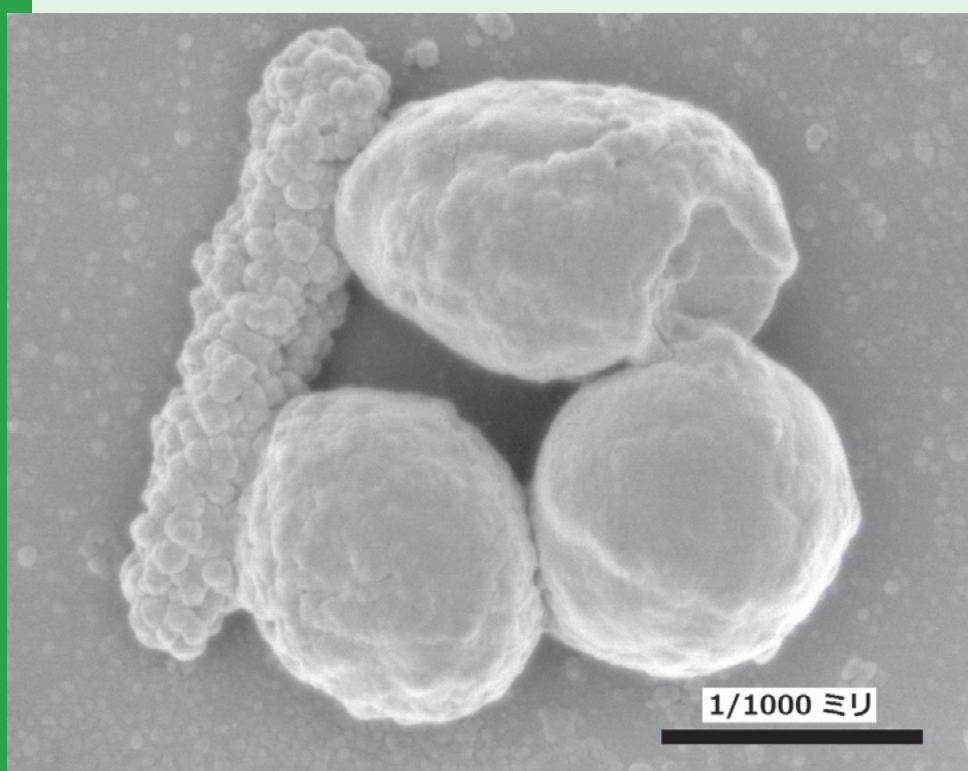


## 国立環境研究所ニュース

平成25年(2013)2月  
Vol.31 No.6

## 特集 DNAを通して自然を観る



微小な植物プランクトンの1種 (Bathycoccus prasinos)。  
見た目は正体不明だが、DNAを調べれば種名が分かる。  
左の細長いのはバクテリア。

## Contents

- 2 手がかりとしてのDNA
- 4 藻類の多様性研究と種判別法の開発-ピコ植物プランクトンを例に-
- 6 DNA情報による種分類-配列を調べないで配列の違いを知る-
- 9 DNAバーコーディング
- 11 分野横断型研究の土台作り-シナリオ研究最前線-
- 14 気候変動枠組条約第18回締約国会議 (COP18) ・ 京都議定書第8回締約国会合 (CMP8)



## 手がかりとしてのDNA

竹 中 明 夫

カエルの子はカエルと言います。カエルの卵からはカエルが生まれ、ヒマワリの種子からはヒマワリが育ち、青カビの胞子からは青カビが生えます。これは、卵や種子や胞子のなかに、体の作り方に関する情報が入っているからです。この親から子に伝えられる情報を遺伝情報と呼びます。遺伝情報には、体を作る道具（タンパク質からなる酵素など）の作り方や、その使い方の情報が含まれます。

遺伝情報は、DNAと呼ばれる高分子の有機化合物に載っています。DNAのおもな構成成分3つのうち、塩基と呼ばれる構成成分には4つのタイプがあります。この塩基の並び方でタンパク質の構造が表現されています。塩基の並び方という分子のレベルで書かれていますから、膨大な情報もコンパクトに記録できます。人間の場合、ひとつひとつの細胞に全部で30億個もの塩基が並んだ遺伝情報が2セット入っています。1つの塩基のサイズが1ミリの300万分の1ほどしかないので小さな細胞のなかに収まるのですが、それにしてもまさにナノテクの極致です。

とはいえ、遺伝情報をもとに作られた人間もなかなかたいしたものです。遺伝情報が目には見えない分子の上に乗っていることを突き止めたのですから。近年は、高速で塩基の並びを決めることができるようになりました。最先端の機器を使うと、一時間に何十億もの塩基を読むことができます。

遺伝情報を読み取ることができると、生き物の体が作られる仕組みや、さまざまな性質の背景にある遺伝的な違いなど、いろいろな研究が進められます。それらは、遺伝情報の構成要素、すなわち遺伝子の働きについての研究です。

一方で、DNAの塩基の並び方の違いを手がかりにして、生き物の種類や個体を区別する技術も開発されています。DNAによる親子鑑定は分かりやすい例ですし、犯罪捜査にも使われています。親子鑑定では本人たちもはっきり分からないことを白黒つける手がかり、犯罪捜査では当事者が事実を語ろうと語るまいと、客観的に事実を明らかにする手がかりとなります。

同じ手法を人間以外の生物に使うと、名札も戸籍もないし自分からは何も語らない生き物の由来を調べることができます。DNAの塩基の並びの特徴に注目することで、見た目では区別が難しい生き物や、目には見えない生き物がなんという種類なのかを決める（同定する）ことが可能になります。切り身で売られている肉や魚の種類まで分かってしまうのです。また、いつのまにか日本の自然にまぎれこんだ外来生物の由来もDNAから知ることができます。

DNAを手がかりに種類を決める手法をDNAバーコーディングと呼びます。商品に付けられたバーコードをピッと読み取るといろいろな情報が得られるように、DNAを調べればその生物の氏素性が分かるというわけです。そのために必要なことは、種類ごとの特徴となるDNAの構造のデータ（DNAバーコード）をたくさん集めておくことと、種類を知りたい生物のDNAを効率よく調べて種を識別する技術（DNAバーコーディング）です。詳しいことは、本号の「環境問題基礎知識」をご覧ください。

ところで、全部で何千万種とも言われる生物を見分けるには、よほどたくさんの塩基が並んだDNAを調べる必要があるのではないかという気がしますが、必ずしもそうでもありません。塩基には4つのタイプがあることはすでにご説明しました。これが2つ並んでいたら、あり得る組み合わせは $4 \times 4$ で16通り、10個だったら100万通り余り、20個もあれば1兆通り以上の組み合わせがありえます。種のあいだでの塩基の置き換えりの頻度が高ければ、意外と短いDNAでもたくさんの種類を区別できそうということが分かります。塩基は突然変異で置き換わっていくのですが、生き物が生きていくうえで影響がないような部分の変化はそのまま子孫に伝わりやすく、高頻度で変異が見られます。DNAのなかでも、親子鑑定など関係が近いものを見分けるには高頻度で変異がある部分、生き物の種類の識別など、ある程度関係が遠いものを見分けるにはそこそこの変異があるところ、といったように目的に応じて適当な頻度で塩基の置き換えりがあるところを選んで調べ

ます。

この種類を識別するにはDNAのこの部分に注目すればよいという手がかりがたくさん集まってくると、多くの生物のDNAをまとめて分析して、そこにはどんな種類がどれだけ含まれているのかを知ることができます。空を飛んでいる鳥のDNAをまとめて調べるのは無理ですが、水の中や土の中などで暮らしている小さな生き物の場合は、そのようなことが可能になります。重点研究プログラムの紹介「藻類の多様性研究と種判別法の開発 -ピコ植物プランクトンを例に-」では、海の水を取ってきて、一ミリの数百から数千分の1の小さな藻類（ピコプランクトン）の種類の組成を調べる研究が紹介されています。

