

報道関係者各位

2025.10.15

東邦大学

千葉大学

東洋食品研究所

砂に潜っている食害生物を追え！
堆積物中から“アサリを捕食する外来種”の DNA を検出

東邦大学、千葉大学、東洋食品研究所の研究グループは、外来性巻貝サキグロタマツメタ（図 1）の環境 DNA（sedimentary DNA、以下、sedDNA）（注 1）を堆積物中から検出する方法を開発しました。

サキグロタマツメタは中国や朝鮮半島の沿岸を原産とするタマガイ科の巻貝であり、輸入された外国産アサリと共に日本国内に侵入し、分布を広げています。また、本種は生きたアサリを好んで捕食することから、食害生物として広く認知されています。さらなる分布拡大や食害を抑えるためには効率的に駆除していく必要があります。しかし、本種は干潟の堆積物中に潜っていることが多く、目視で生貝を発見することは困難でした。つまり、私たちの“見えないところ”で食害が進行しているのです。

そこで研究グループは、海洋堆積物中の sedDNA に着目しました。sedDNA は約 1 g の試料で分析が可能であり、特定の生物がその環境に生息するかどうかを推定することができます。本研究では、堆積物中からサキグロタマツメタの DNA のみを検出する種特異的分析法（注 2）の開発を試みました。具体的には、サキグロタマツメタの DNA のみを検出できるプライマー・プローブ（注 3）を設計した後、滅菌した珪砂を入れた水槽内でサキグロタマツメタを飼育し、珪砂中から sedDNA を検出できるかどうかを検証しました。

その結果、10 サンプルの珪砂うち 9 サンプルからサキグロタマツメタ由来の sedDNA を検出することに成功しました。また、sedDNA の濃度（単位は copies/g sediment）測定をしたところ、濃度は $10^6 \sim 10^8$ copies/g sediment でした。先行研究の多くは魚類を対象としています。検出された sedDNA の濃度は $10^2 \sim 10^6$ copies/g sediment の範囲に収まることが一般的です。つまり、サキグロタマツメタは非常に高い濃度の sedDNA を生成する可能性が高いといえます。今後はこの検出方法を野外試料に適用し、サキグロタマツメタの分布範囲をより正確に推定できる方法の開発を目指します。正確な分布範囲が推定できれば、これまで以上に効率的に駆除活動を行うことが可能になり、新たなアサリの食

害防止策になることが期待されます。

この研究成果は 2025 年 7 月 18 日に沿岸環境科学系の国際誌である「*Estuarine, Coastal and Shelf Science*」に受理され、7 月 19 日にオンライン上で先行公開、10 月 15 日に本公開されました。

◆ 発表者名

北畠 京祐（東邦大学理学部東京湾生態系研究センター 訪問研究員、
公益財団法人東洋食品研究所 生物応用グループ研究員）
岩崎 海（株式会社マリン・ワーク・ジャパン、研究当時：東邦大学大学院理学研究科）
泉 賢太郎（千葉大学教育学部理科教育講座 准教授）
大越 健嗣（東邦大学理学部東京湾生態系研究センター 訪問教授、
公益財団法人東洋食品研究所 研究主席）

◆ 発表のポイント

- サキグロタマツメタに特異的なプライマー・プローブを設計しました。
- 堆積物中からサキグロタマツメタ由来の sedDNA を検出することに成功しました。
- 粘液や移動痕から高濃度の sedDNA が検出されやすいことが分かりました。

◆ 発表内容

サキグロタマツメタは、主に中国や朝鮮半島の沿岸に生息するタマガイ科の巻貝です。国内では三河湾以南に少数生息するのみで、関東以北には分布していませんでした。しかし、1980 年代後半から本格化した中国や朝鮮半島産アサリの移植放流に伴い、外来のサキグロタマツメタが国内に侵入しました。その結果、現在では青森県から熊本県までの 1 府 13 県に分布が広がっています。また、サキグロタマツメタは生きたアサリを好んで捕食することが特徴です。特に東北地方では本種による食害が顕著であり、宮城県では過去に食害に伴う漁獲量の低下が報告されています。近年は全国的にアサリの漁獲量が大きく減少しており、ピークの 1983 年には約 16 万トンあった漁獲量が、2024 年には約 4,300 トンまで激減しました。この主要因は明らかではありませんが、サキグロタマツメタによる食害も一因だと考えられます。これ以上の分布拡大や食害を抑えるためには、効率的な駆除が必要です。しかし、本種は堆積物中に潜ることが多く、目視での発見は容易ではありません。また、1 つの卵塊から最大 4,000 個体ほどの稚貝が発生するため、想定よりも多くの生貝が生息している可能性が高いです。これまでは採集調査によって本種の分布範囲を推定してきましたが、従来法ではそれを過小評価していた可能性があります。また、駆除活動も海底面でみられた生貝や卵塊を採捕していたため、堆積物中に存在する個体は駆除できていませんでした。しかし近年は、sedDNA の分析技術が発達し、sedDNA の検出がその環境に生息する特定生物の存在の指標になることがわかってきました。

