

受賞講演

## 哺乳類の進化と生態：DNA にこだわり続けた四半世紀

### Evolution and Ecology of Mammals: "Sticking to" DNA for 25 years

佐藤 淳（福山大学 生物科学科・グリーンサイエンス研究センター）

Jun J. Sato (Fukuyama University, Department of Biological Science)

わたしが北海道大学理学部生物科学科で卒業研究を始めたのは 23 歳の時であった。今年で研究を始めてちょうど四半世紀が経つことになる。不思議な現象あふれるこの世の中でよくぞここまで「哺乳類と DNA」にこだわり続けて研究ができたなと自分でも驚くことがある。長期にわたり、自由な研究を見守っていただいた皆様には感謝したい。

わたしは学部 4 年生の時に、師の鈴木仁先生から DNA 分析という“包丁”を授かった。最初に大根を切ってみるようになれ、切ってみると思いのほかよく切れ、感動した。次に人参を切ってみた。その次は玉ねぎだ。ますます包丁で野菜を切ることが面白くてたまらなくなった。そうこうしているうちに新しい“次世代の”包丁が編み出され、もっとおいしい料理を作ることが出来た。時代の後押しがあったのだ。

しかしふと考えた。おいしい料理をつくるのに、材料を切った人が偉いのだろうか、それとも包丁を編み出した人が偉いのだろうか。四半世紀研究を続ける中で色々な“料理人”と出会った。ある人は、「料理を作るにはやっぱり包丁から作らないと」と言う。しかし、わたしは新しいアイデアで包丁を編み出すほどの頭を持ち合わせていなかった。ある人は「その包丁で切ったって良い料理なんてできないよ」と言う。しかし、わたしは切る前から切った後のことを想像するだけの頭を持ち合わせていなかった。

わたしは目の前の材料を切り続けた。いろいろな材料をいろいろな角度から切ってその切られた材料が意味するところを考えた。「最も大切なこと」は、単に切っただけではなく、それぞれの料理をお皿に載せるまで作りきったことだ。そのお皿に載った料理は、世界中の人に評価され、批判され、意見交換の材料となった。そのうちお皿に載せる料理を評価する立場にもなった。科学の歯車の一つとして生きていると実感できた。

そんな料理をまとめると「哺乳類の進化と生態：DNA にこだわり続けた四半世紀」にたどり着いた。本講演では、地方の大学で学生たちと悩み、楽しみながらも DNA 分析で明らかにしてきた哺乳類の進化と退化、そして生態についての研究を紹介したい。主な研究成果は、世界で初めて明らかにしたレッサーパンダの進化的位置づけ、イタチ科の進化の時空間パターン、アザラシやアシカの味覚遺伝子の退化、アカネズミの遺伝的多様性から見てきた瀬戸内海島嶼の形成史、日本の哺乳類の起源と生物地理、そして糞中 DNA に基づく齧歯類の食性の解明である。どんなに小さな研究も最後までやり抜くことで大きくなる。小さな種から育った樹はやがて樹冠を形成し、枝が予期せぬ方向に重

なり合いながら広い“領域”をカバーする。そして、そうした重なりが新しいアイデアの種になっていく。大丈夫、誰に何を言われようと自分の研究を信じたらよい。

## リアルな現場と人の中で人と野生動物の相互作用の理解に挑む

### Understanding human-wildlife interactions: engaging with people and wildlife in the real world

内田 健太（東京大学）

Kenta Uchida (The University of Tokyo)

人工知能（AI）をはじめとした科学技術の目覚ましい発展は、私たちの研究スタイルを大きく変え始めている。AI とまでは言わなくとも、自動撮影カメラやバイオリギングなどの観測機器の進歩や、データサイエンス分野の台頭は、今後の哺乳類学の発展に多大な貢献を果たすだろう。実際、こうした技術を駆使すれば、研究者一人でもインパクトのある成果をあげられる時代が来ている。そのような時代にあって、私はあえて泥臭いフィールドワークと古典的な野外観察を主軸に、分野横断的なチームを作って、人と野生動物の相互作用の理解とその応用に挑む研究を行っている。その根底には、自分の経験から得られる人間（研究者も含めた）と野生動物のリアルな情報に、すごく心躍るからという理由があるのかもしれない。そして、そのリアルな体験の中に、研究を通じて人と野生動物の関わりを深く理解し、それを実社会の問題解決に活かすヒントがあると考えている。

