領域配列と証拠標本のコレクション

【著者】Naoyuki Nakahama, Kei Hirasawa, Masaya Kato, Kohei Watanabe, Seikan Kurata, Masakazu Hayashi

中濱直之 (兵庫県立大学自然・環境研究所准教授 兼 兵庫県立人と自然の博物館主任研究員)、平澤桂 (アクアマリンいなわしろカワセミ水族館副館長)、加藤雅也 (大阪公立大学大学院農学研究科緑地環境科学専攻大学院生)、渡部晃平 (石川県ふれあい昆虫館学芸員)、倉田正観 (北海道大学北方生物圏フィールド科学センター助教)、林成多 (ホシザキ野生生物研究所所長)

【雑誌・号・doi】

雑誌: Zookeys

巻・号: 1253 巻 P.103 – 119

DOI: <https://doi.org/10.3897/zookeys.1253.146226>

問い合わせ先

兵庫県立大学自然・環境科学研究所 准教授

兵庫県立人と自然の博物館 主任研究員

中濱直之

電話: 079-559-2002 メール: nakahama@hitohaku.jp