なお、技術の進歩でDNAの情報の読み取りが格段に高速になったとはいえ、それにはそれなりにコストがかかります。必ずしも詳細な塩基の並び方が分からなくても、もっと手軽な方法で種類を識別できる場合があります。そのような手法の研究例を報告しているのが本号の「DNA情報による種分類 -配列を調べないで配列の違いを知る-」です。

ところで、このような技術が進んだ現在、もはや生き物の名前を覚える意味がなくなったのかというと、そうではありません。満開の花や耳を楽しませ

てくれる鳥のさえずりが、花びらや羽毛のDNAを調べないと桜や鶯だと分からないのではつまらないのはもちろんですが、研究を進めるうえでも、形から生き物の種類をはっきりさせることは必要です。基礎知識にも解説があるように、ある種類の生き物の特徴となるDNA配列を知るには、まずその種類の生き物を区別できないと、配列を調べる材料を手に入れることもできません。また、野外で鳥や植物の調査をするのに、全部の個体の試料を集めてDNAを調べるのは現実的ではありません。研究のうえでも、見た目や声から種類を識別する必要性は変わりません。遺伝子を見る技術と相補いあって、自然を深く観ることができます。そんなことを頭におきながら本特集をご覧ください。

(たけなか あきお、生物・生態系環境研究センター  
上級主席研究員)

執筆者プロフィール：

私自身は理屈をこねるフィールド生態学者をめざしていて、実験室で作業することはありませんが、端で見ているDNA解析の技術の進歩はすごいものがあります。年齢を重ねると、昔と今のちがいを自分自身の経験にもとづいてリアルに感じることができます。家庭に白黒テレビが普及しはじめ、新幹線が開通し、巨人・大鵬・卵焼きという言葉があったころ、遺伝子の正体はDNAだという知識が一般にも広まりつつありました。





●特集 DNAを通して自然を観る●

【シリーズ重点研究プログラムの紹介：「生物多様性研究プログラム」から】

## 藻類の多様性研究と種判別法の開発 —ピコ植物プランクトンを例に—

河地正伸

藻類の多くは単細胞性で、形態的な特徴はそれ程多いとはいえません。種の分類・同定には、いろいろな顕微鏡的な形質を組み合わせて行って、専門的な知識と経験が必要です。また、形に頼らずに種の識別が可能なDNAバーコーディング情報（「環境問題基礎知識」参照）は、残念ながら藻類ではほとんど整備されていないのが現状です。

2011年度から始まった生物多様性研究プログラムでは、プロジェクト-1「生物多様性の景観のおよび遺伝的側面とその観測手法に関する研究」において、ピコ植物プランクトン、霞ヶ浦の藻類、そしてサンゴに共生する褐虫藻などを対象として、多様性研究や種判別法の開発を行っています。培養や観察が困難な藻類の実態を種レベルで解明するために環境DNA（様々な微生物由来のDNAが混在する試料）中のゲノム情報の収集とその解析結果に基づく多様性研究を進めるとともに、培養できる種については、DNA配列から種同定が行えるように種の情報とDNA情報の収集・整備を進めています。更にこうして集積した情報に基づいて、より簡便な種判別法や定量的なモニタリングを行うための手法開発にも取り組んでいます。ここでは、ピコ植物プランクトンを中心に、これまでの研究成果について紹介したいと思います。

ピコ植物プランクトンは、細胞サイズが2 μm以下（1 μmは1/1000mm）の微小サイズの植物プランクトンで、水環境に広く生息しています。特に外洋環境などの貧栄養環境では、優占的に存在して、窒素循環や炭素循環に大きく寄与することが知られています。一方で、大量増殖して生態系の高次消費者を含む他の構成生物に大きく影響を及ぼしたり、オゾン層破壊に関与するハロゲンガスを産生したりすることで問題視されることがあります。既存の種類として、約30種程が知られているだけですが、最近の環境DNAの解析からは、ピコ

植物プランクトンには、既存の種より遙かに多様で、新規な分類群が多数存在することが示唆されています。ここでピコ植物プランクトンに関わる研究の課題について少し整理してみたいと思います。

まず挙げられるのは、細胞サイズの微小さと形態の単純さです。多くのピコ植物プランクトンは、球形、楕円形などの単純な形態をしていて（図1）、種の同定には、電子顕微鏡による微細構造の観察やDNA情報の解析が必要です。こうした詳細な観察、解析には培養株が必須なのですが、バクテリアサイズの細胞を培養のために顕微鏡下で分離するのは困難を伴う作業です。複数の種が混ざっている場合、それらを区別して分離・培養するのはほとんど不可能です。環境適応力が高く、増殖の早い種だけが培養株として確立されてくることになります。その結果として、ごく限られたピコ植物プランクトンだけがこれまで研究対象とされてきました。

次に挙げられるのは培養の困難さです。貧栄養な外洋環境や有光層最下層などの低照度条件によく適応した種では、実験室で再現した培養条件下ではなかなか増殖できないのが現状です。他にも課題はありますが、これら2点がピコ植物プランクトンの研究遅延のボトルネックになっています。

2012年7月に仙台湾表層で採取した海水中の細胞を約100倍に濃縮して、細胞分取機能付きのフローサイトメトリという細胞解析装置で解析した像を図2に示します。1秒間に1万もの細胞を解析することが可能です。縦軸はクロロフィルの蛍光値、横軸

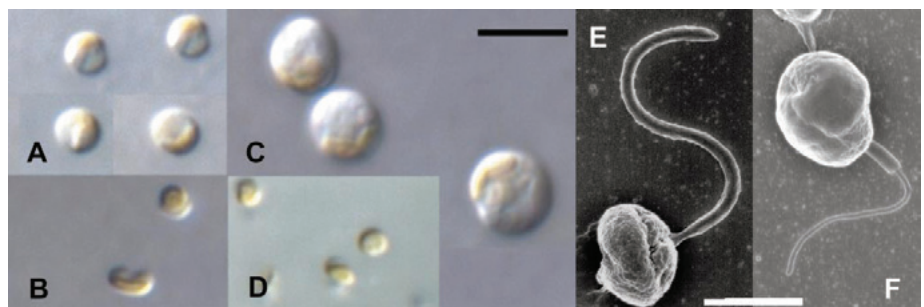


図1 いろいろなピコ植物プランクトンの光学顕微鏡（A-D）および走査型電子顕微鏡（E, F）写真。スケールバー=2 μm

は細胞サイズと相関する側方散乱光の値、グラフ内の1つ1つの点は、フローサイトメトリで検出された1個1個の細胞になります。中央に記した縦線より左側には2  $\mu$ m以下の細胞が多く含まれています。バクテリアや従属栄養性の原生動物のようなクロロフィル蛍光のない細胞は横軸に沿って分布しています(図2の領域B)。領域Aには細胞サイズが2  $\mu$ m以下で、クロロフィルの蛍光をもつ細胞が多く含まれることとなります。海水中の全細胞を対象として、遺伝子解析を行うと、領域Bに含まれるような非光合成(寄生性、従属栄養性)の生物が40-80%を占めることがあります。一方、クロロフィル蛍光をもつ細胞を同装置で分取すると、大部分が光合成生物となります。効率よくピコ植物プランクトンを解析するのに、フローサイトメトリは有効な手段と言えます。