私は、幼いころから人間と野生動物の相互作用に興味があり、両者の関わりの最前線地域ともいえる都市や自然観光地と、そこに生息する哺乳類をモデルに研究をしてきた。こうした環境では、人と野生動物の相互作用を高い解像度で観察できるため、確実な実証研究や新しい概念の発見につなげやすい。実際、対象種であるエゾリスやキバラマーモットは、目の前で様々な人間との相互作用を見せてくれ、観察が非常に面白い！一方で、人との距離が近いゆえに、市民と研究者の摩擦が生じやすく、都市生態学者の悩みの種でもある。私の研究チームでは、地道な対話やアウトリーチ活動を通じて、市民との良好な関係を築くことに多くの時間を割いてきた。そこには、科学コミュニケーションなど地域社会を意識する研究の過程自体が、社会実装につながると考えているからである。

また、私は、生態学・生理学・動物認知学・寄生虫学・都市計画の研究者と協働して、分野横断的な研究を進めている。近年、技術進歩に伴う研究分野の細分化・専門化が、学問分野の分断を生み、社会課題の解決を一層困難にしている。特に、生物多様性保全に関する課題には、分野横断的な視点が不可欠である。私の研究チームでは、学生も含む多様な研究者が協働することで、多角的な視点から、人と野生動物の相互作用に関する研究・教育の両面において、成果を上げること目指している。

私の研究内容や業績の整理は、生成 AI に任せられる時代である。だからこそ、本受賞講演では、一連の研究の背景にある、リアルなエピソードなどを通じて、フィールドワークの魅力や人と協働することのワクワク感を伝えたい。体験の機会が減り、人の繋がりが希薄になる時代に研究に身を投じる若い世代（自分も若手ではあるが）にとって、現場の面白さや、人と関わりながら研究をする楽しさが伝わることで、哺乳類研究がさらに盛り上がる一助となれば幸いである。

## ゲノム情報を用いたネコ科動物の多様性解明と保全への応用

### Whole genome analyses of felid diversity and its application to conservation

松本 悠貴（アニコム先進医療研究所株式会社・麻布大学）

Yuki Matsumoto (Anicom Specialty Medical Institute Inc. Azabu University)

今から約 15 年前、学部生だった私はアホウドリの子育てをするため、小笠原諸島の無人島、鴎島に滞在していた。この滞在で、島の豊かな自然と多種多様な動植物を目の当たりにし、生物多様性の理解と保全について考えるようになった。その後、生物多様性の構成要素の一つに遺伝子の多様性があり、遺伝情報をもとに生物多様性を理解し、保全に活かせることを学び、遺伝学の研究者を目指すようになった。

ちょうどその頃、遺伝子配列を高速かつ網羅的に解読できる次世代シーケンサーが急速に普及し、すべての遺伝情報であるゲノムを対象とする研究が広がりつつあった。その中で、様々な形質の遺伝的基盤が次々と明らかにされていたが、当時の研究はヒトやマウスなどのモデル動物が中心であり、私が関心を持っていた野生動物や愛玩動物などの非モデル動物に関する研究は少なかった。そのため、非モデル動物での形質に関する遺伝的背景は未解明な部分が多かった。

そこで私は、世界の様々な環境に適応したネコ科動物を対象に、その多様性を明らかにするためにゲノム解析を行ってきた。代表的な愛玩動物であるイエネコでは、ゲノム解析の基盤となる参照ゲノム配列の構築、品種内外における遺伝的多様性の解明と、形質を生み出す遺伝子変異の特定に取り組んできた。

また、イエネコに関する知見や解析手法を、同じネコ科で絶滅危惧種であるツシマヤマネコの保全にも応用してきた。本種をはじめとする絶滅危惧種では、一般に遺伝的多様性が低く、従来の部分配列にもとづく解析では個体識別や血縁関係の推定精度に限界があった。これに対し、ゲノム情報を用いることでその推定精度は大きく向上し、実際に、この技術により動物園の飼育下個体群で精緻な血統管理が可能となった。さらに、飼育下個体群で得た知見を野生個体群に応用し、その遺伝的多様性や家系構造を推定することで、直接観察が難しい野生個体群においても、生態解明や保全戦略の構築に資する新たな情報が得られつつある。

こうした研究成果を社会に発信し、還元していくことも研究者の重要な役割であると私は考えている。これまで、アートと科学を融合したサイエンスコミュニケーションの実践、構築した参照ゲノム配列のギネス世界記録認定、国立科学博物館の特別展の一部監修などを通じて、哺乳類学研究の成果をかみ砕いて一般市民に伝える活動を行ってきた。本講演では、これまでの研究成果とともに普及啓発活動についても紹介したい。

ゲノムは膨大で複雑な情報であり、10 年以上研究を続けてきても分からないことだらけである。しかし、研究を重ねることで、多様性を生み出すしくみが少しずつ見えてきた。今後もゲノムに向き合いながら哺乳類の多様性の基盤を明らかにし、保全への応用を進め、得られた知見を社会に広く伝えていきたいと考えている。