そこで本研究では、サキグロタマツメタ由来の sedDNA の検出方法を開発することを目的として、次の 3 つを実施しました。

- ① 日本および中国、韓国産のサキグロタマツメタの遺伝学的集団構造を把握すること
- ② 全てのハプロタイプ（注 4）に共通する塩基配列を特定し、それを基に種特異的プライマー・プローブを設計すること
- ③ ②を用いて、サキグロタマツメタを飼育した水槽内の堆積物中から sedDNA が検出されるかどうかを検証すること

・サキグロタマツメタの遺伝学的集団構造

尾駁沼（青森県）、万石浦（宮城県）、松川浦（福島県）、葛西（東京都）、三番瀬、牛込、小櫃川、江川、富津（千葉県）、小長井（長崎県）および白鳥湖（中国）で採集した合計 55 個体のサンプルと GenBank（注 5）からダウンロードした中国、韓国産の個体の DNA データを用いて、ミトコンドリア DNA の部分配列（COI）を対象とした遺伝学的集団構造の解析を行いました。その結果、14 個のハプロタイプが認められましたが、それぞれの遺伝的距離は小さく、ほとんどの日本産のサンプルが中国、韓国産のものとハプロタイプを共有していました（図 2）。これまでの研究では、東日本に分布する個体群は遺伝的に中国や韓国などの大陸沿岸部に由来することが分かっていたましたが、本研究によって、西日本の個体群（小長井）も大陸沿岸部由来であることが示唆されました。加えて、本研究の調査により、東京都内（葛西）で初めてサキグロタマツメタが採集されました。

・種特異的プライマー・プローブの設計

14 個のハプロタイプすべてに共通する塩基配列を特定し、それをプライマー・プローブの候補配列としました。サキグロタマツメタとその近縁種で日本国内に分布しているタマガイ類、調査地の優占種であるアサリの DNA を対象として、設計したプライマー・プローブを用いて定量 PCR を実施しました。その結果、サキグロタマツメタの DNA のみが検出されたことから（図 3）、本研究で設計したプライマー・プローブの種特異性が証明されました。

・サキグロタマツメタ由来の sedDNA の検出確認

滅菌済みの珪砂と人工海水を投入した 60 × 30 × 27.5 cm の水槽を用意しました。そこにサキグロタマツメタの生貝 3 個体とエサとしてアサリ 6 個体を導入し、10 日間飼育しました（図 4）。飼育期間中は 1 日 2 回、特定の時間に人工海水を全て抜き取り、干潮状態を再現しました。10 日後に水槽内を観察すると、サキグロタマツメタ 1 個体が底質の表面を移動していました（図 5）。また、粘液や移動痕が多く確認されたことに加え、アサリ 1 個体が捕食されていたことから、実験に用いた個体は非常に活発に活動していたことがわかりました。その後、水槽内からサキグロタマツメタを全て取り出し、粘液や移動痕があ

る場所と目立った痕跡がない場所でそれぞれ 5 か所から表層堆積物を採取しました。サンプル中から sedDNA 全量を抽出し、設計したプライマー・プローブを用いて、定量 PCR を実施しました。

その結果、10 サンプルのうち 9 サンプルからサキグロタマツメタ由来の sedDNA が検出され、その濃度は $10^6 \sim 10^8$ copies/g sediment でした (図 5)。特に、粘液や移動痕がみられたサンプルの多くは濃度が 10^8 copies/g sediment であり、非常に高濃度でした。粘液は環境 DNA のソースになることが分かっています。本種の場合、粘液は主に捕食や移動の際に足から分泌されます。水槽内でみられた粘液は、これらの行動中に放出された可能性が高く、移動痕にも多くの粘液が含まれていたことが想定されます。したがって、この「粘液」の存在が高濃度の sedDNA が検出された主要因であると考えられます。

以上のことから、本研究で開発した sedDNA 検出方法によって、「サキグロタマツメタの DNA を特異的に検出できること」、「サキグロタマツメタは高濃度の sedDNA を生成しやすい」ことが分かりました。本研究の成果は、sedDNA 分析を用いた新たなアサリの食害防止策を構築するための重要な基盤になります。

