

# 科学の 峰々

100

取材日：2019年5月14日  
東京科学機器協会会議室千葉県立中央博物館 生態・環境研究部・部長  
みや まさき

## 宮 正樹 先生に聞く

### 既成概念を打破し、環境DNA技術で バケツ一杯の水から魚類3万種を検出

上

聞き手：高橋 秀雄 日本科学機器協会 広報副委員長

富山 裕明 ハウスホールド 広報委員

岡田 康弘 ハウスホールド 事務局長

(取材・撮影・編集協力：クリエイティブ・レイ株式会社 安井久雄)

#### 宮 正樹 先生のプロフィール

1984年 3月 東京大学大学院 農学系研究科 水産学専門課程修士課程修了

1987年 3月 東京大学大学院 農学系研究科 水産学専門課程博士課程修了

1989年 4月 千葉県立中央博物館で勤務開始(技師～上席研究員)

1997年 4月 千葉大学大学院客員助教授～准教授(2013年3月まで)

2011年 4月～同博物館 動物学研究科 科長

2013年 4月～同博物館 動物学研究科 主席研究員(兼)科長

2013年 4月 千葉大学大学院 客員教授(2015年3月まで)

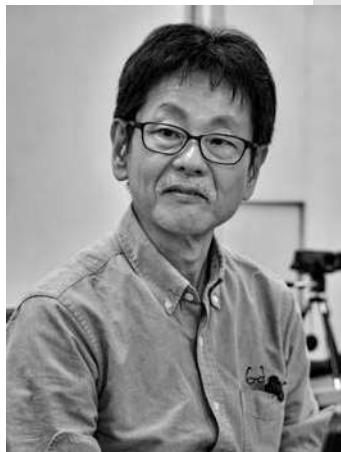
2016年 4月～千葉県立中央博物館 生態・環境研究部 部長

#### 〈功績〉

■ミトコンドリアゲノム全長配列(約16,500塩基対)の高速決定法を開発  
(Miya & Nishida 1999)

同技術で大規模データに基づく大系統解明の先駆けとなる研究を実施、  
数々の世界的発見

■魚類環境DNAメタバーコーディング法(同時並列多種検出法)  
の技術を開発  
「バケツ一杯の水で棲んでいる魚がわかる技術」として  
注目を浴び今後の世界標準の技術となると見られている



#### 〈受賞〉

2004年 8月 日本進化学会 奨励賞

2010年 10月 日本魚類学会 論文賞

#### 〈著書〉

「新たな魚類大系統—  
遺伝子で解き明かす魚類3万種の由来と現在」  
(2016年慶應大学出版会)



## 产学官との連携

## 大きなニュースとなった世界初・魚類新発見の数々

一宮先生は千葉県立中央博物館で仕事を行なながら「魚類」の世界的な新発見や未知の分野を解明し、その功績は様々なメディアでも大きく取り上げられています。大きなニュースとなった魚類の新発見を教えていただけますでしょうか。

宮 皆さんのが分かりやすいところでは「幻のサメを探せ～秘境・東京海底谷」というNHKスペシャルで放送されたミツクリザメの新たな生息場所の発見があります。これは世界的にも非常に採集例が少ない生きている化石とも言われるサメだったのですが、なんと東京湾口の深海に多数生息していることを発見しました。その姿を映像で初めて捉えたその番組は2008年に放送されて高視聴率を記録し、テレビを通して幻のサメを一千万人以上の人々に知っていただくことになりました。この番組は今でもビデオが購入できます。

また、魚類の新科・新属・新種の発見では幾度か世界のメディアで取材していただいている。ムカシウナギという原始的なウナギをパラオの海底洞窟から発見した時は、イギリスのBBCやオーストラリアのラジオ局などからインタビューを受け、世界的なニュースとなりました。全米の新聞にも掲載されたそうです。

