

国立環境研究所研究プロジェクト報告 第116号
NIES Research Project Report, No.116

SR-116-2016

生物多様性研究プログラム (重点研究プログラム)

Biodiversity Research Program

平成23～27年度
FY2011～2015

NIES



国立研究開発法人 国立環境研究所
NATIONAL INSTITUTE FOR ENVIRONMENTAL STUDIES
<http://www.nies.go.jp/>

国立環境研究所研究プロジェクト報告 第 116 号
NIES Research Project Report, No.116

SR - 116 - 2016

生物多様性研究プログラム (重点研究プログラム)

Biodiversity Research Program

平成23～27年度
FY2011～2015

重点研究プログラム「生物多様性研究プログラム」

(期間：平成 23 ～ 27 年度)

プログラム総括：竹中明夫

執 筆 者：石濱史子、上野隆平、大沼 学、小熊宏之、角谷 拓、河地正伸、五箇公一、
今藤夏子、坂本佳子、高村健二、竹中明夫、玉置雅紀、唐 艶鴻、中島信美、
松崎慎一郎、山口晴代、山野博哉、横溝裕行（五十音順）

編 者：竹中明夫

序

本報告書は、2011～2015年度の5年間にわたって実施した重点研究プログラム「生物多様性研究プログラム」の研究成果を取りまとめたものです。

1992年、ブラジルのリオデジャネイロで、環境と開発に関する国際連合会議、通称リオ・サミットが開かれました。このとき、環境問題に関係する2つの非常に重要な条約が提起されました。ひとつは地球温暖化問題に取り組む気候変動枠組み条約、そしてもうひとつが生物多様性条約です。地球上の多様な生き物とそれらが織りなす生態系が人間の活動により急速に損なわれている現状を踏まえ、生物多様性を守りつつ、人間が末永く利用していく仕組みを作ることが生物多様性条約の目的です。

2010年10月、名古屋で生物多様性条約の第10回締約国会議（COP10）が開かれました。その際に、「生物多様性戦略計画2011-2020及び愛知目標」が採択されました。愛知目標は、2050年までの長期の目標として自然と共生する社会を位置づけるとともに、2020年までの10年間の達成を目指す具体的な20の目標を含みます。この目標の達成のために、社会のさまざまな取組が必要となります。そのなかには、あらたな研究の進展や、研究成果を社会に還元している努力も含まれます。

2011年度にスタートした国立環境研究所の生物多様性研究プログラムも、研究の面から愛知目標の達成に貢献することを目指して進められました。生物多様性と生態系の現状を把握する手法の開発とデータの集積、具体的な脅威への対策手法の開発、多様な生き物を効率よく、かつ満遍なく保全するための保護区デザイン手法の開発といった課題に取り組みました。成果の詳細は本冊子をご覧ください。

2015年度に終了した生物多様性研究プログラムは、2016年度からの第4期中長期計画の自然共生研究プログラムなど、あらたな研究プロジェクトへと展開しつつあります。愛知目標のひとつの区切りとなる2020年に向けてさらに研究を深めるとともに、その成果の普及に努力していきます。一層のご理解とご支援をいただきますようお願いいたします。

平成29年2月

国立研究開発法人 国立環境研究所

理事長 住 明 正

目 次

| | | |
|-----------|---|----|
| 1 | 生物多様性研究プログラムの概要 | 1 |
| 1.1 | 研究プログラム全体の目的、目標、構成等 | 1 |
| 1.2 | 研究の概要 | 1 |
| 1.2.1 | プロジェクト1：生物多様性の景観的および遺伝的側面とその観測手法に関する研究 | 1 |
| 1.2.2 | プロジェクト2：生物多様性の広域評価およびシナリオ分析による将来予測に関する研究 | 2 |
| 1.2.3 | プロジェクト3：人為的環境攪乱要因の生物多様性影響評価と管理手法に関する研究 | 2 |
| 2 | 研究の成果 | 4 |
| 2.1 | 生物多様性の景観的および遺伝的側面とその観測手法に関する研究（プロジェクト1） | 4 |
| 2.1.1 | リモートセンシングによる生物多様性の景観的基盤の解明と手法開発（サブテーマ1） | 4 |
| 2.1.1.1 | 日本全国土地利用図の整備 | 4 |
| 2.1.1.2 | 三次元景観の復元 | 6 |
| 2.1.1.3 | ボート観測による浅海域の生態系のマッピング | 7 |
| 2.1.2 | 遺伝子分析による生物多様性の遺伝的基盤の解明と手法開発（サブテーマ2） | 10 |
| 2.1.2.1 | DNA 情報による種分類手法の簡便化 | 10 |
| 2.1.2.1.1 | ユスリカ | 10 |
| 2.1.2.1.2 | 藻類 | 12 |
| 2.1.2.2 | DNA バーコーディング情報の収集 | 13 |
| 2.1.2.2.1 | ユスリカ | 13 |
| 2.1.2.2.2 | 藻類 | 16 |
| 2.1.2.2.3 | 魚類 | 18 |
| 2.1.2.3 | 環境DNA解析 | 19 |
| 2.1.2.4 | 景観解析と遺伝子解析の統合に関する検討 | 19 |
| 2.2 | 生物多様性の広域評価およびシナリオ分析による将来予測に関する研究（プロジェクト2） | 21 |
| 2.2.1 | 生物多様性情報基盤の整備と分布推定モデルの高度化（サブテーマ1） | 21 |
| 2.2.1.1 | 生物分推定用の標準化土地利用基盤の整備 | 21 |
| 2.2.1.2 | 生物の空間分布類型化指標 | 21 |
| 2.2.1.3 | 分布推定モデルを活用した広域評価とシナリオ分析 | 23 |
| 2.2.1.4 | 移動分散制限を考慮した分布推定モデル | 25 |
| 2.2.2 | 生物多様性の応答予測にもとづいた保全計画（サブテーマ2） | 27 |
| 2.2.2.1 | 既存の保護区の評価と絶滅-保護の負のフィードバック | 27 |
| 2.2.2.2 | 絶滅リスクを最小化する保護区計画 | 28 |
| 2.2.2.3 | 不確実性の下での保護区計画 | 31 |
| 2.2.2.4 | 情報不足下での保護区計画 | 33 |
| 2.2.2.5 | 分布推定モデルと保護区計画 | 35 |
| 2.2.2.6 | 民間保護地域の展開 | 36 |
| 2.3 | 人為的環境攪乱要因の生物多様性影響評価と管理手法に関する研究（プロジェクト3） | 39 |
| 2.3.1 | 侵略的外来生物による生物多様性影響評価と管理（サブテーマ1） | 39 |

| | | |
|-----------|---------------------------------------|----|
| 2.3.1.1 | アルゼンチンアリの防除手法の開発 | 39 |
| 2.3.1.2 | セイヨウオオマルハナバチの防除手法の開発 | 41 |
| 2.3.1.3 | 野生生物感染症リスク評価 | 45 |
| 2.3.1.3.1 | 国内における鳥インフルエンザウイルスの生態学的特徴の把握 | 45 |
| 2.3.1.3.2 | 両生類感染症のリスク評価 | 46 |
| 2.3.2 | 遺伝子組換え生物による生物多様性影響評価と管理（サブテーマ2） | 47 |
| 2.3.2.1 | 花粉に含まれる除草剤耐性遺伝子検出 | 48 |
| 2.3.2.2 | GM セイヨウアブラナ侵入地周辺での送粉昆虫による GM 花粉拡散域の調査 | 48 |
| 2.3.2.3 | 雲出大橋南岸河川敷における GM セイヨウアブラナの空間分布 | 49 |
| 2.3.3 | 温暖化による生物多様性影響評価と管理（サブテーマ3） | 50 |
| 2.3.3.1 | サンゴの分布変化予測 | 50 |
| 2.3.3.2 | 大型藻類の分布変化予測 | 51 |
| 2.3.3.3 | 異なる標高における植物種個体群サイズの変化 | 52 |
| 2.3.3.4 | 異なる標高における植物のフェノロジーの変化 | 52 |

[資料]

| | | |
|-----|---------------|----|
| 1 | 研究の組織と研究課題の構成 | 57 |
| 1.1 | 研究の組織 | 57 |
| 1.2 | 研究課題と担当者 | 58 |
| 2 | 研究成果発表一覧 | 59 |
| 2.1 | 誌上発表 | 59 |
| 2.2 | 口頭発表 | 64 |

1 生物多様性研究プログラムの概要

1.1 研究プログラム全体の目的、目標、構成等

生物多様性条約・第10回締約国会議（2010年10月）では、今後の10年に向けて5つの戦略目標を定めた。その目標Bでは「生物多様性への直接的な圧力を減少させ、持続可能な利用を促進する」こと、目標Cでは「生態系、種及び遺伝子の多様性を守ることにより、生物多様性の状況を改善する」ことを掲げている。これらの実現のためには、生物多様性の現状の把握、将来の予測、そして保全策の効果を評価する手法の開発が不可欠である。このため、本研究プログラムでは、生物多様性の状況を効率的に観測する手法を開発するとともに、集積された観測データに基づいて生物多様性の状況の総合的な評価と、将来の状況の予測、及び効果的な保全策の提示を行う。また、生物多様性への直接の圧力要因のうち特に早急な対応が必要な侵略的外来生物・遺伝子組換え生物および気候変動の影響の実態を把握し、対応策の立案に必要な将来予測を行う。

本プログラムは3つの研究プロジェクトから構成されている。それぞれの目標は以下の通りである。

プロジェクト1「生物多様性の景観的および遺伝的側面とその観測手法に関する研究」では、土地利用等の既存地理データを収集整備するとともに、リモートセンシングによる観測技術開発及びそれによって得られるデータを活用し、時空間的に広域を効率的にカバーする生物多様性観測を可能にする。また、適切な遺伝子マーカーの開発と情報集積を行い、保全対象種、外来種の遺伝子による検出など分子遺伝学的手法による生物多様性観測の基盤を提供する。

プロジェクト2「生物多様性の広域評価およびシナリオ分析による将来予測に関する研究」では、生物多様性の多様な側面を総合的に評価する手法の開発により、限られた時間とコストの中で、適切な保全地域指定や広域的土地利用デザインを行うための指針を提供する。これにより、社会状況の将来変化も考慮した、国土レベルでの実効性のある保全のランドデザインの策定に貢献する。

プロジェクト3「人為的環境攪乱要因の生物多様性影響評価と管理手法に関する研究」では、侵略的外来生物・遺伝子組換え生物について、国内における現状の把握と分布拡大予測により、重点的な対策のポイントを明らかにするとともに、効果的な防除手法を開発する。また、気候変動の影響を受けやすいと考えられる生態系である沿岸生態系および高山生態系を対象に、気候変動の生物多様性への影響を評価・予測し、温暖化適応策のなかで生物多様性の主流化を進める際に特に配慮すべき点を明らかにする。

1.2 研究の概要

1.2.1 プロジェクト1：生物多様性の景観的および遺伝的側面とその観測手法に関する研究

リモートセンシングによる生物多様性の景観的基盤の解明と手法開発（サブテーマ1）

生物多様性及びその変化を予測するための基盤情報となる土地利用等の地理情報を、統一した凡例に基づいて整備し、公開と提供を行った。リモートセンシングによる土地利用や沿岸底生生物等の観測手法について、精度のみならずコスト面からの比較検討を行い、各応用場面に最適な手法を提示した。また、新たな観測手法、データ処理手法を導入・開発し、応用可能性の評価を行った。これらの観測手法に基づいて観測データを整備し、生物分布や多様性の推定に貢献した。整備したデータセットは公開し配布を行うとともに、新たに開発したリモートセンシング手法を他の研究課題に活用した。

遺伝子分析による生物多様性の遺伝的基盤の解明と手法開発（サブテーマ2）

生物多様性モニタリングを含む様々な場面で利用が可能な遺伝情報の蓄積が進んだ。特に陸水域の環境DNA解析の基盤となる藻類、魚類、水生昆虫等のデータが整備され、その公開も進んでいる。

水域生態系の重要な構成種でありながら種同定が困難とされてきた藻類種を対象として、培養株ベースのDNAバーコーディング情報の取得と公開作業を進め、これまでに約150株の霞ヶ浦産藻類保存株情報をホームページ上で公開し

た。また環境 DNA のメタバーコード情報の解析結果との対比から、属レベルの解像度で分類群組成をモニタリングできる遺伝子解析手法の標準化を図り、霞ヶ浦産藻類メタバーコード情報を整備した。

環境指標生物として有用なユスリカに関して、種判別のための DNA バーコーディングの基礎となる DNA バーコードを 64 種 400 標本について整備し、国環研ウェブサイト上のユスリカ標本 DNA データベース（含む英語版）で公開した。ユスリカの代表的な属 *Chironomus* 属他について形態で同定の難しい隠蔽種・姉妹種等を発見して分類群を整理し、DNA バーコーディングの有効性を実証した。ユスリカ多様性と陸水生態系環境との関係を分析するために、形態分類が困難な幼虫標本についても DNA バーコーディングに分子系統解析を加味した種組成調査手法を整備した。

都市緑地間のチョウのネットワーク構造を推定するため、代表種としてヤマトシジミについて全ゲノム解析により一塩基多型（SNPs）の探索を行い、生息緑地間の遺伝的距離を算出した。生息地データと遺伝的距離を景観遺伝学的手法により解析することで、今後、緑地間ネットワーク構造が解明できる見通しを立てた。

1.2.2 プロジェクト 2：生物多様性の広域評価およびシナリオ分析による将来予測に関する研究

生物多様性情報基盤の整備と分布推定モデルの高度化（サブテーマ 1）

多数の分類群（哺乳類、鳥類、爬虫類、昆虫、維管束植物等）について、入手可能な分布データを利用し、その精度・不確実性や、駆動因となる環境条件のパターンを考慮して分布を推定する基盤情報およびモデル技術を整備した。研究・行政での活用を促進するため、これらの情報・技術を行政に提供するとともに、一部をデータベースとして公開した。

複数時期の分布データや個体数・動態に関する情報が利用可能な一部の分類群（鳥類・維管束植物等）については、時空間動態を明示的に扱うモデルを開発した。また、これらの分類群の分布の移動・縮小や、絶滅リスクをより高い精度で推定・予測できるようになった。維管束植物の絶滅リスク評価の結果は、世界生物多様性概況第 4 版の技術レポートに引用された。

アジアの多様な生態系に出現するマメ科等植物種など、利用可能な分布情報の精度が高くない対象の場合にも適用可能な、広域での分布推定のスキームを構築した。作成したモデルを応用し、簡便な絶滅リスク評価手法を開発した。この手法は、データが十分に入手できない地域での保全に資するものと考えられる。

生物多様性の応答予測にもとづいた保全計画（サブテーマ 2）

保護区選択を行う際に、分布推定モデルによるデータの補完・補正の有効性を総合的に評価した。どのような場合に分布推定モデルを利用するとよいかについての指針を作成した。多様な生物を効率よく保全する保護区的设计のためには、保全対象種のうち希少種を含む数割程度の種のデータがあればよいことを示した。情報ギャップ理論を用いて、個体群動態や保全の効果等の情報が不足している状況で、不確実性に頑健な保護区選定を行う手法を開発した。この手法を生物多様性地域戦略の策定の支援のために適用した。

1.2.3 プロジェクト 3：人為的環境攪乱要因の生物多様性影響評価と管理手法に関する研究

侵略的外来生物による生物多様性影響評価と管理（サブテーマ 1）

侵略的外来昆虫の対策手法の開発を行った。世界に先駆けて侵略的外来生物アルゼンチンアリの地域根絶に成功した。また、同種の防除マニュアルを策定した。これに基づき、横浜、静岡、京都、大阪、兵庫、岡山における野生化個体群の防除事業推進のため、環境省および自治体との協働体制を構築し、各地域で個体群抑制の効果をえた。セイヨウオオマルハナバチについては、化学的コロニー生産抑制手法を開発した。野外効果試験を実施するための地域レベルの協働体制を構築した。さらに、ツマアカスズメバチの IGR 剤を活用した化学的防除戦略を環境省に提供した。また、7 年間にわたる鳥インフルエンザウイルス全国モニタリングにより、日本国内への鳥インフルエンザウイルスの侵入状況が明らかになった。

遺伝子組換え生物による生物多様性影響評価と管理（サブテーマ2）

茨城県鹿島、三重県四日市、福岡県博多の各港の後背地の河川敷等において、全ての地域からこぼれ落ち由来の除草剤耐性 GM（遺伝子組換え）セイヨウアブラナが検出され、生育数が地域によって異なることが示された。これらの地域差はこぼれ落ち種子の量の違いに由来しているものと考えられた。輸送路となっている橋梁直下の河川敷では、除草剤耐性遺伝子の有無にかかわらず、セイヨウアブラナと在来アブラナの交雑が起きていることが示唆された。

除草剤耐性 GM セイヨウアブラナ花粉の昆虫による分散距離を測定するため、花粉に含まれる除草剤耐性遺伝子を検出する方法を開発した。これを用いて、送粉昆虫の体表に付着した花粉から除草剤耐性遺伝子を検出した。また、昆虫による送粉距離を明らかにした。GM セイヨウアブラナが生育する地域周辺における近縁種の分布データとあわせ、調査地における GM セイヨウアブラナ花粉の分散リスクマップが作成できるようになった。

温暖化による生物多様性影響評価と管理（サブテーマ3）

沿岸生態系に関して、生態系の基盤となる生物（サンゴ、大型藻類）の分布及び活性のデータベース化を行い、過去からの変化を実証するとともに、IPCC 第5次評価報告書（IPCC AR5）のために実施された第5次結合モデル相互比較プロジェクト（CMIP5）の気候モデルを用いた過去再現及び将来予測により、水温のみならず海洋酸性化、種間相互作用等を考慮することにより、精度の高い分布変化予測が可能となった。一連の成果は環境省が行っている生物多様性分野での気候変動への適応計画を検討する際の資料として活用された。

青海・チベット高原、モンゴル高原、マレーシアと乗鞍岳において、気象環境と植物の季節変化および種多様性の長期モニタリングシステムを確立した。アジア陸域を中心とした広域の衛星画像の解析により、中～低緯度地域の植生は高緯度と比べて展葉時期の温度感受性が高いことを示した。また、草原植生の展葉期の推定精度を向上する新しい方法を開発した。

2 研究の成果

2.1 生物多様性の景観的および遺伝的側面とその観測手法に関する研究（プロジェクト1）

生物多様性の評価・予測・保全には、生物種が好む環境の景観的要素と環境と生物との関係を規定する生物種の遺伝的属性とを観測することが欠かせない。本プロジェクトでは、このような観測の効果的な手法を開発し検証することを目的とする。サブテーマ1「リモートセンシングによる生物多様性の景観的基盤の解明と手法開発」において、地図・衛星画像・空中写真・カメラ画像等を活用して歴史的及び現時点での景観の地理情報を整備しつつ、発展する遠隔計測の技術を利用して景観を詳細かつ迅速に観測する手法の開発に取り組む。サブテーマ2「遺伝子分析による生物多様性の遺伝的基盤の解明と手法開発」においては、遺伝子分析によって、遺伝子多様性の歴史的変遷および現状を解明しつつ、発展する遺伝子分析技術を利用して遺伝子多様性の定量的評価手法を開発する。