このフローサイトメトリを用いてピコ植物プランクトンを含む領域から細胞を分取して、膨大なDNA情報を一度に取得可能な次世代シーケンサーを用いて、種判別に有効な特定遺伝子領域のDNA情報を取得しています。こうしたDNA情報を基に、種同定や類似配列の出現頻度の解析を行うことで、どのような生物が優占的に存在していたのかを推定できるようになります。結果の詳細は省略しますが、仙台湾の7月の試料の場合、優占種と思われる配列のうち、

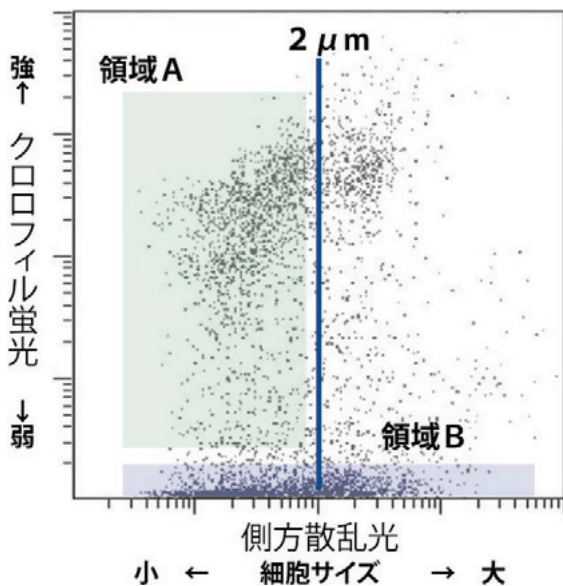


図2 フローサイトメトリ像  
縦軸はクロロフィル蛍光の強さを示し、植物プランクトンの指標となる。横軸の側方散乱光は細胞サイズと相関があり、大きくなるほど細胞サイズは大きくなる。2  $\mu$ m以下のピコ植物プランクトンは領域Aに多く含まれ、光合成を行わない微生物や非生物粒子は領域Bに含まれる。

属レベル以下で同定できたのは僅か15%程度で、残りはWeb上で公開されている塩基配列データベースに“難培養性真核生物”や“未知真核生物”として登録されているいろいろな配列に辛うじてヒットするような配列でした。一部、培養株で登録された配列と同じ配列も見つかっていますが、大部分は多様な系統群で構成される新規な配列になります。フローサイトメトリで分取した細胞は培養に利用することも可能です。分取する領域を細かく設定するなどして、優占種の培養に取り組むことで、新種を含む様々なピコプランクトンの培養株が得られるだろうと期待しています。ピコ植物プランクトンの実態を明らかにするための重要なステップです。

国立環境研究所の微生物系統保存施設では15種あまりのピコ植物プランクトン保存株が維持されています。こうした保存株や今回のプログラムで新たに確立した培養株について詳しく遺伝子解析することで、種判別に有効なDNA情報の収集やT-RFLP法(末端標識制限酵素断片多型分析法)を用いた簡便な種判別法の開発にも取り組んでいます。また培養株を用いた実験から、細胞構造が比較的単純なピコ植物プランクトンは、生きたまま容易に凍結保存できることが分かってきました。ピコ植物プランクトンを多く含む環境試料を液体窒素の中で凍結保存しておくことで、繰り返し、再現性の高い実験が可能となります。フィールドで採取した試料を一旦凍結保存しておいて、そこからフローサイトメトリで特定の細胞集団を分取してまずDNA解析を行います。もしも新規で面白いピコ植物プランクトンが見つければ、より詳細な解析や培養を行うために、凍結保存しておいた試料を解凍して、繰り返し細胞を分取、解析に用いることも可能です。こうした戦略で、現在研究を進めています。

(かわち まさのぶ、生物・生態系環境研究センター  
生物資源保存研究推進室長)

執筆者プロフィール:

DNAというものさしを使って調べた微生物の多様さは、陸上植物や後生動物を遙かに凌駕するものです。次世代シーケンサーが普通に使われ始めた昨今、微生物多様性の研究分野で、nature級の発見が相次いでいます。一方、実在の生物を、DNA情報だけで解析することの限界も見え始めていて、培養技術や保存株の重要性を再認識しているところでは。





●特集 DNAを通して自然を観る●

【シリーズ先導研究プログラムの紹介：「流域圏生態系研究プログラム」から】

## DNA情報による種分類—配列を調べないで配列の違いを知る—

玉置 雅紀

### 生き物の分類はDNA情報に置き換えられつつある

生物の研究では扱っている生き物の名前を正確に認識することが研究の出発点になります。しかし、実際の研究現場では生物種を認識するのが容易ではない場合も少なくありません。例えば卵や幼虫など、生き物の生活史のなかでも形が単純で見分けがむずかしい場合や、浜辺に打ち上げられた海藻の様に元の形を留めていない場合などがそれに当たります。このような場合には遺伝子を指標とした種判別を行うことがあります。詳しい内容は本号の環境問題基礎知識「DNAバーコーディング」に譲りますが、生物の持つDNA配列の一部分における塩基配列の違いを指標とした種分類手法がそれにあたります。この手法は今後生物種の分類方法の主流になっていくと考えられており、例えば被子植物では1990年代に葉や花の形を基に類縁関係を系統的に分類する手法から、DNA配列を基にした新しい分類体系であるAPG植物分類体系が導入されています。これにより新しい教科書や図鑑などではこの分類体系を採用するようになってきています。

### DNA情報による分類は誰もが使える状況になっていない

生物の分類に使われる塩基配列情報、DNAバーコードはBOLDというデータベース (<http://www.barcodinglife.com/>) に集められています。ここには動物で126,054種、植物で41,921種、カビなどその他の生物2,431種についてのDNAバーコード情報が載せられており(2013年1月8日現在)、今後もこの情報は日ごとに増えていきます。このような膨大なデータがある一方で、この蓄積された情報を実際の現場における生物の判別に活用することは残念ながら広くは行われていないようです。というのはこの方法による種判別のハードルがまだまだ高いからです。DNAバーコーディングでは知りたい生物の遺伝子の配列情報を知る必要がありますが、その情報を得る

には、(1)対象生物からDNAを抽出する、(2)抽出したDNAからバーコードDNA断片をPCR法というごく少量のDNAから特定部位を大量に増やす技術で増幅する、(3)増幅したDNA断片の塩基配列を決定する、という工程が必要になります。このうち(1)については生物種によってはDNAを取るのが難しいこと、(3)については分析に必要な機器が高価であることが高いハードルの原因として挙げることができます。また、これらの工程を終えるまでに数日間が必要となることもこの手法の普及のための阻害要因となっています。したがって、本手法をより普遍的なものとするためには、手法の簡便化と解析コストの低減化が必要になります。

本稿では生物多様性プログラムにおいて行っている、環境指標生物であるユスリカのDNAバーコード情報を利用した簡便種判別手法及び、流域圏生態系研究プログラムにおいて行っている、グリーンタイド形成するアオサ種の簡便な種同定手法について解説します。なお、ユスリカについては国環研ニュースVol.10 No.1、グリーンタイドについては国環研ニュースVol.29 No.6で詳しく紹介しています。

### 簡単にDNAは取れるのか？

ある生物種をDNAバーコーディングによって知るための第一歩として、対象種からDNAを取る必要があります。生き物を乳鉢などでゴリゴリとすり潰すとそれだけでDNAは取れます。ですが、この抽出液中には同時にタンパク質や脂質など多くの混じりものが入ってきます。このままでは次の過程であるPCR法によるDNA増幅は、酵素反応が阻害されるために全く進みません。したがって、DNAを取る操作は他の混じりものとDNAとを分離する操作が中心になります。近年では市販のキット類が充実してきてこの操作は簡便になってきましたが、試料を破碎する過程を省くことができませんでした。一方で、この2-3年の間にPCR法に使われる酵素の性能が飛躍的