また「マグロの先祖は、これまで考えられているような魚ではなく、

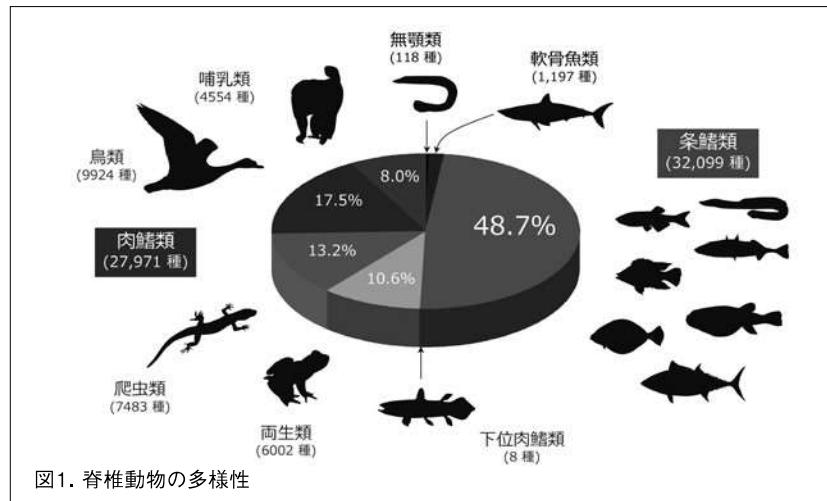


図1. 脊椎動物の多様性

実は深海魚だった」ということを解説した時は、朝日新聞をはじめ各種メディアで記事になるなど話題になりました。

ここまでお話ししたことは環境DNAを用いた解析でなく、それ以前に主に「ミトコンドリアゲノム全長配列を独自の手法で決定して解析する」という方法で明らかにしてきたことで、2015年以前のことになります。

そして近年、大変反響が大きかったのが「環境DNA」です。「海や川から汲んだバケツ一杯の水で、そこに棲む魚の種類が分かる」技術を確立したということで、NHKや大手新聞で大きく報じられましたし、千葉日報では朝刊一面トップ記事になりました。その後、魚類に限らず、陸上の生き物が飲む「水」に残る環境DNAを解析することで、熱帯雨林に生息する哺乳類を検出することにも成功し、やはりNHKや大手新聞に数多く取り上げされました。

要するに、2015年までは魚類を中心とする分子系統学、それ以後は魚類やその他の生物を含む

環境DNAを用いた分子生態学が専門分野となっています。魚の「過去」を復元する研究から、魚の「現在」を明らかにする研究に専門を変えたわけです。

つまり、2015年は研究のひとつの節目で、それ以前もそれ以後も大変な功績を挙げられているわけですね。「環境DNA」のことが気になりますが、まず基本的にどのような生物が「魚類」と呼ばれているのか教えていただけますか。

宮 実は研究者のあいだでも、国内外問わず魚類とは何かを正しく理解している人は少数です。一般に「魚類」あるいは「魚」と呼ばれている生き物は、脊椎動物の初期進化で水中生活から脱すことのなかったもので、4つのグループがあります(図1)。1つ目が無顎類で、ヤツメウナギのように顎がない生き物で約100種。2つ目が軟骨魚類で、背骨のような中軸骨格が軟骨で出来ているもので、サメやエイなどが約1,200種。3つ目がほとんどの魚が含まれる条鰓類で、鰓が筋

## 产学官との連携

状になっているものです。タイ、マグロ、ウナギ、ヒラメ等多数の魚が条鰓類で約32,000種。ここまでが魚類の主な構成要素で、4つ目に下位肉鰓類というシーラカンスやハイギョの仲間の8種が魚類に含まれます。簡単に言うと進化の過程で“陸上に上がりそこなった生き物”たちです。つまり魚類とされるものが3万種以上もいることになります。起源の異なるものの寄せ集めが魚類といつても良いでしょう。

ちなみに淡水と海水に棲む魚の割合は、地球上に淡水は容積で3%しかないのですが、半分弱が淡水で半分強の種が海水に棲息しています。一方、サケやウナギのように淡水と海水を行ったり来たりしているものもいるのが面白いですね。サケは川で産卵し、ウナギは3,000kmも離れた外洋の深海で産卵します。