◆ 発表雑誌

雑誌名：「Estuarine, Coastal and Shelf Science」

(オンライン先行公開：2025 年 7 月 19 日)

論文タイトル：Development of a sedimentary DNA detection assay for the invasive moon snail *Laguncula pulchella* preferentially preying on the Manila clam *Ruditapes philippinarum*

著者：Kyosuke Kitabatake, Kai Iwasaki, Kentaro Izumi, Kenji Okoshi

DOI 番号：10.1016/j.ecss.2025.109443

論文 URL：<https://doi.org/10.1016/j.ecss.2025.109443>

◆ 用語解説

(注 1) 環境 DNA (sedimentary DNA : sedDNA)

水や堆積物中などの環境中に含まれる DNA の総称。生物の組織片や糞、粘液などが主なソース。堆積物中に含まれる環境 DNA は sedimentary DNA (sedDNA) と表す。

(注 2) 種特異的分析

環境 DNA 分析には、特定の生物種の DNA のみを分析する「種特異的分析」と、サンプル中に含まれる様々な種の DNA を網羅的に分析する「網羅的分析」がある。

(注 3) プライマー・プローブ

プライマー：DNA の特定の領域を PCR 増幅させる際に使用する一本鎖の DNA 断片。

プローブ：定量 PCR において使用される特定の塩基配列に結合する DNA 断片。蛍光色素を含んでおり、PCR 増幅時に蛍光を発することで、その強度から目的の DNA の濃度を測定できる。

