

DNA メタバーコーディングに基づくカモ類の食物構成の解明

国立環境研究所 生物・生態系環境研究センター 安藤温子

農地におけるガンカモ類の食物利用については、観察が容易なガン類やハクチョウ類を中心に研究が蓄積してきた。しかし、カモ類など夜間に採食する種については、観察が困難なため、どの種が何を食べているかといった基本的な情報についても十分に研究が行われていない。このため、夜間採食を行うカモ類に関して、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、カモ類がレンコンを食害する明確な根拠のないまま防鳥ネットが張られ、カモ類を中心に毎年 1000 羽以上の水鳥が羅網して死亡し、関係者間の対立が生じている。本研究では、農地を利用するカモ類の食物を科学的に明らかにするため、糞の DNA 分析に着目した。糞には、排泄した鳥類自身の DNA と、その種が採食した食物の DNA の両方が含まれている。糞から DNA を抽出し、解読した塩基配列をデータベースと照合することで、どの鳥類が何を食べたのかを特定することができると考えられる。次世代シーケンサーから得られる大量塩基配列をデータベースと照合して種を特定するシステムは DNA メタバーコーディングと呼ばれ、近年様々な野生動物の食性解析に用いられている。

カモ類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 146 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。2015 年の 11 月から 2016 年 2 月、2016 年の 11 月から 2017 年 2 月にかけて、霞ヶ浦沿岸の農地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、BLAST 検索により鳥類種を識別した。また、次世代シーケンサーを用いて葉緑体 *trnL* 領域の一部の DNA 塩基配列を大量に解読し、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植物種を特定した。糞から検出された植物の DNA 塩基配列の出現頻度から、カモ類の食物構成を評価した。

蓮田周辺で採取した水鳥の糞は、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、ハシビロガモに由来していた。これら全てのカモ類の糞からハスの DNA が検出されたが、その検出頻度は、レンコンの収穫が進む調査期間の後半になるほど高くなった。また、収穫済みの蓮田に挟まれた畔において、最も多くの糞が採取された。これらの結果は、カモ類が商品価値のあるレンコンではなく、収穫済の蓮田に廃棄されたレンコンを採食していることを示唆しているかもしれない。カモ類によるレンコン食害の実態を把握するためには、今後、自動撮影カメラなどを用いた、採食行動の直接確認が必要だろう。また、マガモ・カルガモの糞からはイネやハスの DNA が高頻度で検出されたのに対し、ヒドリガモの糞からはハスよりもウキクサやイネ科草本の DNA が高頻度で検出されるなど、種による食物構成の違いも確認された。技術的な課題はあるものの、糞の DNA メタバーコーディングは、これまで十分に研究されてこなかった、農地を夜間利用するカモ類各種の食物選択の詳細な理解にもつながることが期待される。