この4つのグループは進化的な由来は大きく異なります。しかし20世紀の後半程まで、遺伝子の本体であるDNAの塩基配列が着目されるまでは、魚類の進化は今振り返ると誤った認識がなされていました。特にほとんどの魚が属する条鰓類については、世界で数名の研究者による“権威主義”がまかり通って批判的な見解が一蹴されてしまう状況がありました。1950年代あたりの魚類の教科書はそうした権威主義に色濃く染まっています。

**権威主義を打ち破り  
大規模データに基づいた  
魚類大系統の解明に着手**

—20世紀の半ば頃まで世界の魚類の教科書が“間違いだらけ”であったことを宮先生のグループが解説していったわけですね。

宮 私は1997年にワシントンD.C.のスミソニアン研究所で魚の標本に立ち寄ったときに世界の大御所（権威の人）とされていた人物と会食する機会を得ました。私がDNAから魚類の分子系統を研究していることを話すと、彼は意にも介さず笑い飛ばしていました。当時は私も分子系統に入門したての頃で、今なら容易に反論できることは数々あったのですが、世界の魚類研究はそんな状態だったわけです。

私が行ったのはDNAのゲノム解析によるものでした。そう聞くと多くの人が細胞の核に含まれるDNAを想起すると思いますがそうではなく、細胞内小器官であるミトコンドリアにあるゲノムの解析です。ミトコンドリアは核とは異なる別のゲノムを持っています。そして特徴的なのが、核ゲノムでは父と母から一組ずつのDNAが受け渡されているのですが、ミトコンドリアゲノムでは「母系遺伝」といって、母のDNAだけが子に受け渡されています。ですから、DNAの歴史を解き明かすと母親をずっとさかのぼることになるのです。

しかし、膨大な数に及ぶ魚類についてミトコンドリアゲノムの配列を解き明かす手法は確立されておらず、自分で新たな手法を考案するしかなく、現在、琉球大学学長である西田睦さんとの共同研究で「ミ

コンドリアゲノム全長配列の高速決定法」という技術を開発しました。

その手法を用いて魚類の進化的由来をたどると、例えばウナギの祖先が実は深海魚だったなど、それまで考えもつかなかったことが次々と明らかになったのです。技術開発にしてもその成果にしても、試行錯誤を繰り返し、その苦労は一言では語りつくせません。今は世界に新たな発見としてインパクトを持って受け止められていますが、最初の論文発表のときは、あまりに既成概念と異なる発見だったため、罵詈雑言とでもいうようなコメントが飛んでくるような状況だったのです。

一連の成果は一般の方々も面白く読めるように、なるべく分かりやすく『新たな魚類大系統—遺伝子で解き明かす魚類3万種の由来と現在』という本にまとめています。その本の最後に“現在”という語を使っていますが、それを解き明かすのが「環境DNA」になります。

### バケツ一杯の水から そこに生息する魚が分かる

—先生の著書を拝読しましたが、過去の常識に立ち向かう先生の熱い気概なども感じられ、門外漢でも分かりやすく楽しませていただきました。では「環境DNA」に絞ってお話を伺いたいと思います。そもそも「環境DNA」とは何でしょうか。

宮 あらゆる種類の生物は全て

## 产学官との連携

固有のDNAを持つていますが、それは実は水や空気などの環境内にも漂っています。人間で言うと、犯罪捜査にDNAを使いますね。髪の毛一本や爪の先、唾液などが少しでもあれば、その場に誰がいたのか判ってしまうのです。

要するに、犯人が犯罪現場に痕跡を残すように、他の生物も水や空気などの環境中にDNAを痕跡として残すのですね。例えば私たちが住む日本の空気の中には、カツオブシなど多くの人が日常的に食べている物のDNAを含むものが漂っているようです。それが環境DNAです。つまり水や空気中に漂っていたり、土などに埋もれてたりするDNAを調べれば、そこにどんな生物がいるのかが分かるという仕組みです。