(注 4) ハプロタイプ

DNA の配列中にみられる特定の組み合わせを持った型（タイプ）のこと。集団ごとに特徴的なハプロタイプが存在し、その集団の系統関係などを理解する際に用いられる。

(注 5) GenBank

米国生物工学情報センターが提供している、塩基配列データを蓄積・提供している世界的な公共の塩基配列データベース。

◆ 添付資料



図 1. 捕食するアサリ（右）を足で包んで移動するサキグロタマツメタ（左）。アサリの殻にはサキグロタマツメタが途中まで穿孔した痕がみられる（矢印）。

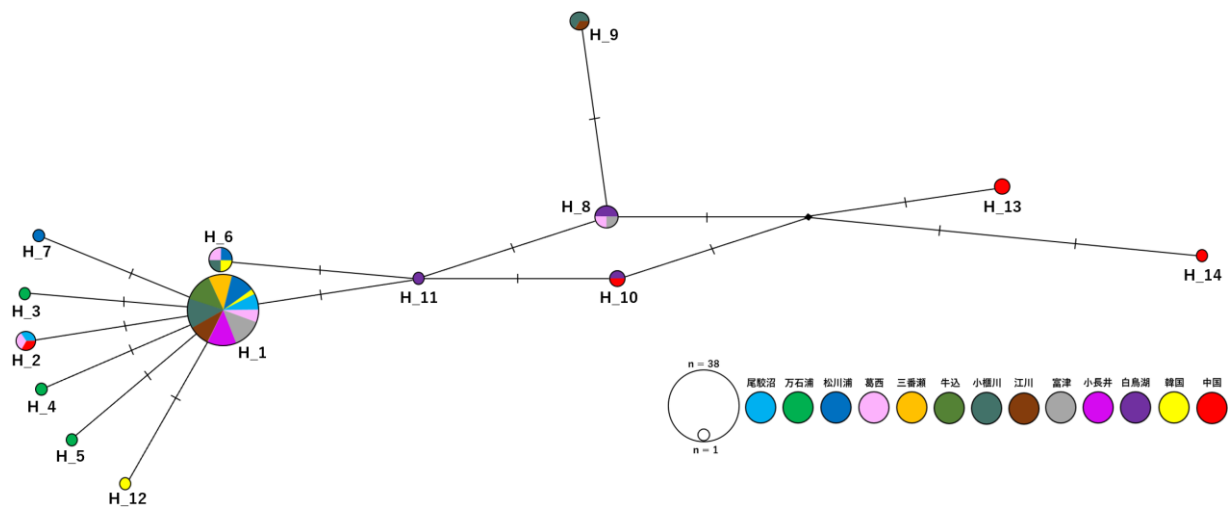


図 2. 遺伝学的集団構造の解析で得られたハプロタイプネットワーク

「H_」はハプロタイプの略称。

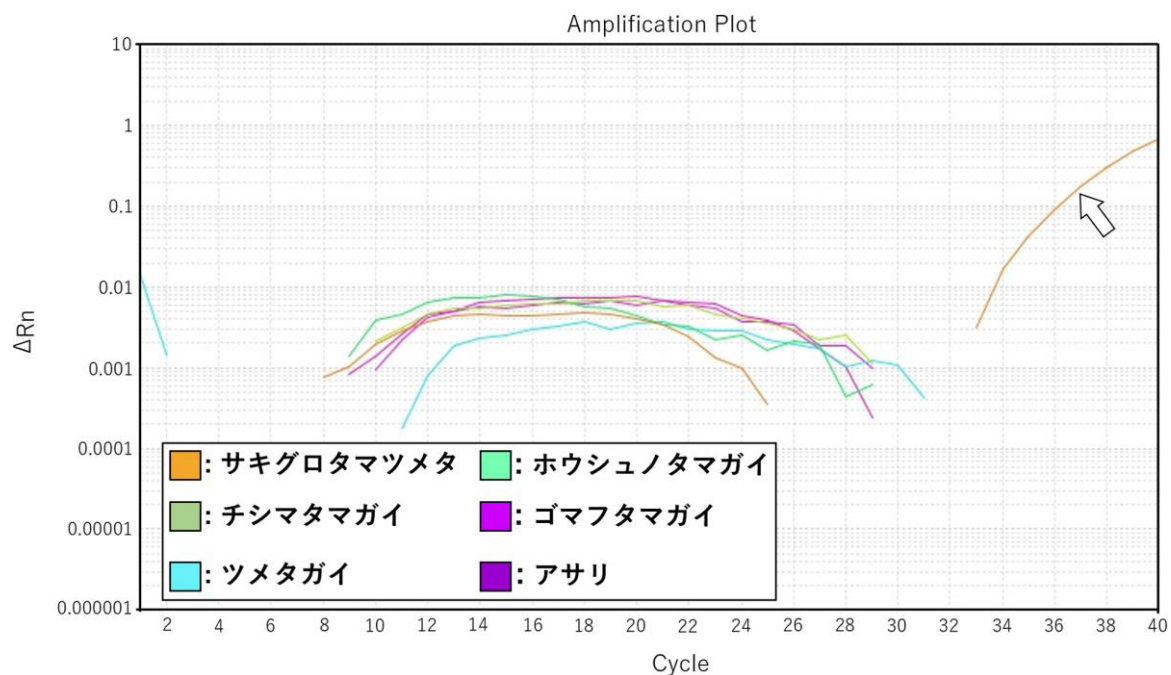


図 3. 設計したプライマー・プローブの種特異性を検証した結果

サキグロタマツメタの DNA のみ特異的に検出されたことから (矢印)、種特異性が証明された。

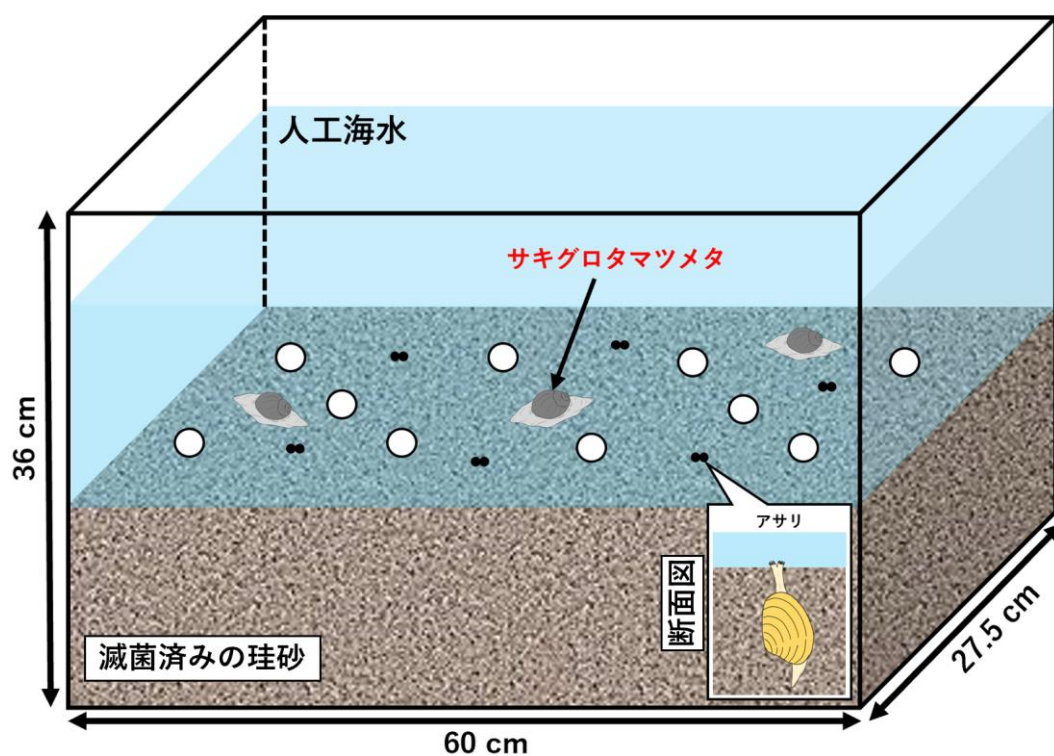


図 4. 飼育実験のモデル図

白丸は sedDNA 分析用の堆積物サンプルの採取位置。

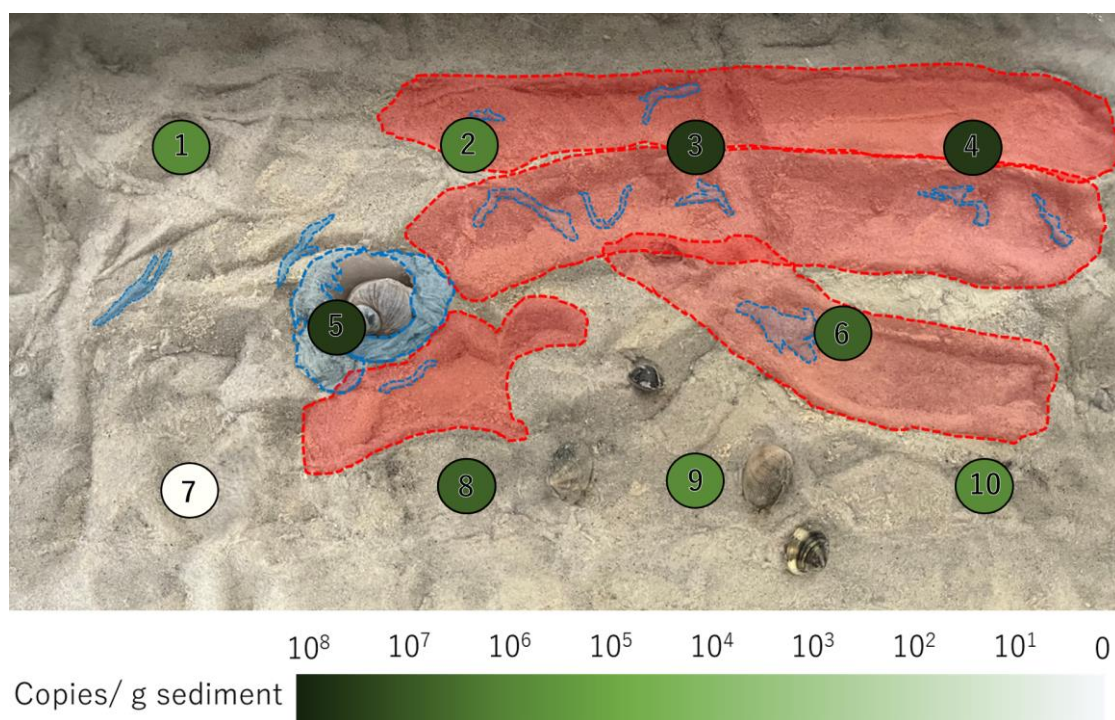


図 5. 実験開始から 10 日後の水槽内を上から見た様子