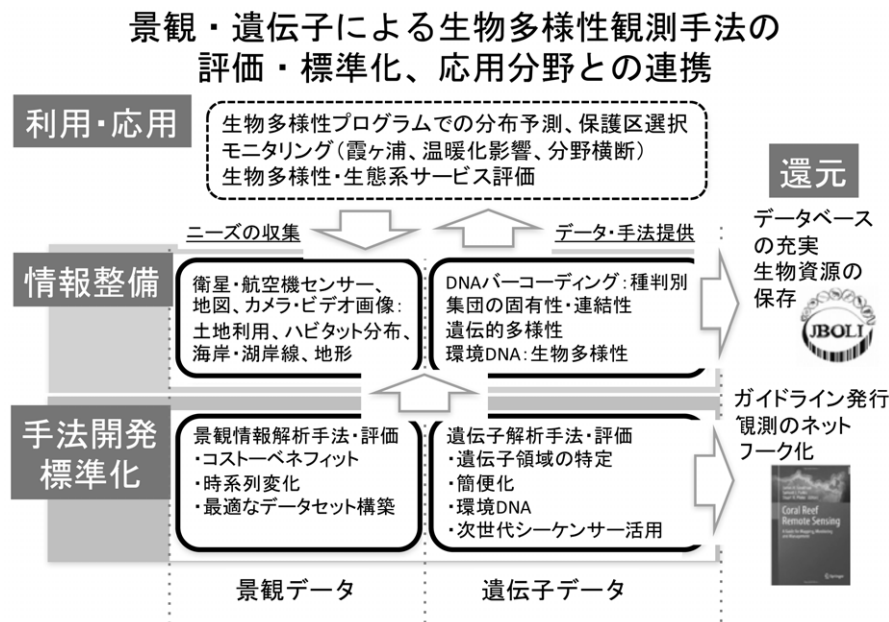


図1 プロジェクト1の構成

2.1.1 リモートセンシングによる生物多様性の景観的基盤の解明と手法開発（サブテーマ1）

本サブテーマにおいては、リモートセンシングや地理情報整備において、生物多様性評価からのニーズを把握した上で、精度評価等にもとづく適切な手法の選定とデータセットの整備を行った。

2.1.1.1 日本全国土地利用図の整備

日本全国のような広い範囲においては、生物多様性を評価するためにすべての生物分布を調べることは事実上不可能である。その場合は、土地利用やハビタット情報を生物多様性の代替指標として用いることが有効である。日本では、環境省（当時環境庁）自然環境保全基礎調査によって植生図が、国土交通省（当時国土庁）によって地形図から土地利用図が、1970年代から現在まで数時期にわたって作成されている。作成や更新には現地調査とともに航空機から撮影された空中写真や人工衛星で得られた画像が活用され、日本が打ち上げたALOS衛星が取得した画像からも土地利用図の作成が行われている。

生物多様性の評価に活用できる土地利用図の整備においてヒアリング調査を行ったところ、森林や耕作地といった粗い分類では生物多様性の評価には不十分で、特に森林について広葉樹、針葉樹、常緑樹、落葉樹、そして、自然林、二次林、人工林といった情報が生物の分布に大きく影響を与えており、それらを区分した土地利用情報の必要性が指摘された。耕作地に関しても、放棄された水田とされていない水田では大きく生物相が異なるため区分されていることが

要とされた。

環境省自然環境保全基礎調査で作成された植生図は、こうした生物多様性評価に必要な要件を満たしている。その一方で、この植生図は分類項目が905にのぼり、データ量があまりに膨大であるため、全国の生物多様性評価のためにはこの分類区分を整理する必要がある。プロジェクト2と共同で植生の群落名やその植生の自然度の情報に基づいて項目を階層的にまとめる作業を行い、大項目として森林、耕作地、草地など大きく9つの項目を設け分類を行った。その上で、森林と草地については、植生自然度にもとづいて、人間の手の入っていない「自然草地、自然林」、自然草地や自然林が伐採など何らかの原因で破壊された後に自然に再生した「二次草地、二次林」、植林などで人為的に作られた「人工草地、人工林」、およびその他に分類し、これらを中分類とした。また、森林と草地以外にも、耕作地等について水田か、畑地かその以外の耕作地かで中分類を行った。さらに、自然度および群落名に基づいて、出現する立地や、森林であれば針葉樹か広葉樹か、あるいは常緑樹か落葉樹といった生育型に着目して細分類を行った。以上のように、大分類をさらに細分するという階層的な分類を行うことにより、既存の土地利用図の分類項目との対応と比較が可能となり、解析の目的に応じて大分類、中分類、細分類を使い分けることが可能な汎用性の高い土地利用図を作成することができた(図2)。

整備した土地利用図は生物・生態系環境研究センターのウェブサイトで「日本全国標準土地利用メッシュデータ」として公開を行った(図3)。また、環境展望台の環境GISでも、「最優占土地利用:2次メッシュ・3次メッシュ」としてデータが閲覧可能である。データは2016年10月現在までに74ユーザに配布された。

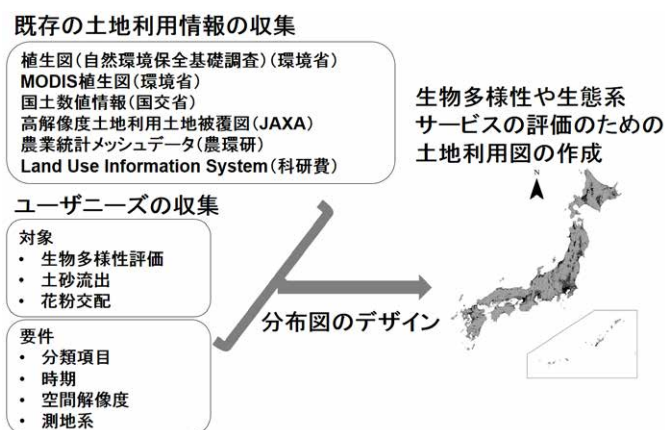


図2 土地利用図の作成方法

既存の土地利用情報と利用者のニーズを組み合わせ、生物多様性や生態系サービスを評価するための新しい土地利用図を作成した。



図3 生物・生態系環境研究センターのウェブサイトから公開されている日本全国標準土地利用メッシュデータ (<http://www.nies.go.jp/biology/kiban/lu/index.html>)。

2.1.1.2 三次元景観の復元

生物多様性の変化の解析には、土地利用のみならず地形が重要である。また、裸地から草本、そして木本への遷移にともなう生物多様性の変動を明らかにするには、樹高など三次元的情報が必要である。近年では航空機 LiDAR による詳細 DEM の整備と公開が進み、手軽に現在の地形を観察する環境が整ってきた。しかし、地形改変等により現在は消失した過去の地形や景観を復元するためには、古い航空写真を用いた写真測量を行う必要がある。

近年急速に普及が進んでいる SfM-MVS (Structure from Motion — Multi-View Stereo) ソフトウェアは対象物 (地域) を撮影した複数の写真と GCP (Ground Control Point) の情報から、簡易な操作で DSM (Digital Surface Model) を作成できる。航空写真も解析が可能であるため、広範囲の DSM を通常の写真測量と比較して容易に作成することが可能である。しかし、そうして作成された DSM の詳細な精度検証は行われていない。複数の時期に撮影された航空写真を高解像度にスキャンした画像を用いて SfM-MVS ソフトウェアにより DSM を作成し、これらを現地水準測量による結果と比較して、航空写真から作成される DSM を用いた標高計測の精度を検証した。

検証の対象地域は沖縄県久米島である。久米島は石灰岩台地、浜堤など多様な地形要素を持っており、また戦後の農地改良によって地形と土地利用が大きく変化してきており、多様な土地利用と地形が混在している。そのため、DSM の作成精度の検証のために適している。大幅な農地改良が行われた時期を含む 1962 年、1973 年、1977 年、1984 年、1990 年、1994 年、2002 年、2013 年の各年に撮影された航空写真を用いて DSM を作成した。

最新の 2013 年の航空写真は地上解像度約 20 cm のデジタル航空写真である。それ以外の航空写真は 20 μm ピッチでスキャンした。DSM 作成と精度検証の手順は次の通りである (図 4)。なお、SfM-MVS ソフトウェアとして、Agisoft 社の PhotoScanPro (Ver. 1.1.2) を使用した。

- 1) 2013 年のデジタル航空写真と現地における GNSS (Global Navigation Satellite System) 測量によって得られた GCP を用いて 2013 年の DSM を作成する
- 2) 2013 年の DSM の標高計測精度を検証する。真値は現地水準測量により得られた 230 地点の標高値を使用する。水準測量は古い写真による DSM の精度も検証するために、昔から変化のない道路沿いで実施する
- 3) 1962 年の写真中に 2013 年まで変化のない地物を抽出して 2013 年の DSM から 3 次元座標を計測する。これらを古い航空写真を標定するための GCP とする

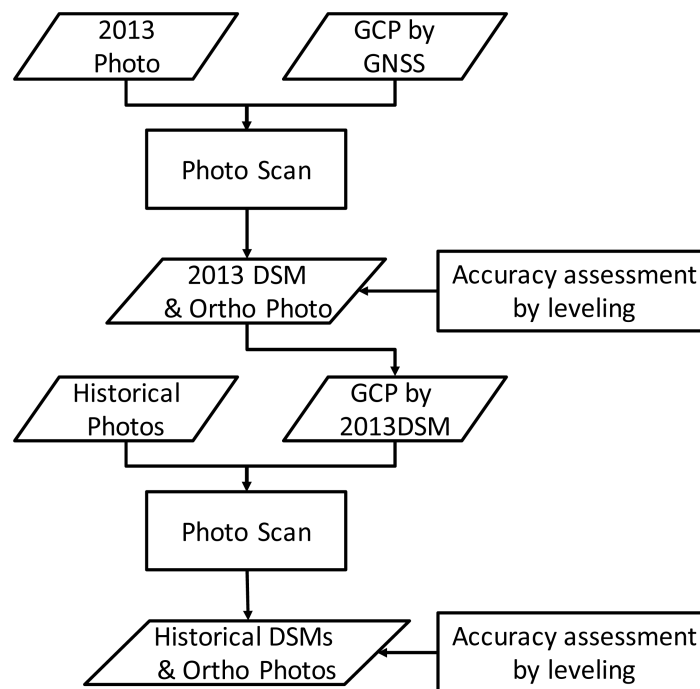


図 4 空中写真からの DSM 作成と精度検証のフローチャート

4) 各年代のDSMを作成し、各年代のDSMの標高計測精度を検証する。各年代のDSMを用いてオルソ画像を作成し、水準測量地点におけるDSMの標高値と水準測量結果を比較する。標高計測精度の検証が目的であるので、樹木や建物で覆われて見えないところは検証点から除外する

2013年のDSMは解像度48.2cmで作成され、サトウキビ畑の畦、サトウキビの草丈の違いを判別できる程度に詳細であった。写真とDSMから2013年オルソ画像を作成し、このオルソ画像中に確認できる171の水準測量地点における標高の検証によって、このDSMの標高の平均二乗誤差は24.1cm、誤差の平均が9.2cmであることが確認された。この計測精度は、従来の航空写真測量の標高計測精度に匹敵する。この2013年のオルソ画像とDSMからGCPを取得し、それに基づいてその他の古い航空写真を用いて作成されたDSMの解像度は、写真の解像度に応じて40.4cmから142.0cmであり、標高の平均二乗誤差は24.8cmから121.5cmであった。

本研究では、既存の航空写真を SfM-MVS ソフトウェアで解析することにより作成される DSM を用いた標高計測の精度検証を行った。その結果、現在の主流であるデジタル航空写真画像と GNSS 測量による GCP を用いることにより、誤差 1 画素程度の高精度で標高を計測可能であることが明らかとなった。また、本研究の手法によれば、精密な緒元が明らかでない昔の航空写真を用いても、1 m 程度の精度で標高計測が可能であることが示された。本手法は長期間の景観変化を定量的に解析することに活用され、久米島における土地開発による景観変化（図 5）の他、廃村後の景観変化の解析に活用された。



図 5 土地開発による沖縄県久米島の変化を示す鳥瞰図

2.1.1.3 ボート観測による浅海域の生態系のマッピング

従来、サンゴ礁や藻場といった浅海域の生態系のマッピングやモニタリングの多くは潜水によって行われ、調査地の広域化が困難であった。加えて水中では GPS の利用が出来ないため、調査対象の正確な位置の把握が困難であり、反復した調査を阻む原因となる。一方、人工衛星や空中写真、ドローンによる調査は広域性に優れ、位置精度も高いものの、水面上からの撮影のために水面の反射や揺らぎなどから十分な解像度が得られない場合がある。これらの中間的な性格を持つ観測手段として船舶の利用が挙げられる。小型の自律型船舶に水中カメラを装着することで、漁船が利用できない浅海域や入り組んだ岩場での観測が期待できる。本研究では、別途開発された水中観測用の小型船舶を用いて高知県竜串や沖縄県石垣島周辺に生息するサンゴ、静岡県西伊豆町の藻場を対象として水底の広範囲な被覆調査を行った。

水底調査では、無人小型船舶の両舷に装着された 2 式のフルハイビジョン解像度数（1920×1080 画素）の水中ビデオカメラによる水中連続撮影と、GPS/ ジャイロによる測位及び船舶の姿勢情報とを同時に記録した（図 6、図 7）。ビ

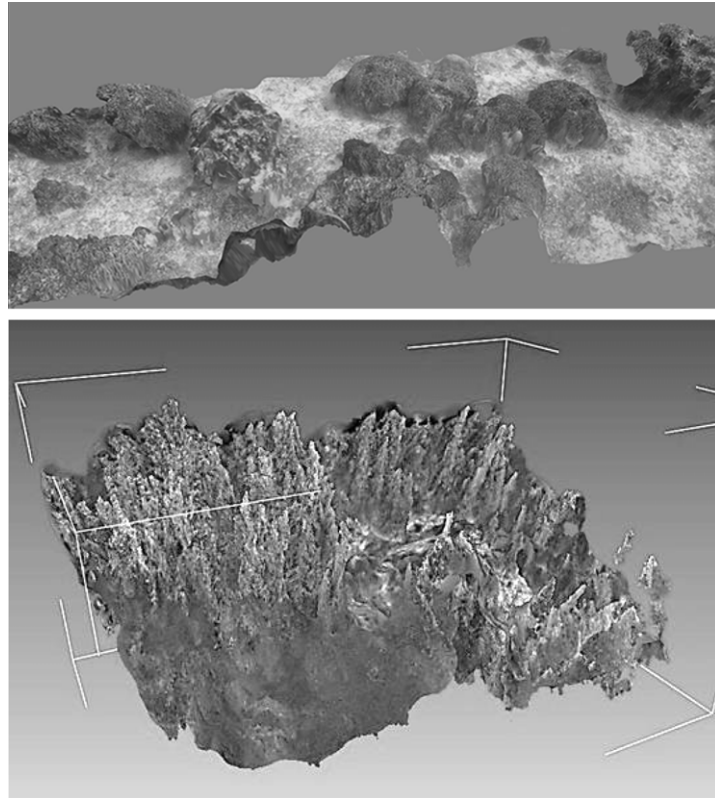


図8 三次元化したサンゴ（上）と藻場（藻場）の例
DSM 表面にオルソ画像を貼り付けて作成した。

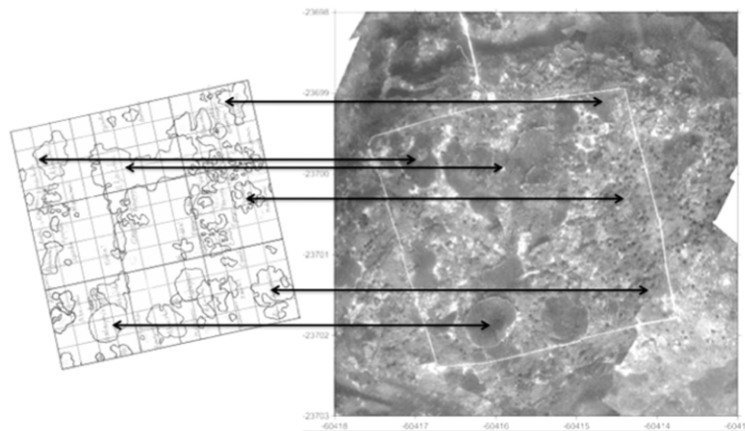


図9 取得画像（右）と潜水調査により取得されたサンゴ分布（左）との
比較

しているフレームを抽出し、マッチングパラメーターをチューニングしつつ藻場の DSM とオルソ画像を作成した。

竜串地区における潜水調査にて取得した枠内のサンゴ分布図と、本システムにより取得したオルソ画像の比較事例を示す（図9）。テーブル状のミドリイシやキクメイシ科のサンゴの群体（実線矢印）は判読が可能であり、本システムは科あるいは属レベルでのサンゴ被度のモニタリングに十分な精度を有すると考えられる。平成24年から26年にかけて同一箇所をモニタリングした結果、数cmサンゴが成長していることが判別できた。また、潮流により常に動いてしまう海藻も三次元構造を再現することが可能となり、藻場の磯焼けのモニタリングにも有効であることが実証された。

2.1.2 遺伝子分析による生物多様性の遺伝的基盤の解明と手法開発（サブテーマ2）

本サブテーマにおいては、遺伝子解析において、DNA バーコーディング情報の取得の簡素化の手法開発を検討し、ユスリカ、藻類、魚類の DNA バーコーディング情報を取得し、環境 DNA による多様性解析の可能性について検討した。また、景観解析と遺伝子解析の統合に関する検討を行った。

2.1.2.1 DNA 情報による種分類手法の簡便化

2.1.2.1.1 ユスリカ

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であるが、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がある。このような場合には生物の持つ DNA 配列の一部分（種判別遺伝子）における塩基配列の違いを指標に種分類を行うことがある。生物の分類に使われる種判別遺伝子は例えば BOLD というデータベース (<http://www.barcodinglife.com/>) に集められている。ここには動物で 174,112 種、植物で 65,023 種、カビなどその他の生物 20,757 種についての遺伝子情報が載せられており（2016 年 10 月 21 日現在）、今後もこの情報は日ごとに増えていくであろう。一方で、この情報を生物の種判別に活用することは、(1) 対象生物から DNA の抽出、(2) PCR による種判別遺伝子断片の増幅、(3) 増幅した DNA 断片の塩基配列の決定、という工程が必要になり、一連の分析に必要な試薬・機器が高価であることや、これらの工程を終えるまでに数日間が必要となるのがこの手法の普及のための阻害要因となっている。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、が必要になる。そこで、環境指標生物であるユスリカの種判別遺伝子を用いた、低コストかつ簡便な種同定手法の開発を行った。

解析対象にはヤマトユスリカ (*Chironomus nipponensis*)、アカムシユスリカ (*Prosilocerus akamushi*)、オオユスリカ (*Chironomus plumosus*) を用いた。これらは霞ヶ浦において同所的に生息し、幼虫の形態による分類は困難である⁹⁾。DNA の単離は国立環境研究所のユスリカ標本 DNA データベースによる方法に準じた (<http://www.nies.go.jp/yusurika/index.html>)。簡単に記述すると、成虫標本を Proteinase-K 溶液に浸し、56℃で 1 晩静置する。そこから成虫標本を取り出し、残った溶液を DNA 溶液とした。

ユスリカの種判別遺伝子としてはミトコンドリアの *COI* 領域を使用した。*COI* は、動物の DNA バーコーディングにおける標準遺伝子であり、シトクローム c オキシダーゼ サブユニット I というタンパク質をコードしている。PCR に使用したプライマーの配列は CHRM-F2 (5'-GCATTTATTATAATTTTTTTCATAGTTA-3') および CHRM-R1 (5'-TCAAAAAAAGATGTATTTAAATTTTCG-3') である。