に良かったため、抽出液に混じりものがあったてもPCR反応が阻害されにくくなってきました。そこで私はこの酵素を使った簡便なDNA増幅について検証を行いました。DNAは溶解液中に生物試料断片を投入し、10分間熱を加えるだけで抽出します。この方法で、海藻（アオサ）・植物の葉・米粒・鳥の糞・水中浮遊物質などからPCR法によるDNAの増幅を行うことができました。昆虫（ユスリカ）や動物からも同様な方法でDNA増幅できることが知られています。これによりDNAの抽出は熱処理できる機器さえあれば現場でも簡便に行うことができるようになりました。

### どのように塩基配列の違いを表現するのか？

DNAの情報はA、T、G、Cの塩基の並びとして保存されています。それでは生物種ごとに異なるこの情報を塩基配列解読すること無しに区別することができるのでしょうか？私が取った方法は2つあります。1つはPCR法により増幅したDNA断片を制限酵素という決まった塩基の並びを認識して切断する酵素で処理する方法です。この酵素処理により得られた試料をアガロースゲル電気泳動により大きさに応じて分離・染色することで、ゲル上に現れる切断DNA断片の長さや本数の違いを視覚化することにより間接的に配列の違いを認識します。この方法はPCR-RFLP (Restriction Fragment Length Polymorphism、

制限酵素断片長多型) 法と呼ばれています。図1に干潟でグリーンタイドを形成する主要な3種のアオサ、アナアオサ・ミナミアオサ・リボンアオサについてのPCR-RFLPによる分析例を示しました。これらのアオサ種のITS2というDNA領域をPCR法により増幅すると約250塩基のDNA断片が増幅しますが、3種のアオサから増幅したITS2のDNA断片は長さだけでは区別が付きません。ところが増幅したDNA断片の塩基配列を詳しく調べると、*SalI* (GTTCGACを認識して切断) および*SmaI* (CCCGGGを認識して切断) という制限酵素による認識配列を持つか持たないかで区別することができます。この解析例ではアナアオサのPCR産物中にはこれらの認識配列はありませんが、ミナミアオサでは*SalI*の認識配列があり、リボンアオサでは*SalI*と*SmaI*の両方の認識配列があります。そうすると、同じPCR産物を*SalI*または*SmaI*で処理した場合に、アナアオサではどちらの場合でも切断されないで1本のバンドしか見られないのに対し、ミナミアオサでは*SalI*処理により切断され2本バンドに、リボンアオサではどちらの酵素で処理しても切断され2本バンドになります。したがって、干潟で取ってきた未同定のアオサから上記のようにDNAを抽出し、PCR反応を行い、制限酵素処理後長さにより分離することで少なくとも3種のアオサのうちどの種類であるのかを特定することができます。この方法を使えば塩基配列を読み取る従来の方法と比べて、時間は半分以下に、ランニングコストは1/5になります。そのため解析できるサンプル数が飛躍的に増加し、例えば東京湾におけるグリーンタイド構成アオサ種の季節変動などを高い精度で調べることができるようになりました。ですが、この手法の問題点としては対象とするDNA断片の中を認識する制限酵素がうまく見つからないと適用できない事が挙げられます。言い換えると運に左右される部分があることが欠点です。

もう1つのPCR産物の解離温度を利用する方法はHRM法 (High Resolution Melting、高感度融解温度曲線解析) と呼ばれています。この方法ではPCR反応を行う過程で合成されていく2本鎖DNAの間に特異的に入り込むと蛍光を発する物質を入れておきます。この状態でPCR反応を行うとDNAの増幅と共に蛍光物質が取り込まれ、PCR反応後には最大の蛍光

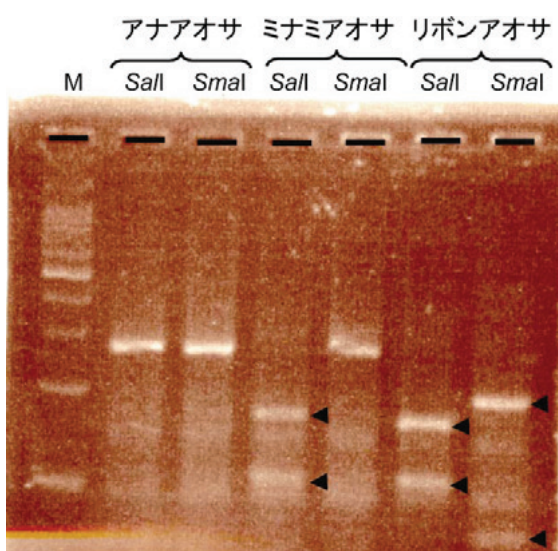


図1 3種のアオサのPCR-RFLP解析  
矢印は制限酵素により切断されたDNA断片を表す。  
M：サイズマーカー

強度を示すようになります。本手法ではここが出発点となります。蛍光強度が最大となった2本鎖DNAに今度は徐々に温度を上げていくとやがてある温度で2本鎖が解離していき蛍光物質が放出されるため、急激に蛍光強度の減少が観察されます。ここが2本鎖DNAの解離温度となります。この解離温度はDNAの配列によって異なりますので、同じ長さのDNA断片であっても解離する温度が異なれば元となるPCR産物の配列は違っていたということになります。具体的に霞ヶ浦に生息するユスリカのCOI遺伝子領域を用いてHRM解析による分類を行ったデータを図2に示します。この方法により得られるデータは温度上昇による2本鎖DNAの解離が極大となる温度をピークとしたグラフとして表されています。ピークの場合が異なれば解離温度が異なっており、ひいては元の塩基配列が異なっていたこととなります。本手法は非常に鋭敏であり、元となるPCR産物の塩基配列のうち1つの塩基が異なる場合でもその違いを検出することが可能です。この方法を使えば塩基配列を読み取る従来の方法と比べて、時間は1/10以下に、ランニングコストは1/10になります。また、PCR-RLFP法と比較して塩基配列の並びの運に左右されないのが長所ですが、欠点としては普通のPCR装置よりも数倍程度高価な定量PCR装置が必要なことです。

以上のように私は生物の種判別をDNA情報に置き換えて簡便に行う手法の開発を行っており、研究レベルでは労力やランニングコストの低減化に成功しました。今回紹介した2つの手法はどちらもPCR法を基本としています。というのは、塩基配列の決定

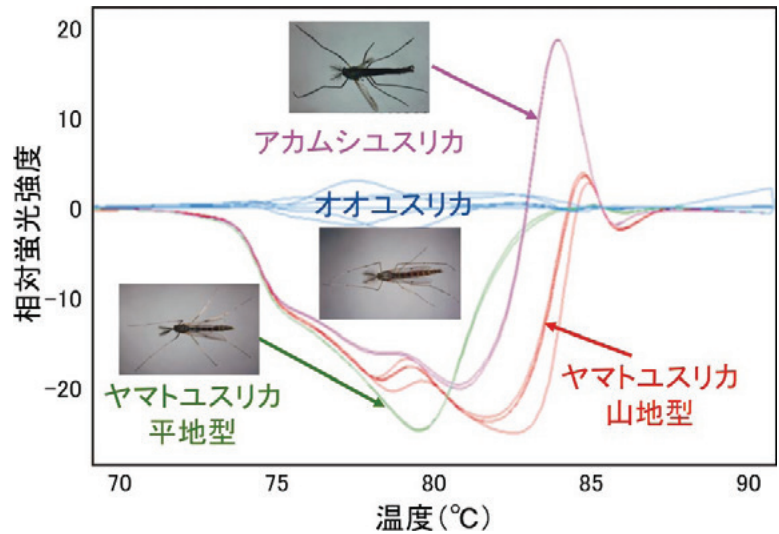


図2 霞ヶ浦産ユスリカのHRM法による分類  
形態的に似ていてもDNA配列が違えばこの方法で分離できる。

に使用するDNAシーケンサーの導入には数千万円必要ですが、PCR装置であれば百万円程度で導入可能だからです。しかしながら、PCR装置も比較的高価な機器であり、また両手法ともにDNA抽出と違って試料の採取現場で速やかに解析ができないという欠点もあります。今後は現場ですぐに生物種の同定を行えるように、PCR装置を必要としないDNA増幅手法を開発していく必要があるようです。

