

動物の食性解析における DNA バーコーディングの活用

SATテクノロジー・ショーケース2017

■ はじめに

夜間採食を行う動物について、観察によってその食性を詳細に評価することは容易ではない。このため、農地を餌場として利用する動物に対して、時に科学的根拠に乏しい農業被害の認識がなされることがある。霞ヶ浦周辺の蓮田では、水鳥がレンコン（ハス）を採食する明確な根拠のないまま防鳥ネットが張られ、多数の水鳥が羅網して死亡し、関係者間の対立が生じている。我々は、蓮田においてどの鳥が何を食べているのかという実態を明らかにするため、特定のDNA領域における塩基配列を解読して生物種を同定するDNAバーコーディングに着目した。蓮田の畔に落ちている水鳥の糞からDNAを抽出し、鳥類と植物のDNA塩基配列を解読し採取してデータベースと照合することで、鳥類の種とその食物を特定することができる。さらに、近年は次世代シーケンサーの普及により、糞から大量のDNA塩基配列のデータを得ることが可能になったため、詳細な食物構成が明らかになることが期待される。なお、DNAの分析では植物の部位までを識別することができないので、糞から検出された植物については、植物の種名であるハスと記述する。

■ 活動内容

1. 植物のDNAデータベースの作成

水鳥の糞から検出されたDNAから植物を識別するため、霞ヶ浦の湖岸や蓮田周辺に生育する維管束植物108種を採取し、葉緑体 $trnL$ P6loop領域の塩基配列を用いたデータベースを作成した。その結果、107種の塩基配列解読に成功した。このうち73%が種に特異的な塩基配列だった。

2. 糞のDNA分析

2015年11月から2016年2月にかけて、土浦市沖宿、稲敷市稲波干拓、行方市繁昌の蓮田において水鳥の糞を採取し、DNAを抽出した。抽出DNAからミトコンドリア12S領域の一部のDNA塩基配列を解読し、web上のデータベースと照合することで鳥類種を識別した。また、葉緑体 $trnL$ 領域の一部のDNA塩基配列を解読し、独自に作成した植物のDNAデータベースと照合することで水鳥が採食した植物を識別した。

蓮田周辺で採取した水鳥の糞は、オオバン、オナガガモ、コガモ、ヒドリガモ、マガモもしくはカルガモ、ヨシガモに由来していた。水鳥の糞からは、合計36種

類の植物のDNAが検出され、ハスのDNAも含まれていた。ハスの他には、ウキクサやイネ、畔に生える草本などが検出された。水鳥の食物構成は地域によって異なっていたが、どの地域でも、レンコン収穫の後期になると糞からのハスの検出頻度が増加した。このことは、2月には餌が乏しくなり水鳥にとってハスの重要性が増す、もしくは収穫済の蓮田周辺における廃棄レンコンの量が増え、水鳥が利用しやすくなることが原因であるかもしれない。今後、さらに広域を対象とした調査により、水鳥の農地における食物利用の実態を明らかにすると同時に、水鳥に採食されたハスの部位の推定、また、採食されたハスが未収穫のレンコンに由来するのか廃棄レンコンに由来するのかなど、被害の実態解明に向けた調査が必要である。DNAバーコーディングに基づく食性解析により、水鳥によるレンコン被害問題の実態解明に向けた糸口をつかむことができたと考えられる。



DNA バーコーディングに基づく食性解析の流れ

代表発表者 安藤 温子（あんど う はるこ）
所 属 国立研究開発法人 国立環境研究所
生物・生態系環境研究センター
問合せ先 〒305-8506 茨城県つくば市小野川 16-2
TEL: 029-850-2892
ando.haruko@nies.go.jp

■キーワード: (1) DNA バーコーディング
(2) 次世代シーケンサー
(3) 食性解析

■共同研究者: 成田あゆ(京都大学)、会田済(茨城県庁)、山根靖正、内田初江、岩本昌憲、池野進(日本野鳥の会茨城県)、井上智美、竹中明夫(国立環境研究所)