通常の種類別では *COI* 遺伝子領域を上記のプライマーにて PCR により増幅し、その産物の塩基配列を決定して、その配列を既存のデータベース上の配列と照合することにより行う。本研究では、上記の行程のうち塩基配列の決定を行うことなく対象生物の塩基配列を推定する 2 つの手法、PCR-RFLP 法および HRM 解析について検討を行った。

まず、ユスリカより単離した DNA を高効率・高成功率 PCR 酵素である KOD FX Neo (TOYOBO) にて増幅を行った。方法はメーカー推奨の手法に準じて行った。PCR-RFLP (Restriction Fragment Length Polymorphism、制限酵素断片長多型) 法では増幅した *COI* 遺伝子の断片を、制限酵素 *Apa* I 及び *Xba* I で切断することにより 3 種のユスリカの分類を行った。また、ヤマトユスリカには山地型と平地型が存在することが知られているが、これらの区別は制限酵素 *Kpn* I による切断により行った。HRM 解析 (High Resolution Melting、高感度融解温度曲線解析) では LightCycler[®] 480 High Resolution Melting Master Mix (Roche) を用いて PCR を行った。PCR 及び融解反応は LightCycler[®] 480 (Roche) にて行い、融解曲線分析は LightCycler Gene Scanning software (Roche) を用いて行った。

PCR-RFLP 法は PCR により増幅した DNA 断片を制限酵素により切断し、この酵素処理により得られた切断 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する方法である。図 10 に 3 種のユスリカについての PCR-RFLP による分析結果を示す。これらのユスリカ種の *COI* 領域を PCR により増幅すると約 500 塩基の DNA 断片が増幅するが、これらは長さからは区別がつかない。一方で増幅した DNA 断片の塩基配列を調べると、ヤマトユスリカの PCR 産物中には *Apa* I の認識配列、アカムシユスリカでは 2 箇所の *Xba* I の認識配列があり、オオユス

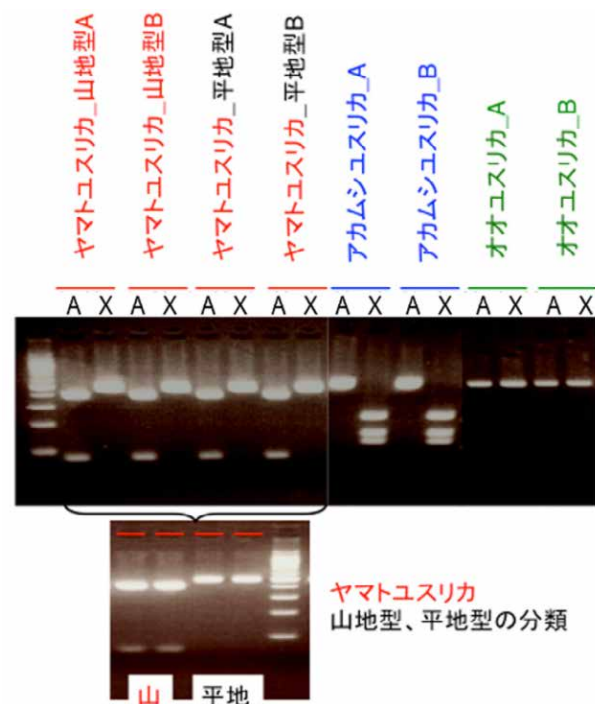


図 10 ユスリカの PCR-RFLP 解析
 3 種のユスリカ *COI* 領域の PCR 断片を制限酵素処理した電気泳動像。
 A; *Apa* I, X; *Xba* I

リカにはこれらの制限酵素の認識配列がない。したがって、同じ PCR 産物を *Apa* I または *Xba* I で処理した場合に、ヤマトユスリカでは *Apa* I 処理により 1 か所切断され 2 本バンドに、アカムシユスリカでは *Xba* I 処理により 2 か所が切断され 3 本バンドに、オオユスリカはどちらの酵素でも切断されないで 1 本のバンドになる。また、ヤマトユスリカには山地型と平地型が存在することが知られているが、山地型の *COI* 領域には *Kpn* I の認識配列があり、平地型にはこの配列がない。したがって、上記の分類後、*Kpn* I 処理により PCR 産物が切断されれば山地型のヤマトユスリカ、切断されなければ平地型のヤマトユスリカと分類することができる。これらのことから、底泥より採取してきた未同定のユスリカ幼虫から上記のように DNA を抽出し、PCR 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 種のユスリカを特定することが可能となる。この方法では、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 になった (表 1)。そのため解析できるサンプル数が飛躍的に増加し、例えば霞ヶ浦における主要なユスリカ種の季節変動などを高い精度で調べることができる。一方で、この手法の問題点としては対象とする DNA 断片中の特定の配列を認識する制限酵素が見つからないと手法確立できないことが挙げられる。

HRM 解析では塩基配列による PCR 産物の解離温度の違いを利用する。この方法では反応液中に PCR の過程で合成される 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く。この状態で PCR を行うと DNA の増幅と共に蛍光物質が取り込まれ、PCR 反応終了後には最大の蛍光強度を示す。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、急激な蛍光強度の減少が観察される。ここが 2 本鎖 DNA の解離温度となる。この解離温度は DNA の延期配列によって異なるので、同

表 1 3 種類の遺伝子解析手法の比較

| | 解析コスト | 網羅性 | 時間 | クレード サンプル | 初期投資 |
|----------|------------|----------|---------------|--------------|------|
| 塩基配列解読 | 1,000 円/試料 | 48 試料/解析 | 2 日 | - | 高い |
| PCR-RFLP | 200 円/試料 | 96 試料/解析 | 早い (4 時間~1 日) | 可 | 中程度 |
| HRM 解析 | 100 円/試料 | 96 試料/解析 | 早い (2.5 時間) | 不可 | 高い |

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る。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 11 に示す。その結果、本研究で用いた 3 種のユスリカに由来する *COI* 領域は異なる解離温度を持ち、HRM 解析により分類可能なことが示された。また、より塩基配列の近いヤマトユスリカの山地型と平地型もこの手法により識別できることが明らかになった。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 になる(表 1)。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という長所があるが、一方で普通の PCR 装置よりも数倍程度高価な定量 PCR 装置が必要なことが欠点としてあげられる。

本報告では生物の種判別を DNA 情報に置き換えて簡便に行う手法の開発を行い、実験室レベルでの労力およびランニングコストの低減化に成功した。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る。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だろう。

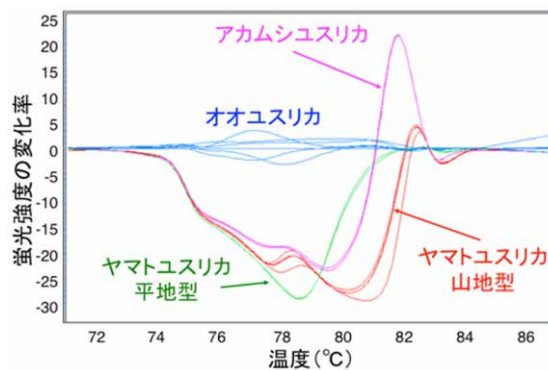


図 11 ユスリカの HRM 解析
HRM 解析は 3 種のユスリカの *COI* 領域にて行った。

2.1.2.1.2 藻類

渦鞭毛藻 *Symbiodinium* 属の多くの種は、褐虫藻として様々な海産無脊椎動物と共生関係にある。*Symbiodinium* 属は ITS2 配列などの分子系統関係に基づいて 9 つのクレードに大別されており、各クレードには生理的・生態的に多様に分化したサブクレードの存在が認められている。*Symbiodinium* 属の構成種(クレードやサブクレード)は、形態的に類似しており、顕微鏡観察で識別するのは困難なことから、ITS2 や *psbA* 等の配列情報の違いに基づいて識別されている。こうした *Symbiodinium* 属のクレードと有藻性サンゴ等の宿主の間には、一定の対応関係が認められつつも、複数のクレードが存在する場合や海域によって優先するクレードが異なることなどが知られる。また高温環境に適応している有藻性サンゴに共生する藻類では、温度ストレスに強いクレードの割合が高くなることで、高温環境で生き残ることも示唆されている。有藻性サンゴ内の *Symbiodinium* 属のクレードやサブクレードの割合を海域ごとに、長期的にモニタリングすることで、環境変動や温暖化の影響を検出できることが期待されているが、多数の検体をモニタリングする上で、塩基配列を決定して解析するよりも、より簡便で低コストな手法が必要である。

そこで塩基配列決定よりもより簡便で低コストな T-RFLP (末端標識制限酵素断片多型分析) 法の適用可能性について検討を行った。T-RFLP 法は、蛍光標識したプライマーを用いて、PCR を行い、PCR 産物の末端を蛍光標識した後に、制限酵素で断片化する。これをキャピラリー電気泳動装置を用いて電気泳動を行い、蛍光標識された末端を含む PCR 産物の断片を検出する。単一の生物種を解析すると一つの断片のみが検出されるが、複数種存在する場合は、異なるサイズの断片が検出され、その蛍光強度の違いに基づいて、ある程度量比を判断することも可能である。T-RFLP 法で得られた結果は、高い再現性があるため、断片サイズと種の対応づけを行ったデータベースを構築することで、簡便に微生物群集の構成種を推定することも可能である。

まず 2 つのクレードが混在することが配列情報の解析から分かっているサンゴ試料を用い、18S rDNA をターゲット

として T-RFLP 法で解析を行った (図 12)。制限酵素 Hha I の処理で、クレード C とクレード D に固有のピークが確認され、単一試料内に混在するクレードの検出が可能であることが分かった。サンゴ内の褐虫藻の多様性の全体像を簡便に把握するために有用な手法と言える。核 ITS 領域はサブクレード間の遺伝的差異が少なく、また比較的高頻度に検出されるゲノム内多型との区別が難しいことがある。そこでサブクレードの判別に十分な解像度をもつと考えられる psbA ミニサークル DNA の非コード領域を対象として、既存の配列情報を元に、制限酵素 Mnl I と Hha I を用いた断片長の予測解析を行った (表 2)。その結果、これら 2 種の制限酵素を組み合わせることで、様々なサブクレードの判別が可能であることが分かった。渦鞭毛藻に特徴的かつ高進化速度領域である psbA ミニサークル DNA の非コード領域について T-RFLP 法で解析することで、サンゴ内の *Symbiodinium* 属の構成種の多様性をサブクレードレベルで識別可能であることが示唆された。より簡便かつ低コストな手法が確立されたことで、今後のサンゴ褐虫藻の多様性モニタリングへの活用が期待される。

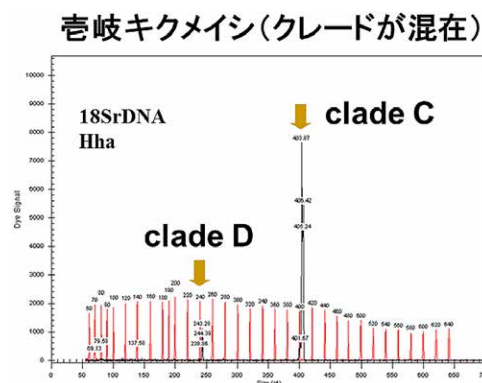


図 12 T-RFLP によるサンゴ褐虫藻の解析結果

表 2 psbA ミニサークル DNA の非コード領域の予測断片長

| サブクレード | 宿主 | 産地 | 配列長 | Mnl I | Hha I |
|------------------|---|--------|------|---------|---------|
| C3(i) | <i>Acropora</i> JQ043650 | 日本(沖縄) | >710 | 123 | 386 |
| C3(i) | <i>Acropora</i> JQ043656 | 日本(沖縄) | >710 | 255 | 386 |
| C17 | <i>Montastrea</i> | 豪州 | >644 | 360-364 | 372-376 |
| C3h | <i>Fungia</i> ; <i>Pachyseris</i> ; <i>Turbinaria</i> | 豪州 | >590 | 255-256 | 383-384 |
| C21 ² | <i>Leptoseris</i> ; <i>Pachyseris</i> ; <i>Pavona</i> | 豪州 | >675 | 255 | 386 |
| C21 ¹ | <i>Echinophyllia</i> | 豪州 | >679 | 224 | 355 |
| C21a | <i>Symphillia</i> | 日本(沖縄) | >675 | 223 | 359 |
| C21a | <i>Echinophyllia</i> ; <i>Lobophyllia</i> ; <i>Pectinia</i> | 日本(沖縄) | >556 | 223 | 353 |
| C27 | <i>Alveopora</i> | 日本(沖縄) | >561 | 223 | 354 |
| C27 | <i>Pachysers</i> | 日本(沖縄) | >561 | 224 | 355 |
| C31 | <i>Montipora</i> | 日本(沖縄) | >602 | 260 | 392 |

2.1.2.2 DNA バーコーディング情報の収集

2.1.2.2.1 ユスリカ

これまで形態により分類されてきたユスリカ科昆虫に対して DNA バーコーディングによる多様性評価を実現するために、標本を収集し分類基準となる DNA バーコードを決定した。標本の採集地点等と DNA バーコードを 74 種 473 標本について和文および英文のデータベースとして公開した。同時に日本 DNA データバンクと DNA バーコードの国際的収集機関 BOLD Systems に登録した。また、標本 DNA バーコードの分子系統解析により普通種に含まれていた隠蔽種を発見し報告した。DNA バーコーディングにより同定された種の生息量に基づき、ため池の様々な水域環境に特徴的なユスリカ群集を類型化し指標種を抽出した。

ユスリカは淡水域生態系の主要なメンバーであり、魚類だけでなく、陸上のトンボ、クモ、鳥類のエサとなり、様々な生態的機能を示す一方で、富栄養化した水域からの大発生による迷惑害虫、アレルゲンとなる衛生害虫、またコレラ菌の媒介者としても注目されている。ただし、ユスリカの種多様性は高いため、多様性評価において正確な種の同定が必要であり、信頼性のある分類基準への需要が高い。ユスリカの種類を必要とする分布、生態等の報告が、国内では、国立環境研究所等の研究機関や大学、地方自治体、企業の研究者によってなされてきた。しかしながら、ユスリカの種類基準はオス成虫形態の特徴に基づくため、メス成虫、蛹、生活史の大部分を占める幼虫等の正確な分類は困難であった。幼虫の飼育羽化や調査域での成虫羽化採集により成虫オスと幼虫を照合させて分類することが可能ではあるが、多大な労力と分類技術に関する熟練を要するため、一般的な調査研究にはなじまない。したがって、ユスリカ類の種同定をより正確に、かつ容易に実行できる手法が必要とされている。

最近では、DNA シークエンサーの普及が著しく、1000 塩基対長程度の遺伝子であれば、塩基配列情報の決定を低コストで比較的容易に行うことが可能になった。これに伴い、対象とする生物種の塩基配列を特定の遺伝子について収集し、その塩基配列（DNA バーコード）の違いによって種を同定する DNA バーコーディングが盛んとなっている。その利点は、種の特徴がはっきり現れていない生物個体の同定が可能なこと、また根拠となる塩基配列情報が容易に記録保存できるため、後続の研究によって検証可能であり、たとえ種名が変更されても実体としての種の同一性が担保されることである。

DNA バーコーディングをユスリカの種類同定基準整備に適用すれば、オス成虫形態だけによる現行の種類同定作業がより正確になると考えられる。この改良された基準を広範な水域の調査に適用すれば、水域毎のユスリカ群集組成が高い定量性と再現性の下に明らかとなり、水質生物指標の検討や水域の生物多様性評価の発展が期待される。

本研究では国内各地での標本採集により、ユスリカ科昆虫の DNA バーコーディングを進めて、DNA バーコード（ミトコンドリア *COI* 領域）収集と分子系統解析による分類体系再検討を行い、ユスリカ種類同定基準を新たに整備した。既存の湖沼富栄養化、河川水質汚濁に対するユスリカ指標種体系を過去および現在の収集標本の DNA バーコーディングにより再検討し、分類学的再現性を増強した体系を作成した。形状、水質、生物相および周辺環境の特性が異なるため池において、ユスリカ群集組成調査を行い、ユスリカ多様性と水域の環境特性および他の水生生物の多様性との関連を解明した。

DNA バーコーディングに供されるユスリカ標本は、様々な保存状態にある。塩基配列を取得する際に、効率と費用を合わせて考慮した手法を用いるために、ミトコンドリア *COI* 領域塩基配列の取得率が標本の保存状態や標本の部位、DNA 抽出方法によってどのように影響されるかについて比較した。

形態的特徴に基づき種同定されたユスリカ標本から得られた DNA バーコードを標本ごとに標本画像、成育段階、採集地、採集日時等の情報と組合せた上で国立環境研究所ウェブサイト上に検索機能付きデータベースとして公開した。DNA バーコードは事前に日本ジーンデータベース（DDBJ）に登録し、公開後は GBIF 及び BOLD でも公開した。

日本産 8 種を含むユスリカ属 72 種の *COI* 領域について種内および 2 種間の平均遺伝的距離（Kimura-2-parameter, K2P）を算出し、種間と種内を分ける遺伝的距離の閾値を求めた。また、ユスリカ属および全収集標本の *COI* 配列分子系統解析を行い、形態同定と塩基配列による種区分との対応を検討した。

兵庫県播磨平野のため池 20 面の底質、水草から定量採集されたユスリカ幼虫標本についてミトコンドリア *COI* の DNA 配列を決定した。決定された DNA 配列をハプロタイプに集約した上で、ベイズ法により 2 種類の系統樹（分子時計モデルを前提とするものとししないもの）を作成した。統計的に種区分するために、前者の系統樹に GMYC モデルを、後者に PTP モデルを適用し、ハプロタイプを種に区分した。いずれのモデルも系統樹全体を種分化過程と種内合祖過程に 2 分割し、分割境界を横切る枝の 1 本ずつを 1 種と見なした。両者の区分結果を比較した上で、最終的な種数が少なくなる方向で種区分を統一した。各種ユスリカの池毎の採集数を Non-metric Multi-dimensional Scaling にて解析して池を類型化し指標種を抽出した。

シリカメンブレンフィルターを用いた精製は、保存状態に拠らず取得率が高く、特に貴重な標本や保存状態の悪い標本に適していると考えられた。一方、粗抽出や廉価なキットによる抽出も、保存状態が良い標本や大量の標本を扱う際

には有用であることがわかった。古い標本などDNAの断片化により塩基配列が取得できないことが想定された場合は、シーケンス領域を短くすることで、取得率が回復できる場合もあった。また、翅の乾燥プレパラート標本や水面から採集される羽化殻からもDNAを抽出し、成功率はそれぞれ18%と41.7%と決して高くはなかったが、乾燥した翅標本や羽化殻も有用なバーコーディング試料となり得ると考えられた。

74種473標本のDNAバーコード及び採集情報等をセットにしユスリカ標本DNAデータベース (<http://www.nies.go.jp/yusurika/index.html>) と Chironomid DNA Barcode Database (<http://supiss.nies.go.jp/yusurika/en/index.html>) として公開した。また、BOLD Systems 上に project “Japanese chironomids” として登録した。