環境DNAが論文として報告されたのは2008年フランスの研究者によるものだったのですが、この前後に既に環境DNAの存在に気がついていた日本人がいました。神戸大学の源先生という方ですが、その方は2006年あたりから魚のコイにまん延して問題となっていたコイヘルペスを研究していました。そのヘルペスのDNAを採取しようとコイを入れた水槽の水を分析したところ、ヘルペスのウイルスだけとは考えられない量のDNAが検出されたのです。そのDNAの正体を調べたところ水中に漂っていたコイのものだったのです。

魚類は体のまわりが粘液で覆われており、そこからその個体のDNAが検出できます。魚が少し動くだけで、体から剥げ落ちた粘液

を通じて大量のDNAが水中に放出されるのです。

つまり池、川、海などの水を調べれば、そこにどんな魚が棲んでいるか分かるわけですね。

宮 その通りです。水に含まれる環境DNAを分析するだけで棲んでいる魚が分かることになります。大げさでなく「バケツ一杯の水」で、「どこにどんな魚がいるか」という、これまで調べようとしても大変なコストと時間と専門的知識が必要であったことが、誰でも調べられるようになりました。

少し考えると、海でも川でも「そこに棲む魚を明らかにする」ことがすごく大変なことが理解いただけると思います。いろいろな方法がありますが、その一つが潜水による目視ですね。その他にも、実際に網で捕ったり釣りをしたりして調べることもできますが、それでも全ての魚を把握出来るかというと無理ですよね。藻や岩陰にいて捕ることはおろか見ることすら出来ない魚がいくらでもいるわけです。これが深海などになるとさらに困難で未知のことだらけでした。

つまり、そこにどんな魚がいるか知ることは非常にコストと時間がかかる上に、魚類は3万種以上もいるですから専門的な知識を必要としますし、そのような調査をすることは大変難しかったわけです。魚の痕跡である水中のDNAを調べることでどんな魚が棲んでいるかわかる、それが環境DNA調査の最大のメリットです。

### メタバーコーディング法が環境DNAの網羅的分析を実現

一 環境DNAを調べる水の採取風景を拝見しましたが、バケツで川や海の水を汲んで来るのですね。

宮 そうです。分析の第一歩目は非常に前時代的ですね。今、アウトライントをお話ましたが、このアイデアを現実的に行える技術を考え出すのは一筋縄ではありませんでした。環境DNAの分析も先ほどお話をしたミトコンドリアゲノムの全長配列の高速決定法と同じく、これまではやったことがないことをやるので、ある部分は自分で“発明”しないといけないわけです。そして試行錯誤の結果、既存の技術との組み合わせで確立したのが「環境DNAメタバーコーディング法」という技術です。

その手順は、①採水→②ろ過→③ろ過したフィルターに残っているDNAの抽出・精製→④DNAの増幅・加工になります。④のDNAの増幅・加工は、ごく少量である環境DNAを次の行程で分析できる量に増幅し、また、次世代シーケンサという最新の機器で分析できる形にDNAを加工することです。こうすることで、ここから何が行われるかというと、詳細は込み入るものとなります→⑤次世代シーケンサを用いた大規模な同時並列塩基配列決定→⑥データ処理と魚種の検出という手順となります。

このメタバーコーディング法のエンセンスは、どんな魚の環境DNA

## 产学官との連携

も増幅するプライマーを設計することです。私は880種の魚類の塩基配列を整列して、両側に880種の魚類に共通する配列をもち、その内側の配列は魚類の種を識別できる領域を発見しました(図2)。この両側の保存的領域にプライマーと呼ばれる分子ツールを設計するのです。プライマーとは人工的に合成した20塩基程度の一本鎖DNAです。この分子ツール(1組のプライマーで増幅したい配列を挟み込む)を使うと、ポリメラーゼ連鎖反応(PCR)という化学反応をつかって増幅したい配列(魚の種類がわかる配列)を分析可能な量に増幅できるのです。このプライマーを何度も設計し直したり、実験条件を変えたりして、有効な手法を確立することが出来ました。このプライマーの最終形には「MiFish」(マイフィッシュ)という名前をつけました。「Mi」は私の苗字である宮の「み」と、ミトコンドリアの「ミ」をかけています。