(たまおき まさのり、生物・生態系環境研究センター  
生態遺伝情報解析研究室 主任研究員)

執筆者プロフィール：

学生時代から一貫して実験室での研究を続けてきたが、3年ほど前から同僚にくっついて現地調査にも行くようになった。現場で出てくるデータはばらつきが大きくて扱いが難しいが、身体を動かすのは楽しくてご飯が美味しいです。





## 【環境問題基礎知識】

## DNAバーコーディング

高村 健二

あなたが近所のスーパーマーケットへ夕食の材料を買いにいったとします。売り場に高級な魚の切り身がお手頃価格で並べられています。あなたはすぐに飛びついて、買い物カゴに入れてしまうかもしれません。だが、ちょっと待って下さい。少し怪しいとは思いませんか。安すぎます。でも、見たところおかしくはないし、結局はレジをすませて、こんな味なのかなと思いつつ食べてしまいます。最近は食品の表示が丁寧になって、このような心配は少ないでしょう。しかし、表示が正しいか検査する場合に役立つのがDNAバーコーディングです。

日々の暮らしの中で私たちは沢山の生き物と出会います。身近なペットや植木・草花・野鳥だけでなく、料理の材料を生む家畜・魚・野菜・果物、さらには形を変えられています。材木・紙・葉などもあります。旅で野山や海岸を訪れると、もっと多くの生物に会うし、そもそも目に見えにくい微生物もいます。これらの生物は、姿形が違えば別の生物、別の種として認められがちですが、科学的にはタイリクオオカミと同じ種とされる犬を見れば、姿形が全てではないことがわかります。

私たちがよく知る生物であれば姿形をうまく見分けて区別することができますが、私たちがよく知らない生物の方が多いことも事実です。とりあえず姿形で区別するとしても、それではよくわからない場合にどうすれば種を区別できるのでしょうか。

ここで役に立つのがDNAです。DNAは遺伝子を構成する有機分子ですが、主成分として4種類の塩基が含まれます。略称でA、G、C、Tと表記されます。この塩基がDNAの中で一列に並ぶ、その配列順が遺伝情報、つまりDNAの働き方を決めます。例えばどのようなタンパク質が生成されるかを決めます。

DNA塩基配列の中には、生物種によって配列のちがう部分があります。この配列を利用することで種を区別できます。このような配列のちがいの元にな

るのは中立的な突然変異、すなわち生物が生きていけるかどうかほとんど無関係な塩基の入れ替りです。一方で、生きていく上で重要な塩基の入れ替りはあまり生じないため、種の区別には使えません。中立突然変異は時間的に一定の速度で発生します。

ここで、生物の進化の話に少し立ち入ります。ある生物の群れが二つに分かれたとします。それまでは一つの群れの中で子孫を作っていたのに、別々に子孫を作ります。すると、DNAの交流がなくなり、それぞれ別々の中立突然変異が蓄積します。長い時間が経つと、配列に明らかな差が生じます。やがては別の種に分かれる訳ですが、その差で種を区別します。この手法をDNAバーコーディングと呼び、種を区別する塩基配列をDNAバーコードと呼びます。今はほんの10年前と比べても、DNA塩基配列を手軽に安く読めます。例えば、解析サービスに頼むと1配列1000円であったものが半額以下です。そのためDNAバーコーディングが国際的に普及し始めています。

環境を守るためにも、また農林水産物などの生物資源から製品を作り流通するためにも、私たちはど

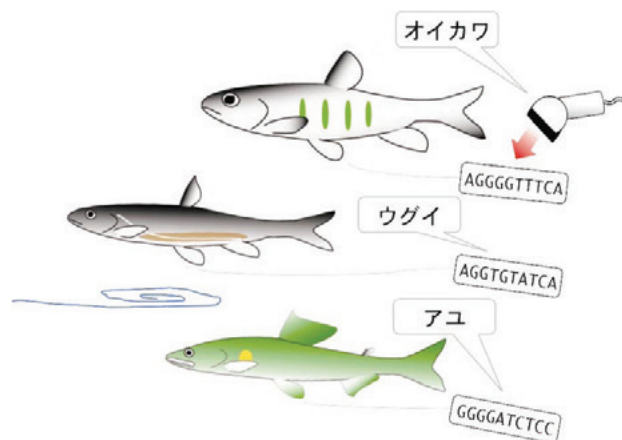


図 生物は姿形がちがいが、名前がちがいが、DNAがちがいが、他にもちがう面があります。それが生物多様性です。DNAバーコーディングは生物多様性のほんの一面を紐解くにすぎませんが、有用な手法です。標準的な動物のDNAバーコードは648塩基の長さですが、この図ではごく一部を示します。

のような生物を相手にしているかを正確に知る必要があります。姿形でわかればよいのですが、そうでない場合もあります。例えば、貴重な生物を保護するとします。そのためには密猟だけでなく、その生物が名前を偽って取り引きされるのも防ぐ必要があります。生きたままなら分り易いのですが、体の一部だけでは見分けるのが困難です。しかし、DNAバーコーディングなら大丈夫です。逆に、初めの例え話のように、高価な食材に見せかける場合も見分けることができます。

スーパーのレジでバーコードリーダーが使われています。これを使うと自分で会計を済ませることもできます。生物を見分けるために、バーコードリーダーのような器具・技術があれば、生物多様性を調べて、守り、かつ利用する活動が今よりはかどるのではないかという期待がDNAバーコーディングを後押ししています。私が子どもの頃好きだった海外宇宙ドラマに、太陽系外惑星で出会う生命体を判別する探知器が登場しました。DNAバーコーディングでもそのような機器が実現するか、今のところ空想に過ぎませんが、例えば草花の葉を一枚ちぎって、その機器に掛けるとたちどころに名前がわかるようになるかもしれません。私のような生き物好きには味気ない気もしますが。

話が脱線しましたが、実際にDNAバーコーディングを広く実用化するためには、解決しなければならない問題があります。例えば、DNAバーコーディングのための標準的遺伝子が決められていますが、それでは種固有のDNAバーコードが見つからない場合があります。また、報告されたDNAバーコードの中には、少ないながら、種名が誤っている場合もあります。他にも問題はありますが、ここでは私たちが直面している問題を紹介します。DNAバーコーディ

ングのためには、区別しようとする種のDNAバーコードを知っていなければなりません。ところが、DNAバーコードが十分な数の種について知られていないのです。

DNAバーコードと生物種を対応させた字引があれば、DNAバーコードから種の区別はすぐにできます。ところが、その字引はDNA塩基配列を手に入れるだけではできません。これまでに200万種近くの生物が記録されていますが、それを区別するためには、おもに姿形の違いが物差しとされてきました。ということは、DNAバーコードと種名の字引をつくるには、まず姿形で生物の種名を調べた上で、その生物のDNAから読んだ塩基配列を種名と結びつけてDNAバーコードを決める必要があります。