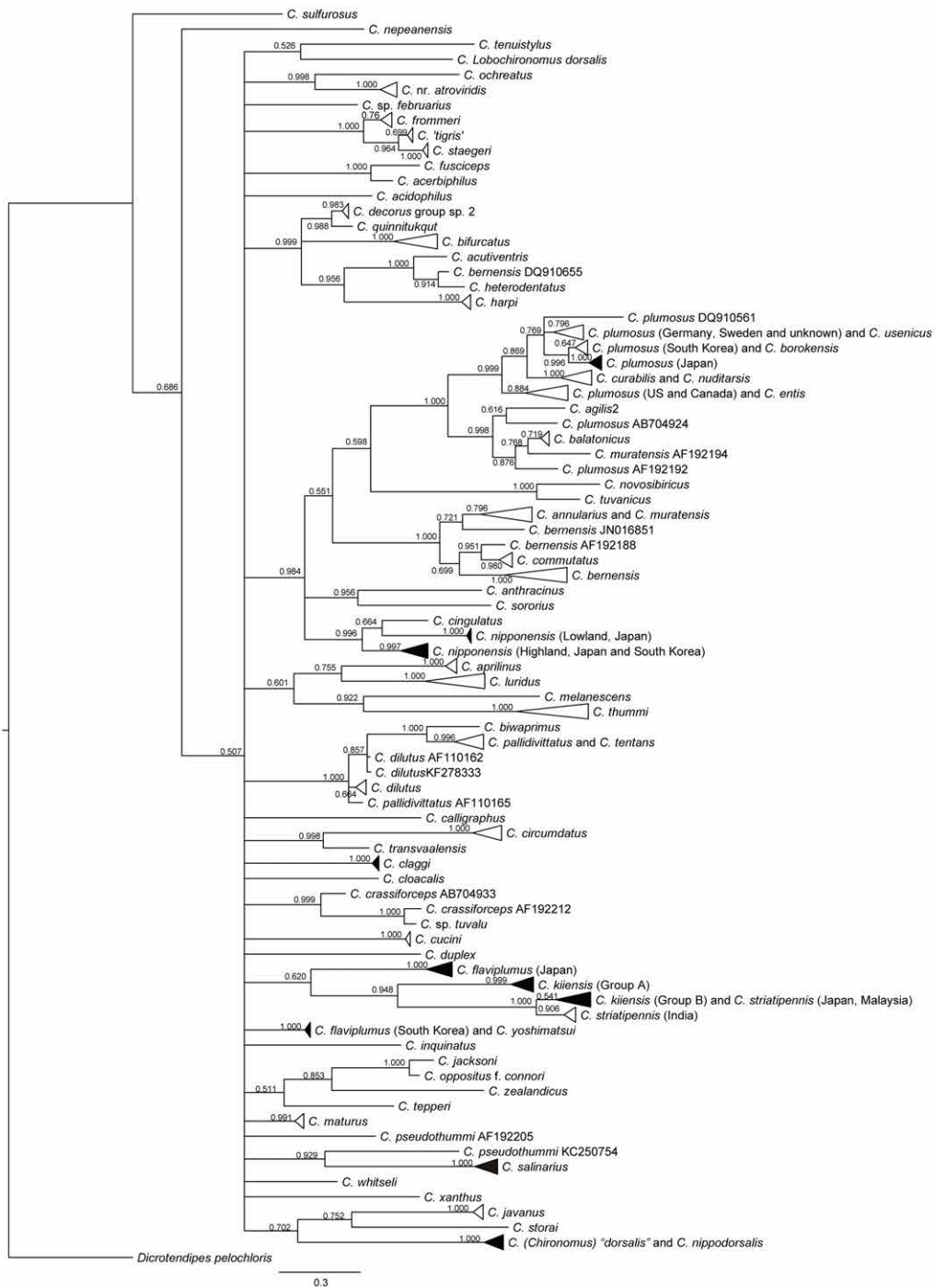


図 13 ユスリカ属 (*Chironomus*) ユスリカの分子系統樹

本研究で取得された配列を黒三角で表示、それ以外の配列はDDBJ等から取得。分枝点に表示された信頼度はベイズ事後確率。三角形は複数の配列をまとめて示しており、二等辺三角形の高さがそれらの変異の幅を示す。

ユスリカ属において種内および種間の平均 K2P 距離はそれぞれ 2.6 % と 17.2 % であったが、各距離の頻度分布は重複し、明確なバーコードギャップは存在しなかった。ただし、2 種間における遺伝的距離のうち 99.7 % は 3.0 % 以上であったことから、3 % 以上の種間遺伝的距離を示すユスリカ属の 2 種は、別種の可能性が高いと判断できると結論した。また、系統解析 (図 13) により、ヤマトユスリカやウスイロユスリカは隠ぺい種を含む可能性が示唆された。ユスリカ属以外にも、COI 塩基配列の系統解析によって、複数種について隠ぺい種が含まれる可能性が示され、分類体系の再検討の必要性が示された。

個々のため池から 0 ~ 21 種のユスリカが確認された。底質からは 0 ~ 15 種、水草からは 3 ~ 16 種が見つかり、総確認種数は 72 種であった。このうち、31 種の学名が確定された。国内の湖について報告されている、採集幼虫の形態分類にもとづく種数と比較すると、種数の多いため池では湖のそれに劣らない結果であった。この結果は、ため池にも湖に劣らないユスリカ多様性が存在することを示すと共に、形態的差異が未分化な幼虫でも種の区別が可能であるという DNA バーコーディングの利点も示唆している。また、各種の採集個体数からなるユスリカ種多様性にもとづき、これらのため池は 4 タイプに類型化され、少なくとも 2 種が指標種として抽出された。

2.1.2.2.2 藻類

藻類は水界の重要な基礎生産者である一方で、アオコや赤潮といった大量繁殖を行う種や有毒性の種が存在する。進化系統的に多様な生物群で構成されており、その多くは顕微鏡的な微生物である。藻類の種の記載は、国際藻類・菌類・植物命名規約に従って行われており、光学顕微鏡や電子顕微鏡観察による形態的特徴に基づいて、これまでに多くの種が記載されてきた。しかし、形態的特徴に基づく種同定には、専門知識に加えて、詳細な顕微鏡観察が必要で、経験豊富な研究者でも多大な時間を要する場合がある。また形態的特徴が環境条件や長年の継代培養等で変化する形態的可塑性の問題や不明瞭・不確かな特徴に基づいて記載された種の存在、そして隠蔽種や形態的特徴の少ない種の存在など、種同定が困難な例も数多く存在する。こうした問題は、モニタリング調査の際に、多数の試料について短期間に観察や計数を行う際に顕著に表れることになる。霞ヶ浦における植物プランクトンのモニタリングデータにおいても、霞ヶ浦から高頻度に出現が確認され、バイオマス量も多いことが分かっているが、種同定が困難で、属レベルの同定に留まっている種も少なくない。

近年、様々な生物群において、種の同定に DNA 情報が用いられており、公共データベースに情報が蓄積されつつある。藻類においても DNA バーコーディング情報として利用可能な 18S rDNA (真核藻類を対象) や 16S rDNA (シアノバクテリアを対象) の配列データが多数登録されている。このように現在では、新規藻類培養株から DNA バーコード情報を決定し、公共データベースで相同性検索を行うことで、種の同定を迅速かつ正確に行なうことが可能である。しかしながら、種名のついていない DNA 情報も多く、また、例え種名がついていても、正確に種同定が行われた保存株が使われたのか疑わしい DNA 情報が少なからず存在する。DNA 情報を取得した保存株が、公的なカルチャーコレクションの保存株であれば、保存株を取り寄せて、形態的特徴の観察に基づいて種同定の確からしさを確認することも可能である。しかしながら個人的な保存株を用いて配列データが登録された場合には、こうしたプロセスを踏むことは難しい。こうした状況を踏まえて、国立環境研究所 微生物系統保存施設において、保存管理されてきた藻類カルチャーコレクションの中から、形態的特徴から種同定を行うのが困難な藻類グループから、DNA バーコード情報の取得を行った。また長年に渡ってモニタリング調査が行われてきた霞ヶ浦における藻類を対象として、新たに確立した培養株や既存株について、DNA バーコード情報の収集、整備を行った。

Chlamydomonas 属は、2 本の等長鞭毛、緑色の葉緑体、眼点、明瞭なピレノイド、細胞壁、状の細胞形と言った形態的特徴をもつ緑色植物門緑藻綱の藻類である (図 14)。構成種が約 600 種と非常に多く、種同定には様々な形質、特徴を組み合わせる必要がある。種同定の最も困難な藻類グループの一つと言える。国立環境研究所 微生物系統保存施設で保存されている *Chlamydomonas* 属 78 株について、DNA バーコード情報として、18S rDNA 情報を取得して、公共データベースに登録されている *Chlamydomonas* 属 102 株の配列情報とともに分子系統樹を構築し (図 15)、最新の論文等の分類情報と照らし合わせて解析を行った。その結果、78 株は 8 つのサブグループに大別され、そのうち 14 株

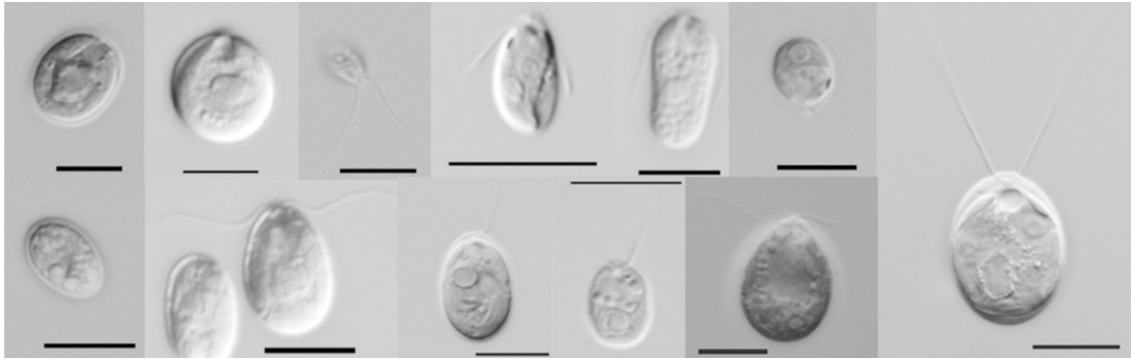


図 14 *Chlamydomonas* 属 12 種 12 株の光学顕微鏡像 スケールバーは 10 μ m

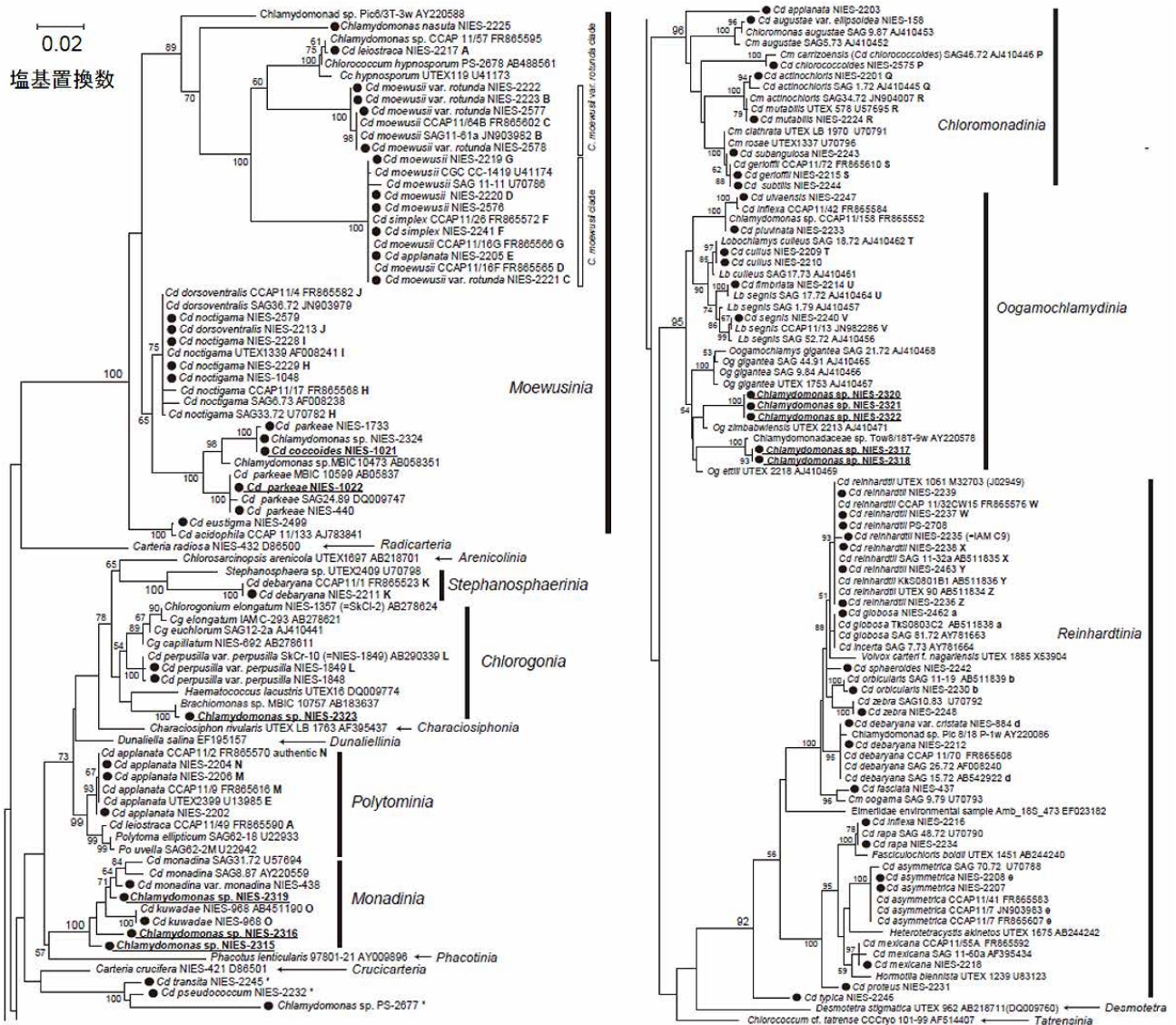


図 15 *Chlamydomonas* 属 180 株の分子系統樹 (Yumoto et al. 2013²⁾ を一部改変)

●は国立環境研究所微生物系統保存施設の保存株。分枝点に表示された信頼度はブーツ・ストラップ値。枝の長さは塩基置換数を示す。

は種名やサブグループ名の変更等の改訂が必要なことが判明した。全配列情報を公共データベースである日本 DNA データベース (DDBJ) に登録するとともに、微生物系統保存施設で公開している保存株情報内の遺伝子情報への登録と種名等の改訂を行った。また技術報告として学会誌に公表した²⁾。

霞ヶ浦産藻類株の DNA バーコーディングを行うため、国立環境研究所微生物系統保存施設から 10 ml 培養液を得た。得られた培養株に含まれる藻類を遠心分離し、DNA 抽出を行った。得られた DNA を用いて、それぞれ 18S rDNA または 16S rDNA を PCR により増幅した。18S rDNA を増幅するため、63F および 1818R³⁾ のプライマーセット、または SR1 および SR12⁴⁾ を用いた。また、16S rDNA を増幅するため、27F と 1494R のプライマーセットを用いた⁵⁾。増幅産物はダイレクトシーケンスを行ない、塩基配列の解読を行った。得られた塩基配列は ATGC (ジェネティクス) を用いて、波形の確認、配列のトリミング、アセンブルを行った。最終的に得られた配列は DDBJ に登録し、アクセッション番号を取得して公開した。

また、霞ヶ浦からの新規培養株 (真核藻類が主対象) を確立するため、月 1 回の霞ヶ浦モニタリングで得られた湖水を用いて、セルソーターを備えたフローサイトメトリを使った細胞分離を行った。細胞分離を行った細胞は、明期 : 暗期 = 12 時間 : 12 時間で培養を行ない、増殖が見られたもののみを培養株として確立した。確立した培養株から、前述のように 18S rDNA の配列を取得した。新規培養株から取得された配列およびこれまで微生物系統保存施設から得られた霞ヶ浦産藻類培養株の配列を併せて MEGA7⁶⁾ を用いて分子系統解析を行った。分子系統解析の結果、配列がほぼ同一の株を除くことによって、培養株の重複を除いた。重複が除かれた後に残った培養株由来の配列を上記と同様に DDBJ に登録し、公開した。最終的に、これまでに微生物系統保存施設に保存されていた株および新規に確立した培養株を含めて、真核藻類 59 株の 18S rDNA、シアノバクテリア 13 株の 16S rDNA 配列の登録を行った。

2.1.2.2.3 魚類

日本の多くの陸水域では、外来魚の侵入が深刻な問題となっており、特定外来生物法施行後も、特定外来生物に指定されている種あるいは新たな種の侵入が確認されている。また、在来種であっても、もともと生息していなかった水域に侵入しているケースも多い (国内移入)。種の同定を迅速かつ正確に行なって外来魚の侵入を検出するには、DNA バーコーディングが有効であり、それらの遺伝子情報の整備が不可欠である。近年、環境 DNA を用いた魚類のモニタリング手法の開発が盛んに進められており、DNA バーコーディングの重要性が一層高まっている。

魚類の長期モニタリングを行っている霞ヶ浦に生息する淡水魚を対象に、DNA バーコーディング情報の整備した。2011 年から 2015 年にかけて、定置網、もんどり、投網等を用いて、霞ヶ浦および流入河川・周辺水域から魚類を採集した。DNA バーコーディングを効率的に行なうため、Ivanova et al. (2007)⁷⁾ の方法を用いてミトコンドリア DNA の COI 領域の塩基配列を決定した。この方法では、M13 配列が付加された複数のプライマーを用いて PCR を行うため、いずれかのプライマーセットで増幅ができれば、M13 プライマーを用いて PCR 増幅産物の塩基配列を決定することができる。この方法を用いて、外来種、絶滅危惧種を含む在来種の 45 種 (チャネルキャットフィッシュ *Ictalurus punctatus*、アユ *Plecoglossus altivelis altivelis*、ウナギ *Anguilla japonica*、ワカサギ *Hypomesus nipponensis*、ウグイ *Tribolodon hakonensis*、マルタウグイ *Tribolodon brandtii*、カマツカ *Pseudogobio esocinus*、ゼニタナゴ *Acheilognathus typus*、タナゴ *Acheilognathus melanogaster*、アカヒレタビラ *Acheilognathus tabira erythropterus*、オオタナゴ *Acheilognathus macropterus*、タイリクバラタナゴ *Rhodeus ocellatus ocellatus*、カネヒラ *Acheilognathus rhombeus*、ヤリタナゴ *Tanakia lanceolata*、ゲンゴロウブナ *Carassius cuvieri*、ギンブナ *Carassius auratus langsdorfi*、キンブナ *Carassius auratus* sp.2、コイ *Cyprinus carpio*、スゴモロコ *Squalidus chankaensis biwae*、ゼゼラ *Biwia zezera*、タモロコ *Gnathopogon elongatus*、ツチフキ *Abbottina rivularis*、ニゴイ *Hemibarbus barbus*、ビワヒガイ *Sarcocheilichthys variegatus microoculus*、モツゴ *Pseudorasbora parva*、ワタカ *Ischikauia steenackeri*、ハクレン *Hypophthalmichthys molitrix*、ハス *Opsariichthys uncirostris*、クルメサヨリ *Hyporhamphus sajori*、オオクチバス *Micropterus salmoides*、ブルーギル *Lepomis macrochirus*、シラウオ *Salangichthys microdon*、スズキ *Lateolabrax japonicus*、タウナギ *Monopterus albus*、シマドジョウ *Cobitis biwae*、ドジョウ *Misgurnus anguillicaudatus*、ナマズ *Silurus asotus*、アシシロハゼ *Acanthogobius*

lactipes、ウキゴリ *Gymnogobius urotaenia*、ヌマチチブ *Tridentiger brevispinis*、マハゼ *Acanthogobius flavimanus*、トウヨシノボリ *Rhinogobius kurodai*、ボラ *Mugil cephalus*、ミナミメダカ *Oryzias latipes*) の *COI* 配列を決定した。さらに、環境 DNA を用いた既存研究によって、ミトコンドリアの 12S 領域が種の特定に有効であることが示されていることから、45 種の 12S 領域についても塩基配列を決定した。