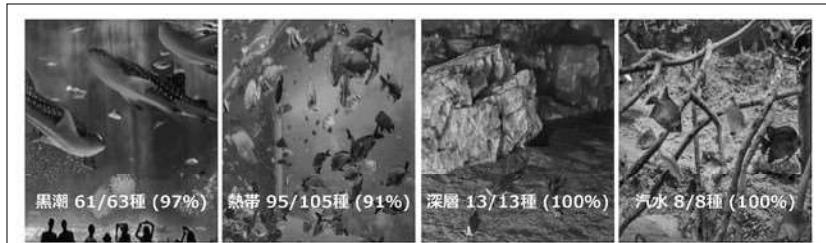


図3. 沖縄美ら海水族館の4つの水槽において、環境DNAで検出された魚の割合

この開発にあたっては、魚類3万種の進化的由来をミトコンドリアゲノムの全長配列解析を行って解明する時に開発したMitoFishというデータベースが大いに力を発揮しました。結果的には、以前に別の分野で確立した手法やデータベースを、新たな分野で有効利用できたことになります。

#### —環境DNAメタバーコーディング分析法で、そこに棲む魚がどれくらい正確に特定できるのでしょうか。

宮 それを検証するため、まずは閉鎖空間である水族館の水槽にいる既知の魚種をどれくらいこの

手法で再現できるかを調べてみました。沖縄美ら島水族館に黒潮水槽というジンベイザメが泳いでいる水槽がありますが、その海水をろ過して環境DNAを調べたところ63種の魚のうち61種を検出できました。つまり、大きな水槽内の魚の約97%のを検出できることになります(図3)。

こうした検証を重ねる中で問題点も明らかにすることが出来ました。例えばマグロの仲間は世界で8種類いるのですが、比較的新しい時代に分かれていったので、DNA塩基配列の差が非常に小さいのです。そのため、水槽にはクロマグロとキハダマグロの2種しかいないのに、コンピュータによる解析結果ではビンナガやタイセイヨウマグロなど飼育されていない種を含めた6種が検出されてしまいました。そこで、マグロの種を識別できる新たなマーカーを探し出して、新たな実験系を試してみたところ、きれいに全種を正しく検出できました。これも有用な発見で、私が作った「MiFish」のみでは判別できない種もプライマーを変えることで正確な結果が得られるという方法が分かったことが、環境DNAメタバーコーディング分析の精度を高めることになりました。

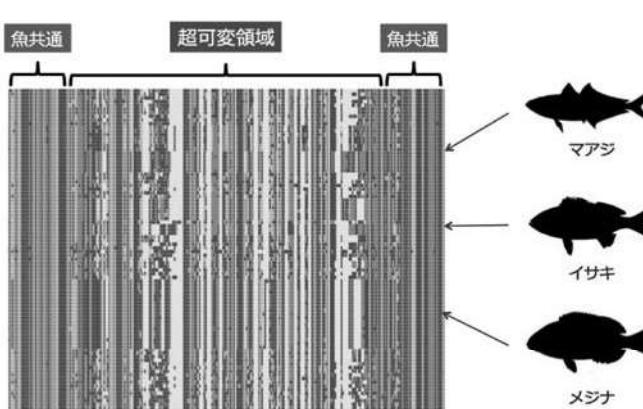


図2. 880種の魚のDNA塩基配列(ミトコンドリアの12S rRNA遺伝子)を整列させた図。魚に共通する配列を両脇にもち、その内側は種の識別が可能な変異にとんだ領域になっている。両脇にプライマーと呼ばれる分子ツールを設計すると、この内部を分析可能な量に増幅することができる。

