

# 日本動物学会北海道支部主催 2021 年度シンポジウム 「野生動物のゲノム研究最前線」

2021 年 12 月 17 日（金）14：00～17：00

オンライン開催

司会：増田 隆一（日本動物学会北海道支部長、北海道大学大学院理学研究院・教授）

## 講演要旨

「環境 DNA を透して見る北方水圏生態系の生き物たち」

荒木 仁志（北海道大学大学院農学研究院・教授）

世界中の多くの人々にとって北海道を象徴するのはその大自然ではないだろうか。そこには多くの貴重な生命が育まれているが、広大な北海道で彼らの生息範囲や生態系の成り立ちを解明するのは容易いことではない。そこで我々は野生生物を捕獲・目視することなく、河川や湖沼の水を汲むだけで周辺に生息する生き物の痕跡を探し分布や生息密度を推定する「環境 DNA 技術」を用いた解析を試みた。これにより魚類はもちろん、ほ乳類、両生類や甲殻類に至るまで、様々な生物の分布や動態、水圏生物の種間相互作用が明らかになりつつある。本講演では北海道の希少種・外来種を中心に我々が実施した実践的研究事例の紹介を行い、今後の展望について議論する。

「糞 DNA からわかるイヌ科動物の都市生態」

天池 庸介（北海道大学大学院理学研究院・博士研究員）

哺乳類のフィールドサインの中で、比較的に見つけやすいものの一つとして糞がある。糞には落とし主を含めた様々なゲノム DNA が含まれており、それらを用いた分析手法を糞 DNA 分析と呼ぶ。最大のメリットとして、非侵襲的に調査を行うことが出来るため、生態遺伝学や保全遺伝学、野生動物管理などの分野において非常に強力なツールとなる。我々は、この手法を捕獲が困難な都市域に生息するイヌ科動物に適用し、その生態の解明を試みた。結果として、彼らは生息環境が制限されつつも、その高い適応力で都市に新たなニッチを形成し、集団を維持している様子が伺えた。本講演では、実際の研究例を交えつつ、糞 DNA 分析のしくみからその応用までを紹介する。

## 「全ゲノム解析によって明らかになった北海道のヒグマの歴史」

遠藤 優（北海道大学大学院理学院・博士課程院生）

個体数変動や個体群間の遺伝的交流といった生物の「歴史」を DNA 配列から推定する試みは、これまでさまざまな研究で行われてきた。しかし高品質の生体試料を十分量揃えることが難しい野生哺乳類では、推定が難しい場合も多い。そこで演者は北海道のヒグマを対象に、全てのゲノム領域を対象に大量の DNA 断片を取得する全ゲノム解析を行い、限られたサンプル数でも集団の遺伝的多様性や個体群動態を推定する手法を試みた。北海道のヒグマを対象に分子系統解析を行った先行研究はいくつか存在するが、今回の研究では先行研究の結果と一致した点と異なった点両方が見出された。本講演ではそれらを解析手法とともに共有し、すでに分子系統解析が報告されている種でも、全ゲノム解析によって新たに歴史を解明できた実践例を紹介したい。

## 「野生種ショウジョウバエにおけるゲノム編集と模様研究への適用」

越川 滋行（北海道大学大学院地球環境科学研究院・准教授）

ゲノム編集はゲノム DNA の配列特異的な切断と、その応用からなる一連の手法で、適用範囲の広さから注目されている技術である。なかでも CRISPR/Cas9 法では簡便・迅速にゲノム編集を行うことができる。私はこれまで、翅に水玉模様をもつミズタマショウジョウバエ *Drosophila guttifera* を用いて、模様形成の仕組みと進化の研究に取り組んできた。従来よりトランスポゾンによる遺伝子導入は可能だったが、近年は遺伝子機能の解析のために、CRISPR/Cas9 法を用いて遺伝子コード領域の切断（と非相同末端結合）による遺伝子機能の破壊（ノックアウト）を行っている。そのほか、様々な野生由来の生物での適用例も合わせて紹介したい。

問い合わせ先：木村 敦（日本動物学会北海道支部庶務幹事）

akimura@sci.hokudai.ac.jp