活用事例として、2011 年に霞ヶ浦でギギ科の不明種が採集された際、DNA バーコーディングによって、コウライギギ (*Pseudobagrus fulvidraco*) と同定され、国内で初めての発見となった。本種は、2016 年 8 月に、環境省の特定外来生物に指定された。

2.1.2.3 環境 DNA 解析

環境 DNA のメタゲノム解析で得られる大量の塩基配列について、多様度を比較する統計的指標を開発した。これらの指標により、環境 DNA 間で塩基配列の多様度の比較ができるほか、環境 DNA 構成する塩基配列の内容の違い、すなわち多様性の内容の比較も行うことが可能となった。環境 DNA による多様性調査において、得られた塩基配列の由来となる生物名を参照する塩基配列データベースの充実度は調査の精度に大きな影響を与える。本指標を用いることで、データベース情報が不足している新規の調査地点においても、多様性の比較が可能となった。

霞ヶ浦における環境 DNA を用いた動物の多様性調査の可能性を検討するため、DNA 抽出方法を比較した。湖水を濾過した濾紙から DNA を抽出する方法を採用し、粒子保持能の異なる 3 種類のガラス繊維濾紙について多様性を比較した。霞ヶ浦の湖水は濾紙が詰まりやすく、一般的に用いられる粒子保持能の濾紙 (ワットマン GF/F、粒子保持能 0.7 μm) では十分量の水を濾過するのに時間がかかる。そのため、粒子保持能が低い濾紙 (GF/D、粒子保持能 2.7 μm) を用いたところ、湖水 250 ml のろ過に要する時間が、大幅に短縮された。さらに、両濾紙から抽出した環境 DNA について、ミトコンドリア *COI* 遺伝子を動物一般に増幅するプライマーにより増幅し、得られた塩基配列の多様度や塩基配列構成を上記の多様性指標により比較したところ、GF/F 濾紙と GF/D 濾紙で有意な差は見られず、環境 DNA による霞ヶ浦の動物多様性調査には、GF/D 濾紙による湖水濾過で十分であることが示された。

霞ヶ浦湖心の湖水から抽出した環境 DNA に対し、動物一般用のプライマーで増幅したミトコンドリア *COI* 遺伝子の塩基配列について、メタゲノム解析を行った。その結果、細菌や藻類、動物プランクトンの他、ユスリカや魚類などの多様な生物由来の塩基配列が検出された。動物プランクトンについては、従来の捕獲・形態同定による手法では検出できなかった種や多様性も検出され、環境 DNA による調査が従来のモニタリングを補完する可能性が示唆された。一方、ユスリカや魚類などの比較的大型の生物については、検出が期待される種の多くが検出されなかった。また、霞ヶ浦においてユスリカとともに主要な底生生物である貧毛類も検出されなかった。採水量が少なかったことも検出力に影響したと考えられるが、今後はデータベースの一層の充実に加え、特に大型生物については動物分類群ごとに検出に適した遺伝子領域や、遺伝子を増幅するプライマーセットの開発や検討が必要であると考えられる。

真核性植物プランクトンを対象としたメタバーコーディング解析にも取り組んだ。2012 年 6 月から 2015 年 6 月までに霞ヶ浦モニタリング St. 9 において得られた湖水 100 ml から DNA 抽出を行った。得られた DNA のうち、2012 年 6 月および 2013 年 1 月のものを用いて、18S rRNA 遺伝子の増幅を 2 セットのプライマーで行った。一つ目は 18S rRNA 遺伝子の V4 領域を含むプライマーセット (545F と 1119R³⁾) で、二つ目は V9 領域を含むプライマーセット (1389F と 1510R⁸⁾) であった。これらを用いて得られたアンプリコンを次世代シーケンサー IonPGM を用いてシーケンスを行った結果、V9 領域を含むプライマーセットの方が多様な配列を取得できることがわかった。そこで、V9 領域を含むプライマーセットを 2012 年 6 月から 2015 年 6 月までに霞ヶ浦モニタリング St. 9 で得られたメタバーコーディング解析に適用した。

2.1.2.4 景観解析と遺伝子解析の統合に関する検討

都市緑地間のチョウのネットワーク構造を推定するため、代表種としてヤマトシジミについて全ゲノム解析により一塩基多型 (SNPs) の探索を行い、生息緑地間の遺伝的距離を算出した。生息地データと遺伝的距離を景観遺伝学の手

法により解析することで、今後、緑地間ネットワーク構造が解明できる見通しを立てた。

引用文献

- 1) 近藤繁生, 平林公男, 岩熊敏夫, 上野隆平 (2001) ユスリカの世界. 培風館, 東京, xii+306 pp.
- 2) Yumoto, K., Kasai, F., & Kawachi, M. (2013) Taxonomic re-examination of Chlamydomonas strains maintained in the NIES-Collection. *J Microbiol Cult Collect*, 29, 1-12.
- 3) Kawachi, M., Kataoka, T., Sato, M., Noël, M. H., Kuwata, A., Demura, M., & Yamaguchi, H. (2016) Application of cryopreservation to genetic analyses of a photosynthetic picoeukaryote community. *Gene*, 576(2), 708-716.
- 4) Nakayama, T., Watanabe, S., Mitsui, K., Uchida, H., & Inouye, I. (1996) The phylogenetic relationship between the Chlamydomonadales and Chlorococcales inferred from 18SrDNA sequence data. *Phycological Research*, 44(1), 47-55.
- 5) Lane, D. J. (1991) 16S/23S rRNA sequencing. *Nucleic acid techniques in bacterial systematics*, 125-175.
- 6) Kumar, S., Stecher, G., & Tamura, K. (2016) MEGA7: Molecular Evolutionary Genetics Analysis version 7.0 for bigger datasets. *Molecular biology and evolution*, msw054.
- 7) Ivanova, NV., Zemlak, TS., Hanner, RH., & Hebert, PD. (2007) Universal primer cocktails for fish DNA barcoding. *Molecular Ecology Notes*, 7, 544-548.
- 8) Amaral-Zettler, L. A., McCliment, E. A., Ducklow, H. W., & Huse, S. M. (2009) A method for studying protistan diversity using massively parallel sequencing of V9 hypervariable regions of small-subunit ribosomal RNA genes. *PLoS One*, 4(7), e6372.

2.2 生物多様性の広域評価およびシナリオ分析による将来予測に関する研究（プロジェクト2）

本プロジェクトでは、日本全国スケールで、土地利用など生物多様性に影響を与える諸要因の空間情報を整備するとともに、生物種の分布や生物多様性指標などの空間情報を含む生物多様性基盤情報の整備を行った。そのうえで、駆動因の変化に対する生物多様性の応答を評価・予測する分布推定モデルの高度化を行った。さらに、生物多様性保全の観点から、効果的・効率的な広域的保全戦略を評価・検討するための汎用的な枠組みや手法を開発し、特に望ましい保護区計画についての検討を行った。

2.2.1 生物多様性情報基盤の整備と分布推定モデルの高度化（サブテーマ1）

生物分布推定の際の最も基本的な駆動因情報である土地利用情報を全国スケールで標準化・整備し公開した。また、空間分布特性に注目した類型化にもとづく生物多様性指標の開発および、広域で生物多様性シナリオ分析や将来予測を行うための生物分布推定モデルを構築するとともに、アジア全域のマメ科植物や鳥類を対象としたケーススタディーを行った。

2.2.1.1 生物分推定用の標準化土地利用基盤の整備

土地利用の変化は、生物多様性の減少を引き起こす主要な駆動要因の一つである。したがって、広域スケールで生物多様性の現状を評価し将来の変化を予測するためには、生物多様性への影響という観点から適切な区分および解像度をもった土地利用情報の整備が欠かせない。しかし、国内に存在する土地利用図は、土地利用区分の偏りや区分の不足などから単独で生物多様性への影響評価に用いるには限界がある。そこで本研究では、生物の分布推定モデルに用いることを念頭に、プロジェクト1と共同で植生図において用いられている群落区分の集約および全国スケールの標準化を行った。

多数ある植生群落を、植生自然度として記録された情報を加味した上で、分布推定に利用しやすいよう50の細分類区分に集約した。また、土地利用分類を階層的に集約することで（中分類17、大分類9）、利用者が目的に応じて適切な分類階層を選べるよう配慮した。さらに、二次林や二次草原など、人間活動との関わりで維持されてきた生態系を土地利用区分の中に組み込んだ。

植生図にもとづいた本土地利用図から算出した全国の農地面積や森林面積は、水田を過大評価したものの既存の土地利用情報と概ね一致しており、妥当性があると考えられた。

本研究で検討された方法で作成された土地利用図は全国スケールで利用可能な地図情報として公開し、広く活用できる体制を整えている（<http://www.nies.go.jp/biology/kiban/lu/>）。今後、本土地利用図は広域的な生物多様性の評価や予測に広く活用されることが期待される。

2.2.1.2 生物の空間分布類型化指標

地球上には多くの種の生物が生息している。これまでに人間が記載したおよそ200万の種類は、地球上の種の一部に過ぎないと考えられている。生物は種により異なった空間分布を示す。また、場所により分布する種は異なる。これらは生物多様性の重要な要素である。

種の分布は、その生理的な性質に依存するとともに、歴史的要因、地理的要因、他種との相互作用などの影響を受けて決まる。そのしくみを明らかにすることは、生態学の重要な課題のひとつである。

200万種の生物が、それぞれまったく異なる空間分布を示しているわけではない。複数の種で繰り返しあらわれる空間分布パターンがあるならば、その背景には共通したメカニズムがあるという仮説を考えることができる。

ところで、生物の種のあいだでは、出現頻度の大きな違いがあることが普通である。きわめて高い頻度で出現する種がある一方で、ごくごく低い頻度・限られた地域でしか生息しない種もある。もし、種の分布密度に関心があるならば、この違いは重要である。いっぽう、分布密度よりも分布範囲に関心があるならば、分布密度に影響されない分布の類似性の指標が必要となる。

本研究課題では、在データの頻度に依存しないあらたな分布の類似性の指標を開発した。あらたな指標 DMD は、分布の非類似度を表すもので、分布点間の平均距離に注目して算出する。2 組の点群が同じ分布規則にしたがうランダム変数であると考えられるなら、点群内の平均距離も点群間の平均距離も期待値は等しいが、分布が異なるのであれば、点群間平均距離は、点群内平均距離と異なると期待される。点群間平均距離を、2 つの点群の群内平均距離のうち小さいもので割った値 DMD は、2 群が異なる分布規則に従う変数であるならば 1 より大きい値を示すと期待される。

人工的に生成したデータを使い、以下の条件のもとで DMD の振る舞いを検証した。

- i) 同じ母集団からとりだした点群 2 つのあいだで求めた DMD のばらつきを範囲を調べた。
- ii) 2 つの点群が同じ大きさの円周内にそれぞれ均一に分布する場合、2 つの円周の距離が大きくなるとともに DMD は大きくなると期待される。2 つの円周の中心間の距離を変えて、DMD の感受性を調べた。
- iii) 中心が同じ円周内にそれぞれ均一に分布する 2 つの点群について、2 つの円周の半径が異なる場合に、DMD がどのように反応するかを調べた。
- iv) 同じ円周内に分布するふたつの点群について、その一方の中心部に同心円状にギャップが存在するとして、DMD の値がそのギャップの大きさに依存してどう変化するかを調べた。

人工データの生成には、R の `runif` 関数を利用した。ひとつの条件設定につき多数回の独立なデータ生成を行った。

2 つの点群の点数が等しい場合、DMD は点数にかかわらず、ほぼ 1 に近い値を示した。また、点の数が多いほどばらつきは小さくなった。ひとつの点群（点群 1）の点数を固定し、他方の点群（点群 2）の点数のみを変えた場合、点群 2 の点数が多いほどばらつきの幅は小さくなり、1.0 に近い値を示した。2 つの点群をそれぞれ囲む円周の中心距離が大きくなるとともに、DMD は大きくなった。半径分の重なりがあっても、ランダムな変動では得られないような大きな DMD の値を示した。さらにふたつの点群の距離が大きくなると、距離に対して線形よりもやや急速に DMD は大きくなった。2 つの点群の分布の中心は一致しているが広がりが違う場合、DMD はふたつの分布範囲の半径の比にほぼ比例して増加した。

同じ円周内に分布する点群のうち一方は、半径が小さい同心円内には点が分布せず、ドーナツ状に点が分布する場合、この中心のギャップ部分の拡大により DMD は大きくなった。しかし、その変化は僅かであり、ギャップの半径が外周円の 8 割、面積にして約 2/3 には点がない場合でも、DMD は 1.2 未満であった。また、点が分布しないギャップが中心からずれた場所に存在する場合、偏りの効果は検出できなかった。

以上の結果から、DMD について、満たすべき基本的な性質を有することが確認できた。同じ分布ルールで生成した 2 群について計算した DMD はほぼ 1 に近い値を示し、DMD は点数に依存して期待値が変わるものではないこと、分布範囲、分布位置が異なるほど大きな値を示すことが確かめられた。

分布域内に不在が集中するギャップの存在に対して DMD の感受性が低いことは、分布の非類似度の指標として有利な点と不利な点がある。分布を調べる調査努力に空間的な粗密があったとしても、DMD に大きく影響しないと見れば、DMD はサンプリングの空間的な偏りに対し頑健な指標であると考えられる。一方で、この感受性の低さは、部分的に不在領域が存在する種と偏在種、あるいは対象エリアの外縁部にのみ分布する種と全域に分布する種の識別能力が低いことも意味する。たとえば島嶼において海岸近くに分布が限定される種と全域に分布する種がこれに相当する。こうしたパターンの分化が存在する可能性が考えられ、それを抽出したいのであれば、辺縁からの距離を加えた 3 次元空間内で点間距離を計算する必要があるだろう。DMD は二次元空間を前提にしたものではなく、必要に応じて次元を変えて距離を計算して解析することが可能である。

DMD を使った生物の分布パターンの類型化を実際のデータで試行した。日本国内には、約 600 種のシダ植物が分布している。「日本のシダ植物図鑑」¹⁾は、アマチュアのシダ植物愛好家も協力して作成した、全 600 種のシダの分布データを掲載している。それぞれの種について、緯度は 2/3 度、経度は 1 度のグリッドシステム（日本ではほぼ 10 km x 10 km に相当）の各区画の分布の有無を読み取ってデジタル化した。このうち、出現区画数が 20 箇所以上の 362 種を対象に、すべての種のペアについて DMD を求めた。得られた DMD を距離行列として、階層クラスタ解析を行った。解析には、統計解析システム R 3.3 の `hclust` を用いた。クラスタリングの方法は Ward 法を用いた。解析結果のうち、4 つ

のグループに分けた結果を図に示す（図 16）。限られた分布域をしめす 5 つのグループ、および比較的広域に分布する 3 つのグループが抽出された。

この結果は、たしかに直感的に類似した分布を示す種群がグループ化されていた。クラスタリングは探索的（exploratory）なデータ解析であり、意味のあるグループを探すための手がかりにすぎないが、その手がかりとして十分に実用的であると考えられる。

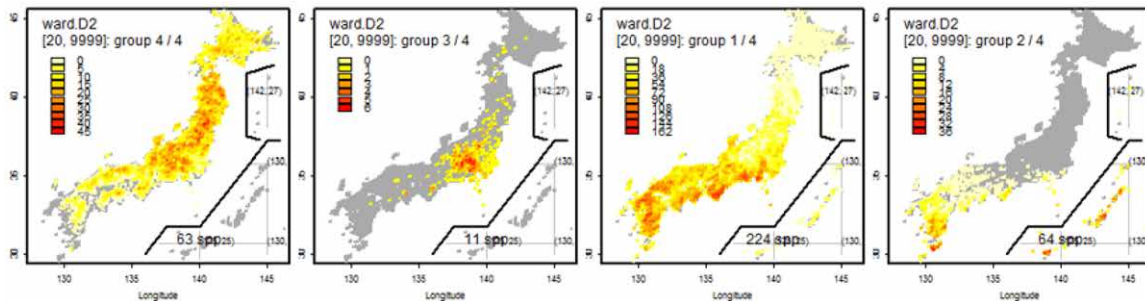


図 16 日本産シダ植物 362 種の分布の類型化

クラスター解析により分類された 4 つのグループそれぞれの種の分布地（2 次メッシュの区画。ほぼ 10 km 四方に相当）を重ねてプロットした。分布種数が多い区画は赤く、少ない区画は薄黄色に着色している。

2.2.1.3 分布推定モデルを活用した広域評価とシナリオ分析

生物種の分布推定モデルを構築することにより、気候変動等の広域的環境変動に対する、生物多様性の応答を個々の種の環境条件への応答の積み上げという形で予測し、地図化することが可能になる。本研究では、太平洋アジア地域におけるマメ科植物を事例に、分布推定モデルによるシナリオ分析の有効性の検討を目的とした。

太平洋アジア地域におけるアジアのマメ科 4 属 (*Dalbergia*, *Mucuna*, *Desmodium*, *Bauhinia*) について、分布推定モデルを利用したホットスポット評価を行った。対象は、マメ科 *Dalbergia* 属 118 種、*Bauhinia* 属 154 種、および *Mucuna* 属 78 種の合計 350 種である。分布推定モデルは在のみデータでの推定精度が高い Maxent²⁾ を用いた。説明変数には、Worldclim website (www.worldclim.org)³⁾ から取得した生物気象情報のうち、互いの相関が低かった Bio01、Bio02、Bio03、Bio05、Bio13、Bio14、Bio15 および、ISRIC-WISE データベース (<http://www.isric.org/data/isric-wise-global-data-set-derived-soil-properties-05-05-degree-grid-ver-30>) から取得した土壌特性のうち CNrt、ELCO、PHAQ、TAWC、TOTC を用いた。標本情報に基づいて分布推定を行う手法により、まず、それぞれの植物種が潜在的に分布可能な気候条件である地域を推定した。分布確率の推定のみでなく、データの一部をサブサンプリングしては分布推定を繰り返し、繰り返しごとのばらつきを求めてモデルの推定精度の指標とした。それぞれの種の分布推定をする際に、移動分散による制限を考慮するため、旧北区・東洋区・オセアニア区・オーストラリア区のうち、すでに分布が知られている生物地理区にのみ分布可能であるという制約を設けて推定を行った。