## 産学官との連携

MiFishプライマー論文は2015年の7月に、英国王立協会が発行するウェブジャーナルに発表し、非常に大きな反響を呼びました。4年ほどの間に、この論文のダウンロード数は3万6千以上を越え世界中の研究者に読まれ、160件近い論文で引用されています。冒頭でもお話ししたように、日本国内の50件を超える多くのメディアで報じられました。

そして発表後、もちろん実際の海でどうなのかという検証も進め、北はベーリング海や厚岸湾、日本海の舞鶴湾や房総半島南部、南は沖縄・久米島のサンゴ礁や深層水などで調査を行い、天然海水でも、また河川や湖沼でも良好な結果が得られることが次々と分かりました。

京都の舞鶴湾の場合をお話しすると、ここには京大の水産実験所あり、過去14年間、隔週で潜水により目視をして魚を調べ、80種がいることが分かっていました。私たちは湾内に47地点を設定して船

で回り、各地点から水を汲んで環境DNAを分析したのですが、湾全体で128種の魚を検出できました(図4)。この調査自体は6時間ほどで、つまりその短時間で過去14年間に隔週で潜水をして把握した80種を大幅に上回る魚を検出できることになります。これは、大変な時間とコストの削減ですね。

久米島の場合は、深さ612mの  
深層水の環境DNAを調べ、どん  
な深海魚がいるのかということを調  
べました。環境DNAという手法が  
なければ到底知りえなかつたわけ  
ですが、80種が検出されるという見  
事なデータが得られました。継続的  
に研究していくて最新の結果では  
140種も検出できました。この結果を  
見た他の研究者の方は「海の中を  
見て來たかのようだ」とおっしゃって  
くださいましたが、まさにその言葉通  
りのことが分かるのです。

また川での検証についても行っています。川は海と違って、上流から下流という一定方向に水が流れますが、そこでも環境DNAできち

んとした魚の特定が出来るのかを調べてみました。琵琶湖に流入する51河川の各上流と下流の2地点ずつの合計102地点を調査したところ、カジカというもっぱら上流に生息する魚は上流で、河口近くの下流に生息するウツセミカジカは下流で検出されることが明らかになりました(図5)。つまり、上流に生息する魚から放出されたDNAは下流へ流れるうちに薄まっていくわけで、もっぱら魚が棲んでいる近辺で環境DNAが検出されるということになります。

—ある地点の水を調べた時、採取した地点からどれくらいの範囲の魚まで分かるものなのでしょうか。

宮 その点は皆さんによく聞かれ  
る質問です。これについても調べま  
した。「ある場所で、ある種類が検  
出されたとして、その種はどこにい  
るのか? 1km離れた場所なのか、  
まさしくその場なのか、さらに時間  
的に何分前までいたのか、1時間  
前までいたのか」という疑問です。

この問題については、共同研究者である京大舞鶴水産実験所の益田さんが「生け簀実験」で貴重なデータを出してくれました。舞鶴湾に棲息していないシマアジという魚を沖の生け簀の中に放して、どれくらいの距離、どれくらいの時間まで環境DNAで検出可能かを調べたのです。結論だけ言うと、ある海域で検出された環境DNAは「対象生物が1時間以内に採水地点から半径30メートル以内にいた」ということが分かりました。

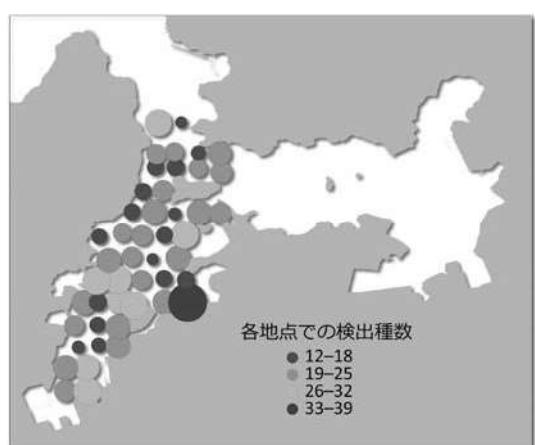


図4. 舞鶴湾で採水を行った47地点において検出された魚の種数。  
(山本哲史博士提供)