先に、姿形で区別しにくい場合はDNAが役に立つと書きましたが、皮肉なことに、まず姿形できちんと区別しないと正しいDNAバーコードは手に入りません。どのような生物に対しても種の姿形の区別に長けた専門家がいて、区別するための情報が整っています。そのような人材と情報に頼ることで初めてDNAバーコーディングができるようになります。DNAバーコードを集める国際的なデータベースがあり、多くの専門家がこの事業に取り組んでいます。DNAバーコードリーダーにメモリーする情報を集めるためにはまだまだ多くの努力が必要です。

(たかむら けんじ、生物・生態系環境研究センター  
生物多様性保全計画研究室長)

執筆者プロフィール：

野外で生き物を眺めるのが好きですが、研究するにあたっては多くの観察・測定・分析、さらには実験まで必要なため、それだけでは済まないのがつらいところです。



【研究ノート】

# 分野横断型研究の土台作りーシナリオ研究最前線ー

藤 森 真一郎

## 1. シナリオ研究

気候変動に関する研究から得られた知見を集めて公表しているIPCC（Intergovernmental Panel on Climate Change; 気候変動に関する政府間パネル）が2007年に第四次評価報告書（以下AR4と呼びます）を発行しました。同年には米国副大統領だったアルゴア氏とIPCCがノーベル平和賞を受賞し、世間的にも気候変動を含めた環境問題は大きな関心を集めました。AR4の中には50年、100年先の将来に、気候変化によってどのようなことが起こるのか、その影響はどの程度なのか、それを避ける方策はあるのかという研究成果が掲載されています。そういった研究の多くは2050年、2100年といった遠い将来の事象を扱うにあたって、コンピュータモデルを用いたシナリオアプローチという方法を採用しています。シナリオアプローチとは、人口、GDPなどの主要な指標について将来のあり得る可能性を有限の代表的な世界として仮定し、それぞれの状況でエネルギー消費量、温室効果ガス（GHG）排出量、気温がどのようになるか検討する、というものです。将来の人間活動には大きな不確実性があり、例えば、将来のGDPを正確に予測するのは不可能です。そこで、仮に2つのシナリオを作成するとし、1つは高経済発展で、もう1つは低経済発展と考え、その時にどのようなことが起こるのかを考えるといった具合です。AR4に話を戻しますが、そのシナリオアプローチを用いていた研究者たちの間でも当時まだ改善すべきいくつかの課題があるという認識が共有されていました。その課題とは何だったのでしょうか？

この課題を考える前に、AR4までに取られていたシナリオアプローチがどのようなものだったのかを振り返ります。AR4の研究は、基本的に2000年に公表されたSRES（Special Report on Emissions Scenarios）というシナリオを土台としています。このSRESは将来のあり得る世界をグローバルゼーション指向か、環境重視かという2つの軸で考え、4つ（=2×2）のシナリオを想定しました。このような代表的なシ

ナリオをみんなで共有して研究を実施することには、将来の想定が限定されてしまうというデメリットもありますが、分野を跨いだ研究同士の協力ができる、などの大きなメリットがあり、現在の研究で採用されています。さてそれではSRESベースの研究の課題を挙げていきましょう。

SRESは基本的に温室効果ガスの削減策（これを「緩和策」と呼びます）を考えない、いわゆる成行きケースしか考えていませんでした。従って、近年G8（主要国首脳会議）などで言及された世界のGHG排出量を2050年に半減するといった強い緩和策実施時の気候変化や、それによる影響を検討することができませんでした。これが1つ目の課題となります。2つ目は、気候変化による影響を評価する影響評価グループにとっては研究に必要な情報が得られるのに時間がかかるという問題でした。図1 a)は当時の研究のプロセスの流れを示したものです。はじめの「社会経済シナリオ」「排出シナリオ」という2つのボックスがSRESに相当しますが、緩和策を取らない成行きケースだけでもこの作成に数年を要しました。その後、SRESを用いて気候モデルグループによって将来の気温上昇などの結果が出ました。これにも数年を要しました。最後の影響評価グループはこうした情報をもとに、初めて分析が可能となりますが、それにも数年要します。そうやって研究している間にも、もしかしたらGHG削減をすぐに始めた



図1 シナリオアプローチ



ほうがいいのかもしれませんが、となるかもしれませんね。3つ目の課題は**SRES**というシナリオの名前が示す通り、このシナリオは**GHG**の排出量がどのようになるのかということ念頭に、基本的には**GHG**の削減策の検討を行っている統合評価モデルの人たちを中心に作成されたものでした。しかし、それでは気候変化が起こった時にどのように対応していき（これを適応策と呼びます）、それはどのくらい大変なことなのか、ということを検討することができませんでした。

これらの問題は**SRES**というシナリオの作成段階で気候影響グループなどのユーザーのことを考えていなかったことが大きな原因と考えられました。そこで登場したのがパラレルアプローチと呼ばれる方法です。その方法を模式的に表したのが図1 b)になります。プロセスを同時進行できるところは並行的に進めるというのが大まかな方針です。すなわち、気候モデルグループは社会経済の想定には関心がなく、将来の**GHG**の排出量さえわかれば、将来の気候が計算できるので、まずそれを作ります。ここでは4つの代表的な排出経路が、選ばれましたがこの時に強く緩和策を実施したシナリオも含むことが決まりました。これが代表的濃度パス（**RCP**; **Representative Concentration Pathways**）と呼ばれています。一方、気候モデルが計算を実施している間に**SRES**で考えたような、**GHG**排出を決める重要な社会経済的側面を記述する社会経済シナリオを作成します。これが**SSP**（**Shared Socioeconomic Pathways**）と呼ばれるものです。こうして、同時進行プロセスにより研究実施時間が短くなりました。さらにこの時の社会経済シナリオには適応策の可能性もきちんと考えるものとしましよう決めました。そして、これらを合わせて、最後に影響評価グループが研究を実施します。この一連のプロセスで上述の3つの課題すべてが解決されていることがおわかりになると思います。ただし、すべてがうまくいったわけではなく、**RCP**だけでも作成に長い時間（約3年）がかかりましたし、**RCP**のシナリオの概念が正しく他の研究分野の研究者に伝わらず、誤解を招くこともあり、課題も残りました。

2. AIM (Asia-Pacific Integrated Model) の取り組み  
 私たちの研究グループはAIM (Asia-Pacific Integrated Model) という統合評価モデルを用いて、

今回のシナリオ作成過程に以下の3つの点から貢献しました。それは①**RCP**の定量的な情報提供、②**SSP**の作成と定量的情報の提供、③**RCP**と**SSP**を用いた気候変化影響研究の実施です。このうち①の**RCP**への貢献は既に終わり、オープンアクセスの論文として収録されています。②は現在取組中です。**SSP**で示されている将来像の作成にはさらに複数のステップを要します。ざっと挙げるだけでも、適応策を考えるにはどのようにするのか、どのような思想で将来を切り取るのか、成行きケースと緩和策実施をしたケースはどのように区別するのか、気候変化の影響によって緩和策のオプションが変わり得るのか（例えば、農業がダメージを受ければ、エネルギー作物を生産できるのか?）、などがあります。こういったことを分野横断的に何度も議論を重ねて、**SSP**の全体の構成、将来の世界観を記述する叙述的なストーリーラインを作成し、それを基に統合評価モデルを用いた定量的な分析を行います。その結果図2のように**SSP**は適応策、緩和策の困難度という2つの軸から世界を5つに分けて考えてシナリオを作ることになりました。現在定量的な計算を行っているところです。一方、この**SSP**の作成が少しずつ進んできた昨年の段階で、筆者らは、**SSP**を使った研究例の提示と日本の気候変化影響研究者にいち早く**SSP**を理解してもらうことを目的として、試算を行い、その結果について公表を行ってきました (<http://www-iam.nies.go.jp/aim/sspdist/>)。