分析対象とした属の主要な生育地は森林であるので、森林における農業活動・放牧による現在までの人為圧の高さを、FAO の geonetwork で提供されている土地利用データ (LAND USE SYSTEMS OF THE WORLD - EAST ASIA AND PACIFIC, <http://www.fao.org/geonetwork/srv/en/metadata.show?id=37132>) を用いて評価した。気候条件が適しており、かつ森林である範囲を推定潜在分布面積とし、このうち、農業活動・放牧による利用強度が中程度以上の範囲の面積割合を人為圧の強度の指標とした。この方法で得られた推定潜在分布面積と人為圧の強度を用いて、相対絶滅リスク評価を行った。絶滅リスクが特に高いのは、1. もともと分布範囲が狭く、かつ、2. 分布範囲内の人為圧が高い種であると考えられる。推定潜在分布面積と人為圧の散布図を作成し、1 および 2 に該当する領域は相対的に絶滅リスクが高いと判定することとした。在地点データをサブサンプリングして分布推定を繰り返すことにより、推定値の SD も求めた。

さらに、気候変動に関する政府間パネル (IPCC) 第 5 次評価報告書のために用意された代表的濃度パス (RCP) の 4 つのシナリオ (RCP2.5、4.0、6.0、8.4) を用いて、気候変動を考慮した場合の 2050 年のホットスポットの推定と、潜在分布面積の推定値の変化に基づく絶滅リスク評価を行った。2050 年の潜在分布面積の推定は、散布制限がなく自由

に分布拡大できる場合と、散布による分布拡大が全く起きない場合の2通りについて推定を行った。

マメ科4属のうち、分布推定モデルがランダムな推定よりも有意によい推定をしていると統計的に評価されたのは、118種であった。気候変動を考慮した2050年のホットスポットは、いずれのシナリオでも、現在の気候に基づいた推定に比べてあまり位置に変化はなかった(図17)。これは、対象とした東南アジアに生育するマメ科植物は、おもに熱帯に分布しており、気温の上昇幅が小さいためと考えられた。

現在の土地利用による人為圧を受けている面積割合は67%の種で0.8を超えており、過去から現在にわたる人間による土地利用のインパクトが非常に大きいと推定された。気候変動に伴う分布面積の変化については、分布面積が広がるかあまり変化しない種が大半を占め(図18)、もっとも気候変動が大きいと考えられるRCP8.5でも、散布制限がないと仮定した場合、推定された潜在分布可能面積が1割減少する種は16.1%、半減する種は0%であった。分布拡大が全く起こらないと仮定した場合も、潜在分布面積が1割減少する種は22%、半減する種は1種のみ(0.008%)だった。ただし、もともと分布面積の狭い種や温帯域の種では大きく面積が減少する場合があった。4つの気候シナリオ間ではほとんど差が見られなかった。

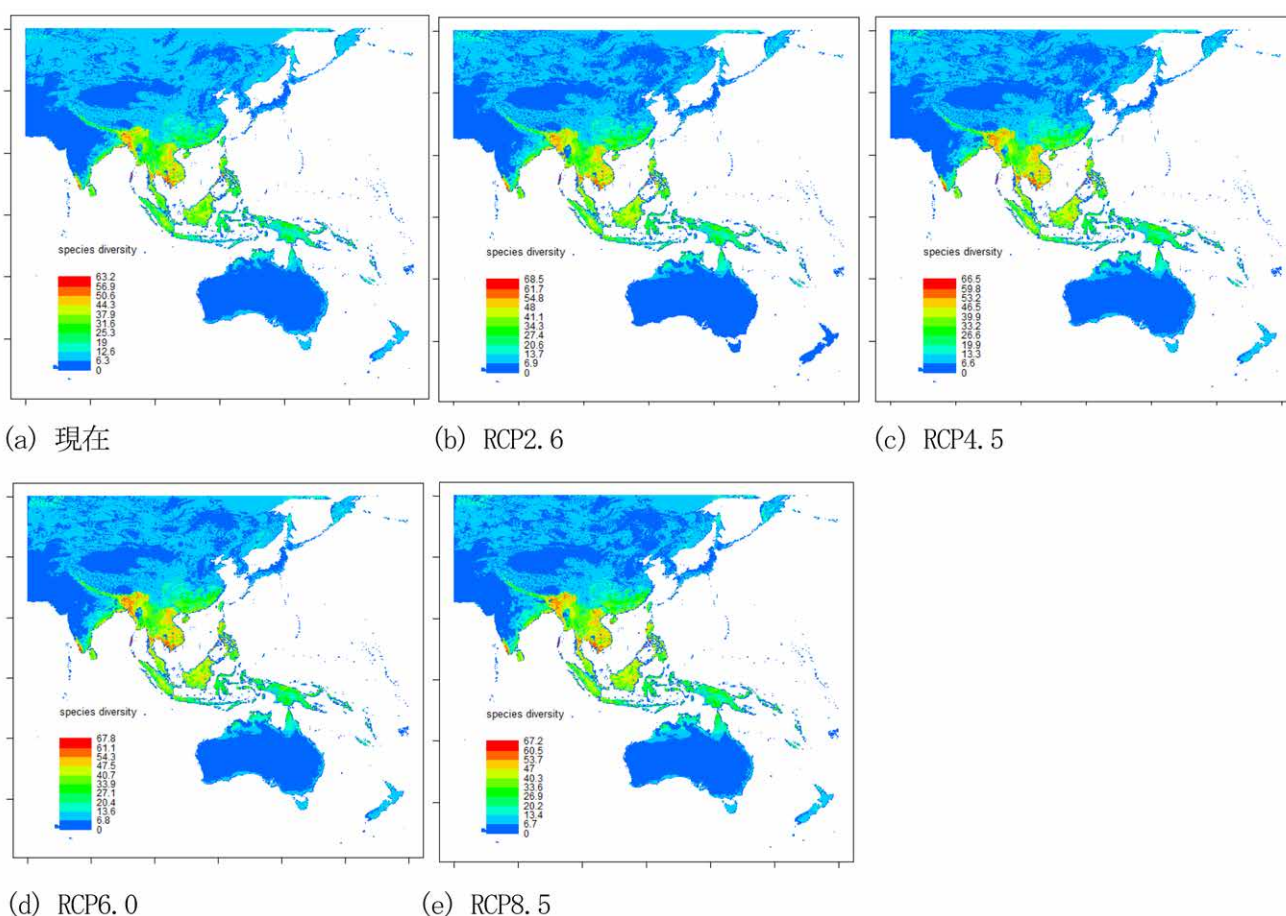


図17 推定されたマメ科4属 (*Dalbergia*、*Mucuna*、*Desmodium*、*Bauhinia*) の合計種数の分布

(a) 現在の気候および (b) RCP2.6、(c) RCP4.5、(d) RCP6.0、(d) RCP8.5の気候シナリオに基づく2050年の分布推定により作成した。RCPシナリオは今後の温室効果ガス濃度の変化経路のシナリオで、数字が大きいほど高い濃度まで上昇することを想定している。

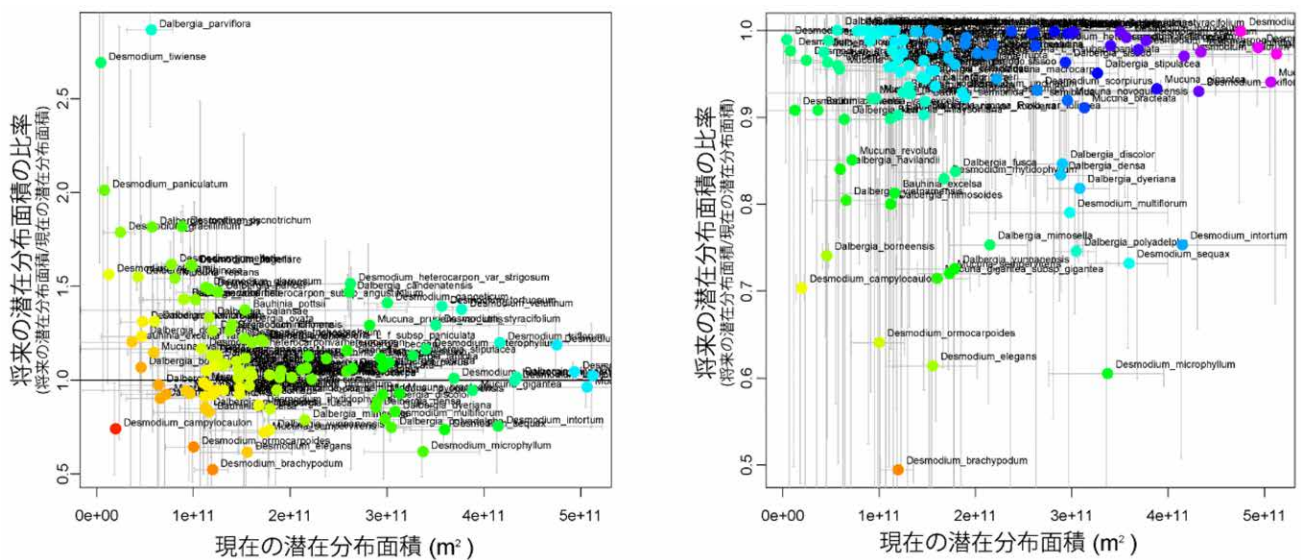


図 18 マメ科 4 属のそれぞれの種についての気候変動による絶滅リスク評価

将来の分布面積は、RCP8.5 のシナリオ下での値を用いた場合、エラーバーは反復推定に基づく SD。図の左下ほど、現在の分布が狭く、かつ将来の分布面積減少率が高いので、絶滅リスクが高いと考えられる。

左：散布制限がない場合、右：散布制限により分布拡大が全く起こらない場合。

2.2.1.4 移動分散制限を考慮した分布推定モデル

気候変動や土地利用の変化などの人為的な環境変化は生物多様性の脅威である^{4,5)}。生物は環境変化に対してその分布域をシフトさせるが、散布制限によりその速度は環境条件から予測される分布適地の変化速度よりも遅いことが多い^{6,7)}。種の分布域のサイズは新たな分布適地への分散と、生息環境の悪化や確率論的な局所個体群の消滅の差によって決まるため、両方のプロセスを明らかにすることが種の分布変化予測には必要である。

多くの生物群の中でも、鳥類は高い割合の種がレッドリストに掲載されており、また世界的に注目度の高い分類群である。鳥類の分散能力に関する比較研究は多く行われているが⁸⁾、個体レベルを対象としているものが多く、分布変化の予測にはつながらないものが多い。実際の分布変化に応用するモデルを構築するには、これまでの分布域の変化から動態パラメータを推定する枠組みが必要である。さらに、それを種の形質により予測できれば、将来的に分布縮小リスクが高い種を簡便に予測することが可能になる。

そこで本研究では、日本における鳥類の分布変化のデータから分散能力と人為的な環境変化に対する種ごとの感受性を推定する。そして、どのような種の形質が分散能力を規定しているのかを明らかにする。

鳥類の分布データとして、第 2 回、第 6 回環境省自然環境保全基礎調査の鳥類繁殖分布調査データを用いた。2 回の調査は、それぞれ 1970 年代、1990 年代に対応する。現地調査データを 2 次メッシュ単位で集計し、各メッシュの存在データとした。なお、繁殖ランク D「姿・声を確認したが、繁殖の可能性は、おそらくない」にカテゴリ化されている記録は、解析データから除外した。第 6 回調査出現地点が 30 種を超えていた 119 種を解析対象とした。

そのデータに対して、ハビタット散布同時モデル^{9,10)}を適用した。この手法は外来生物の分布拡大予測に使われてきた手法であるが、移動分散と場の環境条件に依存した局所個体群の存続/絶滅という生物一般の分布パターン形成にとって基本的なプロセスから構成されるため、複数時点の鳥類の分布変化の説明にも応用可能である。このモデルはメッシュ i 、時点 t における種の出現確率を $z[i,t]$ 、環境条件ベクトルを $X[i,t]$ 、とすると、時点 $t+\Delta$ における出現確率 $p[i,t+\Delta]$ は次のように表わす。

$$z[i,t+\Delta]=p(X[i,t+\Delta])q(z[.,t])$$

ここで、 p は環境条件に依存する局所個体群の存続確率、 q は時点 t における種の分布パターンに依存する散布確

率を意味し、いずれも [0,1] の範囲をとる関数である。 p は一般的な生態ニッチモデルに倣い、ロジスティック回帰式 $\text{logit}(p)=\beta_0+\beta X$ を仮定し、環境要因 X としては、平均気温、降水量、自然林率、二次林率、人工林率、半自然草原率、水田率、畑地率、市街地率、湿地率、水域率、森林-農地境界長。 q は「少なくとも 1 箇所のソース個体群から移入が起る確率」であり、メッシュ ij 間の距離を $D[i,j]$ とすると下記の式で表わされる。

$$q=1-\Pi_i(1-k(D[i,j])z[j,t])$$

ここで、 $k(D[i,j])$ は 1 つのソース個体群からの散布確率曲線であり、 $D[i,j]=0$ (すなわち $i=j$) のときに $k(D[i,j])=1$ になる。本研究では、Fukasawa et al. (2009)⁹⁾ など一般的に用いられている指数散布曲線 $k=\exp(-D[i,j]/\exp(\alpha))$ を仮定した。散布パラメータ α は散布距離が長い種ほど大きな値をとる。また、初期状態の分布確率 $z[j,t]$ は RandomForest により空間について平滑化した 1970 年代の分布確率を与えた。未知のパラメータ α 、 β_0 、 β を最尤法により推定した。

さらに、推定された散布パラメータ α について、ハビタットタイプ (湿地か否か、開放地か否か)、渡り性 (夏鳥、漂鳥、留鳥)、食性 (肉食か雑食か)、繁殖特性 (一腹卵数、抱卵期間、育雛期間、最大年間繁殖回数、重量、繁殖コロニー形成) の効果を明らかにした。推定手法には、系統的距離の効果と α の推定誤差を考慮した重み付き PGLS (Phylogenetic Generalized Least Squares) を用いた。この手法を用いることで、系統的に近縁な種の非独立性に伴う第一種の過誤を抑え、 α の推定の不確実性を考慮することによる検出力の向上が期待できる。

推定された全種の散布確率曲線を図 19 に示した。119 種のうち、111 種のパラメータが推定可能であった。50 % 散布確率で見ると、111 種中 73 種が 20 km 未満であった。形質との関係を推定した結果、湿地性の種はそうでない種に比べて 1.74 倍散布距離が長いことが明らかとなった (95% CI: 1.16-2.63)。また、肉食性の種は雑食性の種に比べ 1.89 倍 (95% CI: 1.26-2.83) 長かった。他にも、抱卵期間、育雛期間、重量、繁殖コロニーの効果はいずれも正であった。飛翔能力に関係すると考えられる渡り性の効果は検出されなかった。湿地性の種や肉食性の種の散布能力の高さは、要求する資源の分布が空間的に不均一であることと関係があると考えられる。散布能力の低い種には、ホオジロ、ウグイス、ヒヨドリのようなごく一般的な種も含まれており、そのような種でも環境変化に対応できず分布を縮小する可能性が高いことがわかった。

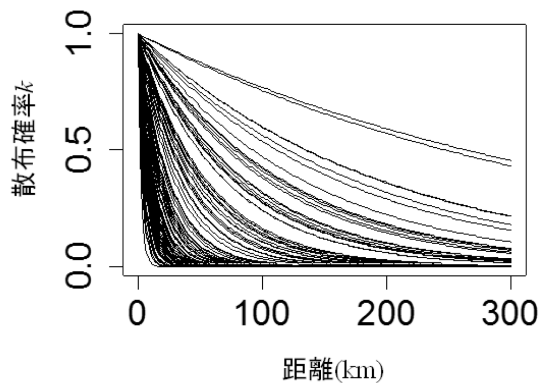


図 19 推定された 1 パッチあたりの散布確率曲線

局所個体群の存続確率に対する環境要因の効果を図 20 に示した。森林-農地境界長が正の効果であった種は、里山景観の荒廃によって分布域が縮小するリスクが高いと考えられる。そのような種の例としては、サンショウクイ、ヒヨドリ、スズメ、カワラヒワ、ゴイサギがあった。また、水田の効果为正の種としてはササゴイ、ダイサギ、コサギ、ゴイサギ、カイツブリなどが多く含まれており、耕作放棄はこれらの種の衰退につながると考えられる。気温の効果は正の種と負の種がともに多く、それぞれ日本の南北に分布している種に対応していた。今後、気温の上昇により種構成の入れ替わりが起こることが予想された。

このモデルを用いることで、将来の環境変動シナリオに対する生物種の分布予測が可能になる。生物分布予測に適した凡例での土地利用シナリオの予測が今後の課題である。

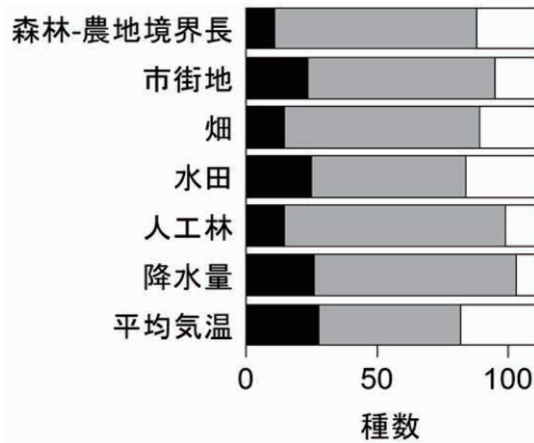


図 20 環境要因の効果の正負割合
 黒：効果が負であった種（95 %信頼区間全体が負）、灰色：明らかな効果が検出されなかった種（95 %信頼区間が0を含む）、白：効果が正であった種（95 %信頼区間全体が正）。

2.2.2 生物多様性の応答予測にもとづいた保全計画（サブテーマ2）

全国スケールにおいて、既存の保護区が絶滅危惧種の保全にどのくらい貢献しているかを定量的に評価するとともに、効果的な保護区ネットワークをつくるための検討を行った。具体的には、絶滅危惧維管束植物を対象に、絶滅リスクを最小化するという観点から効果的な優先保全地域の特定をおこなった。さらに、データに不確実性がある場合、利用可能なデータに制約がある場合等、現実的に生じうる制約のもとでも頑健な保全計画を行うための方法の検討・開発を実施した。また最後に、国・地方自治体が設置する保護区では対応が難しい民有地等で保全を効果的に進めるために、民間保護地域という概念を確立するための検討を行い、複数のステークホルダー参画の下に提言としてまとめた。

2.2.2.1 既存の保護区の評価と絶滅—保護の負のフィードバック

国立公園などの自然保護区（以降、保護区）は、野生生物を人間活動による絶滅から守る上での砦であり、世界中で20万ヶ所以上に設置されている。生物多様性条約の愛知目標11では、生物多様性を保全するために「2020年までに陸域の17%を効果的に管理された保護区とすること」が定められている。保護区には、生物の生息地や個体数の減少を抑制する効果があることが確認されている。しかし、その配置がしばしば景観の美しさや農業などの人間活動を阻害しないことを基準に決定され、守るべき生物の分布が考慮されてこなかったことにより、保護区は必ずしも生物の保全に適した場所に配置されていないという問題が海外でも多数報告されている。さらにこの保護区の配置の偏りや偶然によって、優先的に守るべき分布の狭い種のほうが、保護区により守られていない傾向があることも欧米等で報告されている。

本研究では、生物の分布を考慮せずに保護区を配置すると分布の狭い種は、保護区に含まれにくいために、局所的に絶滅しやすく、分布域が狭くなりやすい。その結果、分布が狭いためにますます新たに設置する保護区に含まれにくくなり絶滅リスクがさらに上がるという「絶滅への悪循環」（図21）が起こる可能性に注目し、日本国内での実態を明らかにすることを目的とした。