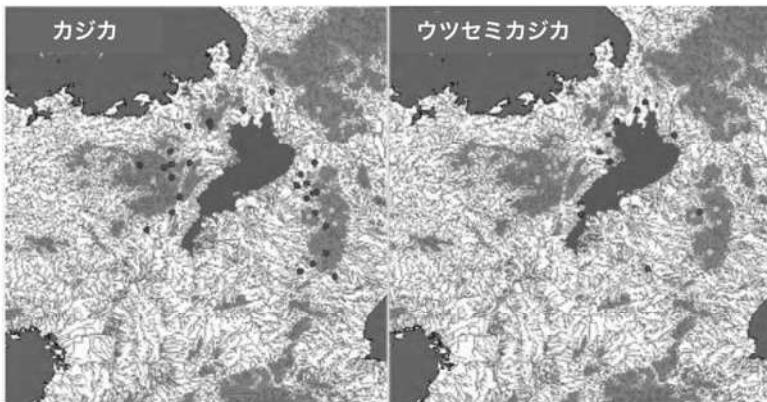


図5.琵琶湖流入河川におけるカジカとウツセミカジカの検出地点。(中川光博士提供)

### 日本近海に棲む魚種を環境DNAで一斉調査

—これは世界中や日本中の海でバケツいっぱいの水からどんな魚がいるかということが分かることになりますね。

宮 実は日本については「どうせなら大きいことをやろう!」ということで、既に全国一斉調査を行いました。2017年夏に日本全国の528地点の海域の環境DNAを調べたのです。北海道から本州、九州、四国、沖縄というのはもちろんですが、最北点は宗谷岬、最南点は南硫黄島、最東点は納沙布岬、最西点は私が直接採水に行った与那国島になり、南北およそ3000kmに渡って魚類相を調べました(図6)。気候で言うと亜寒帯のエリアから亜熱帯のエリアまで調べたことになります。

結果、1,220種の魚が検出されました。日本の沿岸に棲む魚は2,400種といわれているのですが、2ヶ月ちょっとの調査でこれだけのことが分かったのです。

バケツで汲んだ水をろ過して、ろ紙からDNAを抽出し、さらに抽出した魚類環境DNAを分析可能な量に増幅し、それを次世代シークエンサで分析可能なかたちに加工したのですが、その分析の結果出てきたDNA塩基配列データ(170塩基対ほどの短いDNA断片)を「リード」と言います。この調査では、総リード数66,661,938本という膨大なデータが得られましたが、とてもこれだけのデータを1つ1人の手で分析するなんて不可能なわけです。先ほど話した「次世代シークエンサによる同時配列塩基決定法」という実験法と「データの一次処理と魚種の判別法」というデータ解析法を確立したことで、こうした研究が可能になったわけです。

### 日本近海に一番多く生息する魚はメジナ・クロダイ・カタクチイワシ・メバル他

—日本近海で一番多く見られた魚は何でしたか。

宮 最も多くの地点で見られた魚

は、さあ何でしょう!というと、1位はメジナでしたで過半数の地点で検出されました。以下ベスト5は、2位クロダイ、3位カタクチイワシ、4位メバル属、5位クサフグとなりました。釣りをされる人は「どうりでこれらの魚はどこに行ってもよく釣れるのか」と思っているかもしれませんね(笑)。

逆に言うと「あの魚はどこに棲んでいるのだろう」ということが分かったわけで、検出された1,220種の魚が検出された地点を地図に反映すると一目瞭然です。

北海道の代表的な魚であるニシンは、もっぱら北海道沿岸で検出されており、カタクチイワシは北海道を除く本州、九州、四国で日本海側、太平洋側を問わず広い範囲の沿岸で検出されました。マイワシになると日本海側や九州、東北での検出が大分少なくなりました。ウルメイワシになるとさらに検出地点は少なくなりますが、マイワシがあまりいなかった九州西岸にも結構いるとか、四国や鹿児島エリアなど南日本のソウルフードであるキビナゴはもっぱらその地点に集中して検出された、など過去の知見と整合性のとれる結果が得られました。