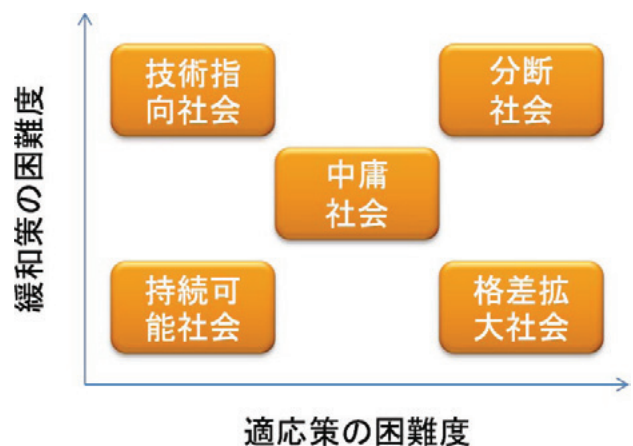


図2 SSPのフレームワーク

また、③も筆者らのグループで同時に進行し、国際コミュニティの中でもいち早く最先端の研究手法を発表しようと取り組んでいます。これまでのところ農業分野についてパイロット的研究を行いました。これまでエネルギー分野に焦点を当ててきた経

済モデルの拡張を行い、農業の解析ができるようになりました。2050年といった将来に気候変化が起こった時に気温の上昇や降水の変化により土地生産性が変化すると言われています。そういった気候変化の影響によって食料の供給量や需要量が市場価格を通じてどのような影響を受けるのかを定量的に評価しました。その結果、気候変化の影響は将来の栄養不足人口を増加させる方向へ働く可能性があるが、社会経済シナリオの影響（人口やGDPの想定）の方が気候変化による影響よりも大きいというものでした。また、将来の気候変化には不確実性があるため、その不確実性の幅についての評価を行いました。その結果、やはり社会経済シナリオの違いによる影響は気候変化の影響の幅よりも大きいというものでした。また、農業と関連の深い土地利用についてもあわせて経済モデルで扱えるようにしました。これにより、土地という資源を介したバイオエネルギーを得るための作物と食料作物の競合が扱えるようになりました。バイオエネルギーと食料の競合はどのよ

うなことを起こしうるのかということについて現在解析を行っているところです。

世界を対象とした気候変動に関わるモデル研究は、今回開発されているシナリオというツールを使って、分野を跨いで様々な協力ができる可能性があり、実際にそのような取り組みが進行中です。筆者らの研究グループはこの研究の潮流に乗ってだけでなく、新しい流れを作れるように今後も良質の研究を実施していきたいと考えています。

（ふじもり しんいちろう、社会環境システム研究センター 統合評価モデリング研究室）

執筆者プロフィール：

サッカーを始めて約4年。素人であるがゆえに容易に進歩を実感でき、充実した日々を過ごしています。素人に対して広い門戸で、和気あいあいとしたサッカー、良い雰囲気を大事にする環境研のサッカー同好会のことがとても好きです。



【行事報告】

気候変動枠組条約第18回締約国会議（COP18）・京都議定書第8回締約国会合（CMP8）

～カタール・ドーハでのNIESの活動～

企画部国際室 梅宮知佐、清水英幸

国立環境研究所（NIES）は、2012年11月26日（月）から2週間、カタール・ドーハで開催された「気候変動枠組条約第18回締約国会議（COP18）・京都議定書第8回締約国会合（CMP8）」に参加しました。

1. 展示ブース

NIESはCOP会場内にブースを開設し、NIESの幅広い研究成果を30点以上納めたコンパクトディスク（CD）を訪れた方に手渡し、その研究概要を説明しました。また、2台のモニターを使って、温室効果ガス観測技術衛星「いぶき」（GOSAT）による最新のモニタリング結果や、全球気候モデルMIROC5を用いた将来の気候シミュレーション結果の動画などを上映しました。最初の2日間で350名ほどの方がブースを訪れたため、CDが足りなくなるのではと心配しました。特に、アジア、アフリカの政府関係者が多く、NIESの研究が自分たちの地域にも有用であると考え、強い関心を示していました。また、欧米の研究者らは研究手法を始め具体的な質問をし、研究レベルでの情報共有を今後も図りたいなど、新たなネットワーク作りのきっかけが生まれました。



NIES 展示ブースにおける活動

2. サイドイベント

NIESはマレーシア工科大学（UTM）と共に、『低炭素アジア実現に向けて：科学と政策を橋渡するモデルの役割』と題するサイドイベントを11月30日（金）に開催しました。NIESを代表して国際室長が歓迎の挨拶を行うとともに、NIESの概要を説明しました。その後、「低炭素アジアに向けた10の方策」及び「マレーシア・イスカンダル開発地域の2025年に向けた低炭素社会ブループリント（実行計画）」を世界に向けて公表しました。後半にはNIESを含む7名のパネリストがこれまでの研究成果を踏まえ、どのようにアジア低炭素社会の構築を前進させるか、また必要な支援とは何か、などを議論しました。日本が引き続き研究を通してアジア地域に貢献していくことへの期待が述べられた他、政策を実現するための資金調達、政策の進捗のモニタリングなど、NIESやUTMの研究者が今まさに取り組もうとしている課題について議論しました。アジアばかりでなくアフリカなど他地域も含め100名以上の方が参加し、熱心な討論が繰り広げられました。本サイドイベントはマレーシアや日本のプレスによって報道され、また会議後半にはマレーシアの環境大臣によるNIES展示ブースへの訪問もあり、両国の連携は更に深まりました。



NIESがUTMと共催したサイドイベント

3. 会合への参加

NIESから外国人共同研究者を含む10名（社会センター6名、計測センター2名、国際室2名）が参加し、ブースやサイドイベントで直接研究成果をアピールしたほか、政策研究の一環として交渉の行方を追いました。また、NIES所属の3名（地球センター2名、社会センター1名）は日本政府代表団に加わり、温室効果ガスインベントリや気候変動の国際枠組みに関連する政策研究の側面から支援しました。熱気溢れる会場で各国の参加者と交流しながら、NIESの研究成果を効果的にアピールすることで、各国機関との国際協力も一層推進可能ではないかと感じました。

COP18/CMP8でのNIESの活動については以下もご参照ください。

- ・ NIESホームページ：<http://www.nies.go.jp/event/kaigi/cop18/index.html>
- ・ 地球環境研究センターニュース：<http://www.cger.nies.go.jp/cgernews/>
- ・ NIES・UTM共催COP18/CMP8サイドイベントウェブサイト：<http://2050.nies.go.jp/cop/cop18/>



## 新刊紹介

### 国立環境研究所研究プロジェクト報告 SR-100-2012「資源作物由来液状廃棄物のコベネフィット型処理システムの開発 (特別研究)」

気候が温暖な東南アジア地域では、資源作物やその副生物を原料としたバイオエタノールの生産が活発化しています。一方、その製造工程から排出される多量の蒸留廃液は、安定化池による処理が施されており、温室効果ガス(メタン)の大気放散と水環境汚染の要因となっています。本研究では、廃液の適切な処理技術開発による温室効果ガスの発生抑制、水質保全、資源循環を目指して、高濃度蒸留廃液の適切メタン発酵処理技術の開発、処理水の循環利用に関する研究をタイの研究機関と連携して実施しました。