このような「絶滅への悪循環」が国内で生じる可能性を検討するため、日本植物分類学会と環境省が、全国約500名の調査員の協力により実施した植物レッドデータブック編集のための調査データ（全国を約10km×10kmに区切り、各格子内の対象とする維管束植物の分布状況を調査したデータ）のうち1572種について、1994-95年と2010-11年の2期間に収集されたデータを用いた統計分析した。

その結果、分布が確認されている10×10km格子が56個以下の植物は、それよりも広域で分布するものと比べて、国立公園の特別保護地区などの国が指定し開発や植物の採取が厳しく制限されている区域（以降、保護区）と分布域が

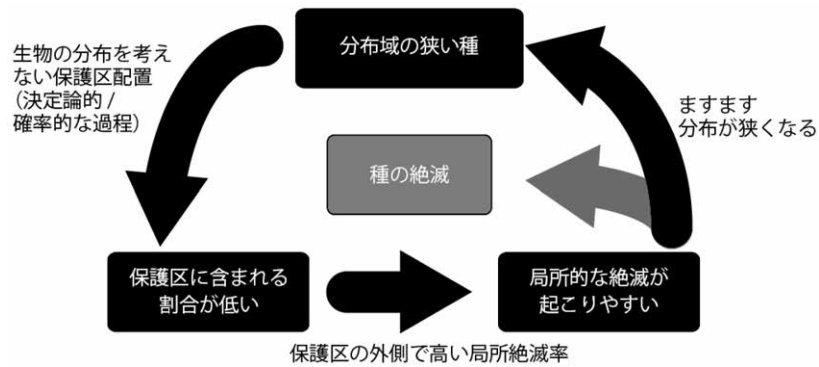


図 21 戦略的な保護区設置がなされない場合に「絶滅への悪循環」が生じるメカニズム

重なる割合が低いことが確認できた。また、少なくとも 250 種の分布が保護区域と全く重ならなかった。次に、保護区の内側と外側で、植物の約 15 年間の局所絶滅する確率を調べたところ、保護区内に生育する植物の局所絶滅のしやすさ (4.9%) は、保護区域外 (8.7%) と比べ少なくとも 2/3 に抑えられることが示された。以上のことから、懸念した「絶滅への悪循環」を生み出すメカニズムが働いていることが確かめられた。

さらに、シミュレーション解析により、この悪循環が生物の分布を考えずに保護区を繰り返し新設することで起こるかを検証した。その結果、生物の分布を考えずに保護区を繰り返し新設すると、分布の広い種は、保護区が新設されることの効果で種が絶滅するリスクは下がるものの、分布域の狭い種では絶滅するリスクが上がり続ける「絶滅への悪循環」に陥ることが確かめられた。

これらのことは、保護区の新設・拡大により生物の絶滅を抑えようとする場合には、保全すべき生物の分布を考慮した計画的な保護区設定が不可欠であることを意味している。

本研究における全国規模の分析により、保全が望まれる絶滅危惧植物中でも、特に分布が狭い植物が危機的な状況にあることが明らかになった。「陸域の 17% を効率的に管理された保護区にする」という愛知目標 11 を単に面積の上での達成に終わらせず、生物多様性の保全という本来の目標に大きく資するものとするには、保護区を新設・拡大する際には戦略的に配置を決めることが求められる。特に分布が狭い植物の多くは、絶滅の恐れが高いと判断されているため、優先的に保全する対策を講じることが期待される。

また、本研究は、保護区が植物の局所絶滅を抑える上で有効であることを世界で初めて実証した研究である。本研究で注目した保護区が有効であることが認められたことは、保全上重要な結果であるといえるが、それでもなお保護区内で 4.9% の確率で 15 年の間に局所絶滅が起きている点には注意が必要である。この保全効果を高めるには、それぞれの植物が置かれている状況を考えて管理内容を決めることが望まれる。

2.2.2.2 絶滅リスクを最小化する保護区計画

人間活動の影響による生物種の絶滅は世界的に深刻な問題である。国際自然保護連合 (IUCN) がまとめているレッドリストによれば、哺乳類の 25%、鳥類の 13.25%、両生類にいたっては、世界の推定総種数約 7044 種のうち、41% もの種が絶滅危惧種となっている¹¹⁾。植物についても同様の危機が進行していると考えられるが、脊椎動物に比べて絶滅リスク (絶滅の危険性) の評価は十分に行われておらず、これまで評価の対象となったのは世界推定総種数のうち 6% 程度と推計されている¹¹⁾。このように、植物への危機の現状を正確に把握することが大きな課題となっている。

生物の絶滅リスクを下げるための手段として、国定・国立公園などの保護区の設置がある。生物多様性条約の愛知目標 11 では、2020 年までに陸域の 17% を保護区とすることが定められている。しかし、絶滅リスクを下げるという観点から、この目標が絶滅危惧種の保全にどれだけ有効なのかを定量的に検討した事例はこれまでなかった。

本研究では、日本のほぼ全域を対象に行われた絶滅危惧維管束植物の 2 回にわたる個体数分布調査データを用い、植物の絶滅リスクの評価を行うと同時に、それらの絶滅リスクを減少させる上での保護区の効果を検証した。

日本植物分類学会と環境省は約 500 名の調査員の協力の下、1994-1995 年と 2003-2004 年に国内のほぼ全域を対象として維管束植物の個体数分布調査を実施した。調査は、全国を約 10 km×10 km に区切った調査区（地域標準 2 次メッシュ：4473 区）ごとに、調査員がメッシュ内の絶滅危惧維管束植物種の個体数を記録した。2 回の調査において個体数の記録が得られたのは 1618 種（亜種を含む）にのぼり、少なくとも 1 種以上の分布が記録された調査区数は 3574 区（全国の約 80 %相当）であった。

本研究では、この調査結果をもとに国内 1618 種の絶滅リスクの定量的な評価を行った。これは植物を対象とし、全国規模で定量的な絶滅リスクの評価を行ったものとしては世界で初めての試みである。絶滅リスクの評価にあたっては、それぞれの調査区において種ごとに記録された 2 つの情報を利用した。一つは、第 2 回調査時（2003-2004 年）の個体数（現存個体数）、もう一つは、2 回の調査の間での個体数の増減（10 年あたりの個体数変化率）である。

記録された個体数変化率が今後も変わらないという仮定をおくと、将来 10 年ごとの個体数は、現存個体数に個体数変化率を繰り返し乗じることで推計できる。本研究では、この計算をすべての種・すべての調査区で行い、種ごとに全調査区での個体数が 1 より小さくなるまでの時間（種の寿命）を推計した。種の寿命が短い種ほど絶滅リスクが高い種であるということが出来る。ただし、実際の推計にあたっては将来の個体数変化率の不確実性を考慮するために、個体数変化率はその場所で記録された値だけに固定せず、(1) 同じ種の異なる調査区の個体数変化率と、(2) 異なる種の同じ調査区での変化率を一定の割合で用いた。

本研究ではさらに、同じデータを用いて、調査区が国立・国定公園に含まれることで、そこに生育する種の個体数の減少がどの程度防止されるかを検討した。

解析の結果、現状の個体数変化傾向が将来まで続いたと仮定して推計した場合、100 年後には 370～561 種の絶滅が起こる可能性があることが示された（図 22）。これは現在の世界全体での維管束植物の絶滅速度の推定値の 2～3 倍に相当する。一方、国立・国定公園に含まれる調査区では、個体数の減少防止確率（個体数が減少するケースのうち、保護区に含まれることで減少が回避される確率）が、公園外を 0 とした場合に、特別地域で 0.22、特別保護地区で 0.62 となることが示された。この結果は、多くの植物の絶滅を回避するためには、保護区の一層の拡充が有効であることを示唆している。

一方で、現状の減少防止確率では、保護区の面積を増やすだけでは絶滅リスクの低減の効果は限定的であることも示された（図 23）。

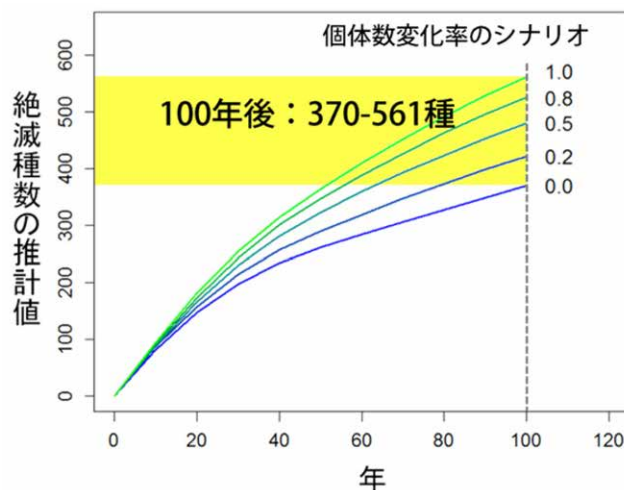


図 22 100 年後までの維管束植物の絶滅種数の予測図

各曲線の数値は各種の個体数変化を 10 年ごとに推計する際に用いた、「種に着目した個体数変化率」と「場所に着目した個体数変化率」の割合を示している。例えば 0.8 は、「種に着目した個体数変化率」8 割、「場所に着目した個体数変化率」2 割を用いて推計したことを示す。

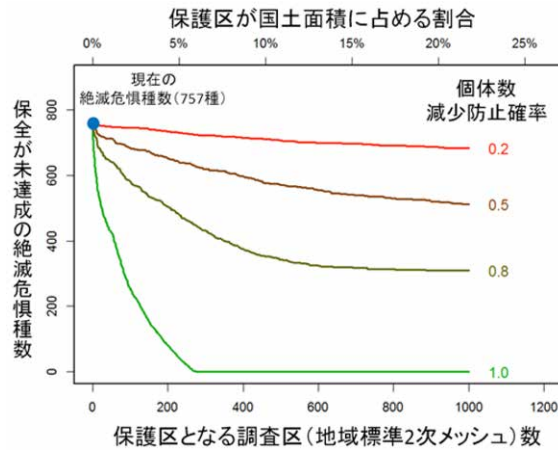


図 23 個体数の減少防止確率ごとの保護区面積と絶滅危惧種の保全達成度との関係図

現時点では 1618 種中 757 種が 100 年以内に絶滅する確率が 0.1 以上と推計された。仮に、これらの種の絶滅リスクを最も効果的に減少させるように場所を選んで保護区を設置した場合に、757 種のうちのどれくらいが十分に保全されず絶滅危惧種として残されるかを計算したところ、保護区の個体数減少防止確率が 1.0 とした場合には、250 調査区（国土面積の約 5.6 %）を保護区にすることですべての絶滅危惧種の保全が達成された。

一方、現状の国立・国定公園の現実的な個体数の減少防止確率（0.2～0.6 程度と推計された）では、たとえ愛知目標 11 に相当する国土面積の 17 %に相当する保護区を設置しても、保全が達成される種は 10～30 %程度に留まった。

2 回の調査において個体数が減少した場合には、その要因について種・調査区ごとに報告がなされている。この報告数（減少した個体群の数）を（a）日本全体、（b）国立・国定公園の特別地域、（c）国立・国定公園の特別保護地区のそれぞれについて、要因ごとに集計した（図 24）。割合の大きな要因は、維管束植物の個体数減少に大きな影響を与え

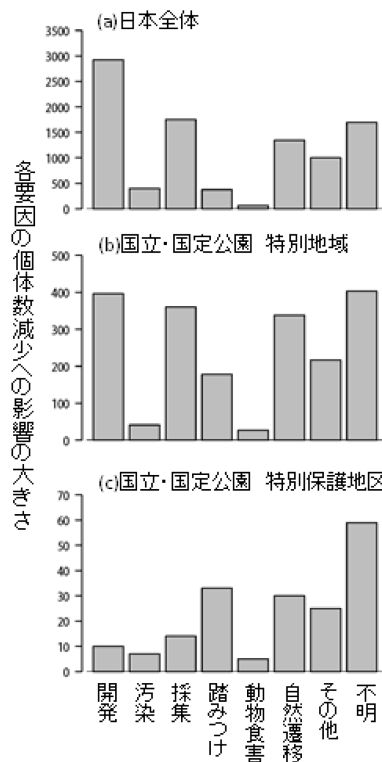


図 24 1994-2004 年の間での全国の維管束植物の個体数減少要因の集計結果
縦軸は、各要因によりどれだけの種で個体数が減少したかを 10km 四方ごとに集計し、合算したもの。

ている要因である。保護区内で個体数減少が続く要因は場所によって様々であった。中でも特に、踏みつけや採集は、保護区を設置しても影響が軽減されない、あるいは悪化する傾向がみられた。

日本全体では、開発が最も影響の大きい個体数減少の要因である一方、国立・国定公園内では、開発の影響は小さくなった。一方で、踏みつけや採集、自然遷移の影響は、国立・国定公園内で改善しないもしくはより大きくなる傾向がみられた。なお、方形の調査区と国立・国定公園の形状は一致しないため、特別地域もしくは特別保護地区が調査区の20%以上の面積を占める場合に、その調査区はそれぞれの保護区に含まれるという基準で集計をおこなった。

今回行った全国規模の定量的な絶滅リスク評価により、維管束植物が危機的な状況に置かれていることが明らかになった。植物の絶滅リスク評価は、世界的にも動物などと比べて立ち遅れており、早急な取り組みの進展と危機の状況の正しい把握が求められている。今回用いた絶滅リスクの評価手法は、市民参加型の広域調査の結果を利用することができる汎用性の高い手法である。このため十分な評価がされないままに急速に生物多様性の喪失が進行している他の地域においても活用されることが期待される。

「陸域の17%を保護区にする」という愛知目標11を単に面積のうえでの達成に終わらせず、生物多様性の保全という本来の目標に大きく資するものとするためには、それぞれでの保護区における保全効果を高めることが重要であることが明らかになった。保全効果の向上のために、今後、それぞれの保護区において、個体数を減少させている要因に応じたきめの細かい管理を実施することが望まれる。

一方で、今回得られた結果は、2回という限られた時間変化の情報にもとづくものであることに注意が必要である。過去10年間に記録された個体数の変化率は、諸条件に応じて将来変化する可能性がある。その場合には、100年後の絶滅種数の推計値も変わる。将来予測をより精度の高いものにしていくためには、今後、個体数分布の現状を把握するための広域調査を継続的に実施する必要がある。

2.2.2.3 不確実性の下での保護区計画

植物レッドデータブックの編集のため、過去1994-1995年と2003-2004年に約1600種の維管束植物の全国調査が行われた。この調査により得られた個体数とその減少率に関するデータをもとに絶滅リスクを定量化することができる。しかし、将来の個体数を正確に予測するために重要である個体数の減少要因などに関する知見が不足していることに加え、温暖化等の要因により、個体数の減少率の傾向が変化することも考えられる。また、保全対策を行った場合に、個体数の減少をどのくらいの割合で防止できるのかについても不確実性が伴う。そのため、個体数の減少率と保全効果に関する不確実性を考慮して保護区を選定することも重要である。個体数の減少率など保全地域の決定の際に必要な情報が不確実性をもつ場合には、情報ギャップ理論によって不確実性に頑健な効果的な意思決定を行うことができる¹²⁾。情報ギャップ理論は、従来のパラメータの最良推定値に基づいて存続種数等の保全目標となる目的関数を最大化・最小化するのではなく、最も大きな不確実性のもとで保全目標を達成することが可能となる対策を導出する。不確実性が存在することはわかっているが、データが十分でない段階では、その不確実性の大きさを推定することは容易ではない。本研究では、情報ギャップ理論を用いて不確実性に頑健な保全地域の選定を行うための手法を開発し、事例研究として千葉県において保全地域の選定に適用した。

本研究では(1)個体数の変化率、(2)保全の効果に関する不確実性を考える。情報ギャップ理論では、不確実性を含むパラメータの最良推定値を設定する。個体数の変化率に関する確率分布の最良推定値は、それぞれの種の各メッシュにおける過去10年間の変化率の頻度分布から求める。また、保全地域は局所個体群の減少防止にある程度寄与するが、それは完全ではない。保全の効果は、保全地域に設定することによって個体数の減少を抑えられた割合で表されるとする。保全の効果は、調査地点ごと・分類群ごとに記録された個体数が減少しなかったか(1)、または減少したか(0)に分類し、調査地の保護区面積との関係を分析することによって求めることができる¹³⁾。個体数の変化率や保全の効果の推定値を求めるための情報が限られている場合、実際の値は最良推定値と大きく異なる可能性がある。不確実性が大きくなるほど、実際の値は最良推定値を中心に大きく異なる値を取り得ると考える。つまり、不確実性が大きくなるほど、個体数が大きく減少し、保全の効果が小さくなる場合があると考える。最良推定値に基づいて保全地域を選定

した場合、絶滅種数を効果的に減少させることができない可能性がある。不確実性に対処するために、情報ギャップ理論を用いて保全地域の選択を行った。

図 25 の例のように、まず保全地域 A と保全地域 B のうち、どちらの保全地域が保全目標の達成のために不確実性に頑健であるかを考える。図 25 の縦軸と横軸はそれぞれ 2055 年の存続する種数の最小値と不確実性の大きさを示している。不確実性が大きくなるほど、個体数が大きく減少し、保全の効果が小さくなる場合が考えられるために、2055 年度の存続する種数の最小値は減少する。次に、保全目標として、ある時点の存続種数を設定する。この存続種数の大きさにより選定される保全地域が異なる。保全目標として、2055 年の存続種数が 95 種以上と 70 種以上とする場合を考える。保全目標が 95 種以上の場合は、保全地域 A の方が、より大きな不確実性のもとで、保全目標を達成することができる。一方で、保全目標が 70 種以上の場合は、保全地域 B の方が、より大きな不確実性のもとで、保全目標を達成することができるため、不確実性に頑健であると言える。データが不足する中では、不確実性の大きささえわからないことが珍しくない。情報ギャップ理論は、不確実性の大きさをあらかじめ仮定することなく、存続種数などを保全目標として設定することで、保全地域を求めることができる¹³⁾。この例では、2 つの保全地域から不確実性に頑健な保全地域を選定したが、実際には多数の保全地域の中から最も大きな不確実性のもとで、保全目標を達成することができる保全地域を選ぶことになる。

事例研究として、10 km 四方のメッシュを保全地域の最小単位とし、千葉県内の 79 メッシュのうち絶滅危惧維管束植物を保全するために、保全を行う 30 メッシュを選定した。2003-2004 年の調査では、千葉県内の絶滅危惧植物の種数は 140 種であった。まず、最良推定値に基づいて 2055 年における存続する種数が最大になるように、保全地域を選択した。次に、情報ギャップ理論により、保全目標として 2055 年においてある一定の種数が存続するように個体数の変化率と保全の効果に関する不確実性に頑健な保全地域を選定した。

最良推定値に基づいて 2055 年における存続する種数が最大になるように、保全地域を選択した結果を図 26 (a) に示す。必ずしもメッシュあたりの存在する種数が多いメッシュが、保全地域として選ばれるわけではなかった。図 26 (a) に示される保全地域は、個体数の変化率や保全効果の最良推定値が真の値であった場合に、最適な保全地域となる。個体数と保全の効果に関する不確実性に頑健な保全地域は図 26 (b) と (c) となる。2055 年に 104 種以上の種数をより大きな不確実性のもとで存続させることを保全目標とした場合は図 26 (b) の赤で示されているメッシュを保全地域として選ぶのが最適となる。一方で、より大きな不確実性のもとで 80 種以上の種数を存続させることを保全目標とした場合の保全地域は図 26 (c) に示されている。保全目標の設定によって、保全すべき保全地域が異なることが明らかになった。ただ、保全上重要な地域は、不確実性をどのように扱うかによらず保全すべき地域として選定されている。