—これは漁業にとってすごく重要なデータになりますね。

宮 おっしゃるとおりです。水産重要種のひとつであるブリが検出された地点を見てみると、昔はブリが捕れなかった北海道で、今やオホツク海にまで生息域を広げていることが明らかに分かりました。漁業の現場では言われていたこと

## 産学官との連携



図6.沖縄県・石垣島のリーフ内にてバケツ採水を行っている宮先生。

「どこにどんな生き物がいるか」という簡単そうで難しい問題に「バケツ一杯の水」を調べることで答えられるようになったのです。



なのですが、かなり北の地点でブリが検出されました。ブリというと日本海の寒ブリを思いがちですが、北海道の夏のブリも脂が乗って非常に美味しいんです。

また生物学的にも非常に意義深いことが分かつてきました。磯に棲むダイナングンボという小魚にはa型とb型がいることが知られているのですが、a型は太平洋や瀬戸内海で検出されていますが、b型はa型とは異なる九州から日本海沿岸で検出されています。これから何が推測できるかというと、地理的な障壁と言うのですが、何らかの地理的条件の境界から1つの種類が2つに分かれていったのではないかと考える一つの根拠になるわけです。

こうした、近縁種なのに棲息場所が異なるという現象は、ウミタナゴでもっと顕著でした。ウミタナゴという種は、日本の本州沿岸を縁取るように広い範囲で検出されのですが、どういうわけか東海地方だけ全然検出されませんでした。これはホントだろ? 東海地方にウミタナゴがないわけはないと思ったら、近縁種のマタナゴというウミタナゴが東海地方沿岸だけから検出されたのです。

このように全国のデータを分析すると色々と面白いことが分かります。

南と北、どちらが魚の種類が多いのかというと、圧倒的に多かったのが南西諸島(九州以南の鹿児島県と沖縄県に属する島々)で1地点で80種くらいが検出されました。本州南部だと40種、北海道で20種、というような南高北低傾向が顕著で、瀬戸内や九州内海の種数は本州各地とそこまで差はないのですが、独自性のある種が多く見られたりします。

こうした全国528地点のデータから「魚類群集に見られる空間構造」を明らかにするひとつの手段として、多次元尺度法というなかなか難しい方法を使い図に落とし込みました。ごく簡単に言うと「似ているエリア」を近くに配し、「似ていないエリア」を遠くに配するということで二次元に落とし込むと、面白いことに日本地図を再現したような形になりました。

### 誰も知らなかつたこと その発見こそが“快感”

一まさに日本各地の「海の中の魚を潜って見ていくよう」ですね。これまでほとんど未知であり、また実際の目視や採集ではどれだけ大きなプロジェクトを組んだとしても知りえなかつたことが、分かるようになったことに驚くばかりです。

宮 私の性格として、何をおいても今まで誰も見つけることができなかつたことを「発見」するのが楽しいのです。だから自分で大量にデータを出して、誰も見つけられなかつたことを発見したり、知りえた時の快感は何ものにも変えがたいです。

例えば研究者には、過去の権威が出した大命題をどうエレガントに解決するかということに快感を覚える方もいらっしゃいます。それはそれで非常に意義深いとは思いますが、私の場合はそのような研究に面白さを感じません。他人に問題を出されていること自体が面白くないというのでしょうか。小中高の試験にしても、他人が作った問題ですから全然解く気が起こらず学校の成績も良くなかったのです(笑)。

今まで誰も見ることができなかつた水中の様子を簡単に知ることができるようになった「魚類環境DNAメタバーコーディング法」の技術開発は、大変な試行錯誤がありましたが楽しくてたまらなかつたですね。

次号「科学の峰々」は、引き続き千葉県立中央博物館 生態・環境研究部・部長 宮正樹先生にお話を伺います。