その結果、高負荷対応型のメタン発酵処理技術の開発により、高有機物濃度(40~120 gCOD/L)かつメタン発酵阻害物質(硫酸塩、カチオン類)を含む蒸留廃液の安定的な処理、優れたエネルギーの回収(収支比9.5~11、電力基準)、大幅な温室効果ガスの排出削減を達成できる可能性が示されました。また処理システムの処理水を畑地に散布した場合、廃液の安定化池での処理と比較し、メタン排出量の大幅削減と、サトウキビ生育への効果が確認されました。本研究の成果を、開発途上国における廃水処理技術の普及と水環境及び地球環境の保全に役立てていきたいと考えています。(地域環境研究センター 珠坪一晃)

### 国立環境研究所研究プロジェクト報告 SR-101-2012「二次生成有機エアロゾルの環境動態と毒性に関する研究 (特別研究)」

直径が数 $\mu\text{m}$ 以下の微小な粒子状物質(PM)は人の健康に影響を及ぼす可能性があるため、大気環境を保全するうえで大変注目すべき物質です。そのため、2009年度にはわが国のPM<sub>2.5</sub>(直径2.5 $\mu\text{m}$ 以下の微小粒子)の環境基準が設定されました。近年、都市の大気環境に大きな影響を及ぼしていたディーゼル車からの粒子は減少する傾向にありますが、その一方で、窒素酸化物(NO<sub>x</sub>)や揮発性有機化合物(VOC)などのガス状物質から光化学反応で生成される二次粒子の影響が高まる傾向にあります。しかし、二次粒子、特にSOAと呼ばれる二次生成有機エアロゾルの大気中での動態は十分解明されてはおりません。この研究では、SOAの細胞への曝露による毒性の研究、化学組成の分析、大気中での動態解明のためのモデル評価や発生源の解明などに関する一連の研究を行いました。本研究報告書がPMの大気環境影響の研究の新たな取り組みの一歩になれば幸いです。

(地域環境研究センター 高見昭憲)

### 国立環境研究所研究プロジェクト報告 SR-102-2012「胚様体を用いた発生分化毒性学に特化したマトリックスの開発 (特別研究)」

安心・安全な社会の構築のために、環境化学物質ならびに環境有害因子に関して健康に対する迅速なリスク管理が求められています。ヒトの健康影響を反映するような培養細胞を利用した評価試験、いわゆる細胞アッセイの技術が必要であると議論されています。特に近年、動物及びヒトのES/iPS細胞である多能性細胞を用いて、種々の組織に分化誘導する研究が、世界中で活発に行われています。それらのうち、胚性幹(ES)細胞を用いた分化細胞を誘導するアッセイは、発生の過程全てを代表するものではありませんが、発生分化に対する健康影響を評価する試験として有力であると考えられています。本研究は、化学物質の発生毒性を評価するための細胞アッセイに最適化したマトリックスを開発することにより、細胞の分化誘導の過程を再現性良く制御した細胞アッセイの確立を目的に行いました。その結果、ES細胞を用いた健康リスク評価研究を行う上で重要な手法の開発や、有機ハロゲン化合物や内分泌攪乱化学物質に関する「初期曝露の晩発影響」における知見を得ることができました。ヒト胚様体を用いた細胞分化アッセイが順調に稼働していくなれば、そこから得られた化学物質の量反応関係データを計算科学や情報工学的手法によって解析することにより、ヒトの曝露や生体影響を予測することが可能になります。このことが、次世代の化学物質の環境リスク管理に道を拓く事につながります。本研究報告書が、環境化学物質の生体影響を評価する上での新たな取り組みの一歩になれば幸いです。(環境リスク研究センター 曾根秀子)

### 環境儀No.47「化学物質の形から毒性を予測するー計算化学によるアプローチ」

化学物質は私たちに多くの恩恵をもたらしますが、健康や環境に影響を及ぼすものもあります。「化学物質審査規制法(化審法)」では、化学物質が環境を通して人や動植物に被害が生じないように規制しています。しかし、そうした規制には物質の毒性のデータが必要ですが、毒性の試験には膨大な時間と経費がかかります。そこで、コンピュータを使って毒性を予測する手法が目ざされました。2003年に化審法に生態影響評価が導入されたことをきっかけに、国立環境研究所では生態毒性を計算機で予測するための研究を開始し、2008年には生態毒性予測システム(KATE)試用版を公開しました。また、その信頼性を高めるため、化学物質の構造を解析する独自の手法を開発しました。現在は精度を向上させたKATE2011を公開しています。環境儀第47号では、化学物質の毒性を予測する手法やKATEシステムの開発について紹介します。(環境儀No.47ワーキンググループリーダー 竹中明夫)

## 平成24年度補正予算案及び 25年度国立環境研究所予算案の概要について

### 企画部企画室

平成24年度政府補正予算案（平成25年1月15日閣議決定）では、国立環境研究所が改正水質汚濁防止法に対応した対策強化を図るための施設費補助として、約14.8億円が計上されるとともに、震災復興のため国立環境研究所と連携して運営される福島県環境創造センター（仮称）の整備を支援する補助金が約113億円計上されています。

また、平成25年度政府予算案（平成25年1月29日閣議決定）では、新たに「放射性物質・災害と環境に関する研究」に係る人件費約2.3億円が研究所への運営費交付金として計上されるとともに、衛星観測経費としてGOSATの後継機であるGOSAT II 関連経費が0.9億円計上されています。

運営費交付金の業務費は、第3期中期計画期間（平成23年度～27年度）中に用いる算定ルールにより、毎年度一定の割合で削減が求められています。上記の増額が認められた一方で、エコチル調査経費について平成24年度のみ必要であった経費相当分等が減額されたことや、国家公務員給与臨時特例法による人件費減もあり、平成25年度の運営費交付金全体としては、平成24年度に比べて3.5%の減額となっています。

平成25年度は、第3期中期計画の中間年に当たり、第3期中期計画に基づき、環境政策への貢献を担う研究機関として、また、国内外の環境研究の中核的研究機関として、さらなる研究展開を図ります。また、災害と環境に関する研究の体制を強化し、総合的・一体的に推進するとともに、福島県環境創造センター（仮称）の設置・運営に向け、福島県と連携して検討・準備を行うなど、東日本大震災からの復旧・復興に引き続き貢献していく予定です。

### 編集後記

陸上の草木には疎いのですが、海の中は1月下旬から2月になると、水は冷たいけれどワカメが伸び出すなど、春が近いことを感じさせてくれます。寒い冬から温かい春が訪れるこの時期、本来は好きな季節なのですが、最近の世情は重苦しいことばかりが目立ち、気分が冴えません。東日本大震災から、もうすぐ丸2年になりますが、被災地の復興は思うようには進んで

いないようです。原発事故も収束したわけではなく廃炉に向けて多くの困難が残されていますが、人々の関心が薄れ、過去の出来事のように思われている気がするの、私だけでしょうか。しっかりと地に足をつけ、前を見つめて進んでいかねばならないと思う、今日この頃です。

(T.H.)

国立環境研究所ニュース Vol.31 No.6（平成25年2月発行）

編集 国立環境研究所 ニュース編集小委員会

発行 独立行政法人 国立環境研究所

〒305-8506 茨城県つくば市小野川16番2

TEL：029-850-2343（環境情報部情報企画室）

E-mail：pub@nies.go.jp

無断転載を禁じます

リサイクル適性の表示：紙へリサイクル可

本冊子は、グリーン購入法に基づく基本方針における「印刷」に係る判断の基準にしたがい、印刷用の紙へのリサイクルに適した材料【Aランク】のみを用いて作製しています。