青色部分は珪砂中にみられた粘液、赤色部分は主な移動痕の位置を示す。丸は堆積物の採取位置を示し、丸内の白～緑色は sedDNA 濃度 (copies/g sediment) の違いを表す。

以上

◆ お問い合わせ先

【研究に関するお問い合わせ】

東邦大学理学部東京湾生態系研究センター

訪問研究員 北畠 京祐

〒274-8510 千葉県船橋市三山 2-2-1

E-mail: kyosuke.kitabatake@gmail.com

【報道に関するお問い合わせ】

学校法人東邦大学 法人本部経営企画部

〒143-8540 東京都大田区大森西 5-21-16

TEL: 03-5763-6583 FAX: 03-3768-0660

E-mail: press@toho-u.ac.jp

URL: www.toho-u.ac.jp

国立大学法人千葉大学 広報室

〒263-8522 千葉県千葉市稲毛区弥生町 1-33

TEL: 043-290-2018 FAX: 043-284-2550

E-mail: koho-press@chiba-u.jp

URL: https://www.chiba-u.ac.jp

公益財団法人東洋食品研究所 総務部

〒666-0026 兵庫県川西市南花屋敷 4-23-2

TEL: 072-740-3300 FAX: 072-758-6934

E-mail: press_tift@shokuken.or.jp

URL: https://www.shokuken.or.jp/