これらの結果は、最良推定値に基づく保全地域と不確実性に頑健な保全地域は異なること、および不確実性を考慮することの重要性を示している。十分なデータに基づいて保全地域を選定することは重要であるが、十分なデータが利用可能になるまで対策を行わないわけにはいかない。本研究による情報ギャップ理論によるデータが不足する中での保全

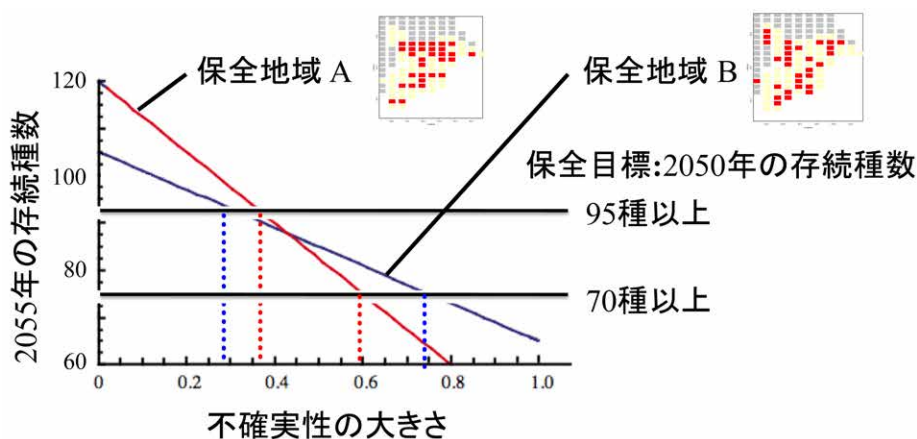


図 25 情報ギャップ理論による保全地域の選定

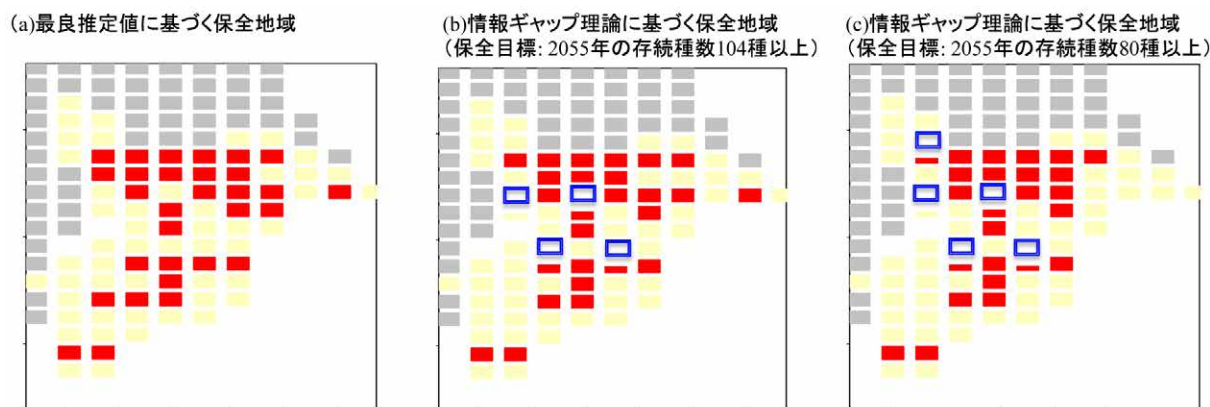


図 26 情報ギャップ理論による保全地域の選定

赤は保全地域に選ばれた2次メッシュを示している。(a)：最良推定値に基づいて存続種数が最大化するように選ばれた保全地域、(b) (c)：情報ギャップ理論に基づき選ばれた保全地域であり、目標とする存続種数がそれぞれ 104 種以上と 80 種以上である。

地域の選定手法は、絶滅危惧種の保全において有用となると考えられる。

2.2.2.4 情報不足下での保護区計画

生物多様性の保全のために、ある地域を保護区として選び、そこでは人間による利用よりも保全の優先度を高めることは広く行われている。生物多様性条約の愛知目標のなかで、陸域の17%を保護区とすることを求めている。ただし、保護区は面積を確保すればよいわけではない。適切な場所を選ぶことが重要である。

保全優先地域を選び出す手法はいろいろ研究されてきた。それらの多くは、保全対象となる生物や生態系の分布情報に基づくものである。保全対象をカバーすること、さらには区間の連結性や、環境の長期的な変化の可能性、また保全コストの空間分布まで考慮した選択アルゴリズムが研究されている。

一般に、保全の対象となるすべての要素について、詳細な分布データが整備されていることは稀である。そこで、保護区選びのベースとなる分布データの不完全性や、データ収集のコストに注目した研究も行われている。それらの研究では、実際の分布データを間引いて情報量を減らしたうえで保護区を選択を行い、その有効性を検討するという手法で行われている。そうしたアプローチでは、それらの研究の結果がどこまで一般性を持つのか、たまたまその研究で使用したデータの性質によるものなのかは明らかにされていない。もしそのデータの特性に依存するのであれば、ある例での結果が他のケースに応用できるのかどうかの判断が難しい。

そこで本研究課題では、生成ルールが既知の人工的な多種分布データを使った解析を行った。さまざまなルールで一部のデータを取り除き、残ったデータにもとづいて保護区を選択して、その保全効果を評価した。以下の間を設定し、保全対象となる希少種の保全効果の評価を行った。

- i) 希少種のデータが一部しか得られていないとき、有効な保護区が作れるか
- ii) 普通種のデータしか得られていないとき、希少種の保全に有効な保護区が作れるか
- iii) 一部の地域のデータしか得られないとき、有効な保護区が作れるか。特に、種多様性に基づく調査対象地の絞り込みは有効か。

群集生成ルールを変えながら実験を行うことで、結果の一般性を確認した。

多種・多区画での生物の分布データを人工的に生成するために、計算機プログラムのパッケージ ComGen を開発した。このパッケージでは、種ごとの出現区画数および区画ごとの出現種数を与え、内部で種の環境依存性をランダムに割り振って、これにしたがって一次元の環境軸上に種の在データを配置するものである。種ごとの出現区画数および区画ごとの出現種数はさまざまな与え方ができる。さまざまな設定で人工群集を生成することにより、保護区選択手法と得られた保護区の保全効率との関係がどこまで一般性を持つのかの検討が可能となる。このパッケージで生成した人工群集データをもとに、なるべく小面積ですべての種を含むように保護区を選択を行った。ただし区画数が多い場合、現実的

な計算時間で厳密に最小面積の解を求めるのは困難なので、近似的な解を求めた。

人工群集データから、さまざまな方法で一部のデータのみを取り出し、これをもとに保護区画群を選択した。さらに、選択された保護区に含まれる希少種の数調べた。部分データの取り出し方は、以下の通りである。

i) 希少種の不完全データを用いた保護区選択

作成した群集データのうち、出現頻度が低い半分を希少種とし、それらの出現データの一部をランダムに取り出した。これは、各調査地での調査努力が十分に避けず、見落としが多く含まれる場合を想定している。このデータをもとに保護区を選択し、そこに含まれる希少種の真の種数を、元のデータセットを参照して調べた。

ii) 普通種の不完全データを用いた保護区選択

出現頻度が高い半分を普通種とし、それらの種の出現データの一部をランダムに取り出した。これは、より同定が容易なことが多い普通種を、希少種保全のための代替指標種として利用する場合を想定している。このデータに含まれる普通種をカバーするように保護区を選択し、そこに含まれる希少種の種数を調べた。

iii) 一部の地域のデータを用いた保護区選択

生成した群集データのうち、ランダムに選んだ一部の区画の中から、そこに含まれる希少種をカバーするように保護区を選択した。また、分布種数が多い区画を優先的に抽出し、そのデータにもとづいて、保護区を選択した。選択した保護区について、そこに含まれる希少種の種数の真の値を調べた。

さまざまな設定で作成した人工群集について、完全データにもとづいて保全対象となる希少種をすべて含むのに必要な保護区を求めたところ、平均の在データ密度が低い（個々の区画の平均分布種数が少ないこと、個々の種の平均分布区画数が少ないこと、いずれとも同値）ほど・希少種と普通種の出現頻度の差が大きいほど、多種をカバーするには多くの面積が必要であった。

i) 希少種の不完全データを用いた保護区選択

完全なデータセットがある場合に比べて、部分的なデータにもとづいて保護区を選んだ場合には、カバーできる種は少なくなった。使用するデータの比率が減るほど、選定される保護区の保全効率は低下した。しかし、20%のみのデータを使った場合でも、ランダムにサイトを選んで保護区とした場合と比べて、はるかによい保護区となった。また、限られたデータに基づくサイト選択でも、保護区的面積が大きい場合には、より多くの希少種がカバーされた。

ii) 普通種の不完全データを用いた保護区選択

普通種のデータは、希少種と比べて、有効な保護区を作るのに有効ではなかった。また、普通種のデータ量を増やしても、保護区の有効性はほとんど改善しなかった。しかし、普通種のみデータであっても、ランダムに選んだ区画を保護区とした場合よりはよい保護区が選択された。特に、その傾向は区画間での種多様性の差が大きい場合に顕著であった。

iii) 一部の地域のデータを用いた保護区選択

全区画中からランダムに取り出した区画の情報に基づいて、それらの区画の中から保護区を選択した場合であっても、全域からランダムに保護区を選び出した場合よりも多くの希少種をカバーする保護区が得られた。種が多様な区画に限定したデータにもとづいて選択した保護区は、データが得られる区画をランダムに選んだ上記の場合よりも、より多くの保全対象種を含むよい保護区であった。特に区画間で種の多様性のばらつきが大きい場合に有効であった。

以上の結果は、不完全なデータであっても、情報がまったくない場合と比べれば十分に有用であること、また、不完全なデータであっても保護区的面積を余裕を持って設定できるなら、多くの希少種をカバーできる可能性が高まることを示している。高精度のデータが入手できるケースはまれである。入手できるデータが不完全であることを想定するならば、面積に余裕を持って保護区を設定することは大きな意味がある。

本研究課題では、パラメータを変えながら人工群集を生成し、それらについて保護区を選択することで、使えるデータと作成される保護区の有効性の関係を明確にすることができた。得られた結果は、保護区設定のための調査・データ収集をデザインするうえで参考となるものである。

2.2.2.5 分布推定モデルと保護区計画

保護区設定は最も代表的な保全手法の1つであり、生物多様性の危機において、保護区選択を適切な方法で行うことは根本的に重要である。保護区選択の際には全ての場所で、すべての生物種についての分布情報があれば理想的だが、現実には調査データには、調査範囲が限られる、地理的に偏っている、生物種の同定の誤りが含まれるなど、様々な制約があることが一般的である。

こうしたデータの制約を考慮して、保護区選択の前にデータに処理を施すことが推奨されている¹⁴⁾。その1つの方法が分布推定モデルである。分布推定モデルとは、生物の分布情報と環境情報に基づいて、生育に適した環境条件を統計的に推定する手法である。分布推定モデルを用いることで、未調査の地域の分布を推定したり、調査範囲のバイアスを解消するなど、データの制約を解消することが期待されている。

しかし、保護区選択を目的としたときに、分布推定モデルによるデータ処理がこれらの制約の解消に本当に役に立つのかは自明ではない。例えば、調査範囲1つをとっても、調査範囲が狭すぎれば分布推定モデルのパラメータがうまく推定できず、役に立たないと考えられる。また、逆に調査範囲が十分に広ければ、分布推定モデルを使う必要はなくなるだろう。

どのような条件下で分布推定モデルが保護区選択に有益であるかを明らかにする必要があるが、そのためには、保護区にどれだけ多くの種を含むことができたか評価する必要があり、正確な生物の分布情報が必要である。現実のデータでは、完全な調査は不可能であるため、シミュレーションで生成した仮想の生物群集の分布データを用いて分析を行った。

分布推定モデルを用いて保護区を選んだ場合と、用いずに調査データをそのまま用いて保護区を選んだ場合とで、どちらがより多くの種を含んだよい保護区を選べるか、条件を変えながら比較を行った。変化させる条件としては、調査範囲の広さ、調査バイアスの大きさ、目標保護区サイズの大さの3点を考慮した。調査範囲とそのバイアスは、最も一般的に起こりうる生データの制約である。目標保護区サイズは保護区選択の結果に最も大きく影響する条件の1つであると考えられる。

データは、生育している・いないという、“在不在”情報が使えるものとし、分布推定モデルには、ロジスティック回帰を用いた。保護区を選ぶ際は、生データに基づく場合も、分布推定モデルに基づく場合も、基本的に相補性に基づいて保護区を選んだ。相補性とは、保護区に含める場所を順次選んでいく際に、新たに加える場所は生育する種の多さではなく、すでに保護区に含まれている場所にいるのとは違う生物種が生育する場所を選ぶことで、保護区全体として含む種数が多くなるようにするという方法である。

分析の結果、分布推定モデルが保護区選択に有益である条件は非常に限られていることが明らかになった(図27)。分布推定モデルの推定結果に基づいて保護区を選んだほうがより多くの種をカバーすることができるのは、1. 調査バイアスが大きく、2. 調査範囲が狭いか中程度で、3. 目標保護区サイズが小さいか中程度の場合に限られた。また、分布推定に基づいて選ばれた保護区は、そのままの調査データに基づいた場合に比べ、含まれる希少種(全範囲で生育場所が20カ所以下の種)の数や割合が少なかった。

分布推定モデルの有用性が非常に限られたのは、2つの特性に起因するものと考えられた。1つは、分布推定モデルは希少種の推定が苦手であるという特性である。相補性に基づく保護区選択では、多くの種が含まれる場所から選ぶよりも、出現する場所が少ない希少種がいる場所から選んでいくことが効率的であることが知られている。従って、相補性に基づく保護区選択では、希少種が確実に分布している場所を把握することが重要であるにもかかわらず、分布推定モデルはそれが不得手であるため、よい保護区を選ぶことに寄与するのが難しいと考えられる。

もう1つの特性は、分布推定モデルは調査範囲内に出現した種の分布しか推定できないことである。これは自明ではあるが、分布推定モデルの保護区選択における有用性が非常に限られたものであることを理解するために大変重要な性質である。分布推定モデルは、環境情報を利用することで、生物の分布の調査情報の不足を補うことが期待されているのだが、あくまでもそれは調査で発見できた種について、調査されていない場所に関する推定値を得られるということに限られる。調査範囲内に出現していない種については何の情報も付加することもできない。つまり、分布推定モデル

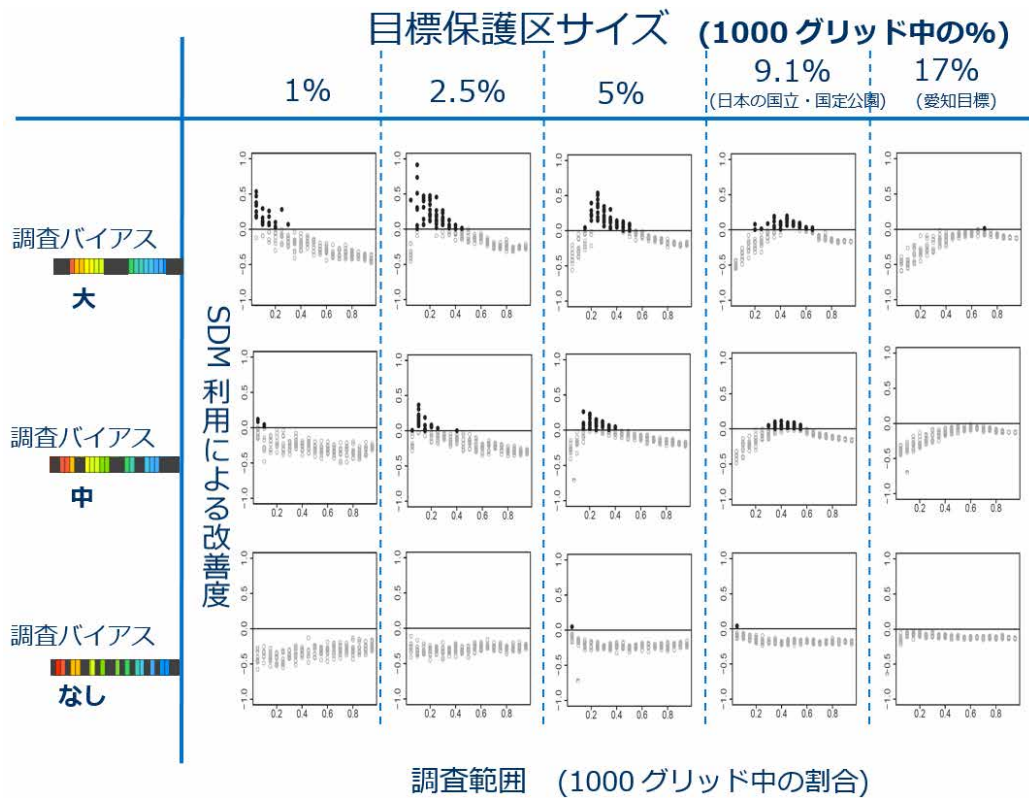


図 27 さまざまな条件のもとでの、分布推定モデル (SDM) の利用による保護区の種保全効率の変化
黒丸は SDM を利用することにより保全効率が上昇するケース、白丸は改善しないケースを示す。

は分布情報のごく限られた側面についてしか情報を補う能力を有していないことを意味している。

気候変動などの将来の環境変化に対する生物の応答を推定するためには分布推定モデルを利用することが避けられないものの、上記のような分布推定モデルの限られた能力を考慮すると、保護区選択における分布推定モデルの使用には非常に慎重になる必要があることが示唆された。

2.2.2.6 民間保護地域の展開

保護地域の設置と管理は生物多様性保全のための最も重要な対策の一つである。生物多様性条約第 10 回締約国会議において採択された愛知目標には、陸域と湖沼・河川などの陸水域で 17%、沿岸域および海域で 10% を保護地域とするという数値目標が掲げられた。自然公園は、日本国内において保護地域としての役割をはたす中心的な存在である。しかし、維管束植物を対象とした評価からは、自然公園の絶滅危惧種の個体数の減少抑止の効果は完全ではないこと、また自然公園も含めた国・地方自治体によって設置・管理されている保護地域と絶滅危惧種の分布との間にはギャップが存在することが明らかにされている。このような状況の下、自然公園のような大規模な既存保護地域の機能を補完しうる、小規模できめ細かな保護区 (民間保護地域) の設置・管理への重要性が高まっている。民間によって維持される保護地域は、国際的にもその重要性が認識されはじめており、国際自然保護連合 (IUCN) が民間保護地域 (Privately Protected Areas; PPAs) という概念を提案している^{15,16)}。しかし、ごく一部の先進的な地域では、民間保護地域が国の保護戦略に組み込まれるなどの取り組みが進んでいるものの、世界全体の民間保護地域の規模は把握されていない¹⁵⁾。そのため IUCN では、民間保護地域の定量的な評価を行うための枠組みの検討が開始されている。

本研究では、複数のステークホルダー参画の下に日本における民間保護地域の在り方について検討し、今後の展開にむけた提言を行うことを目的とした。

「民間保護地域」制度の確立にむけて、国際自然保護連合日本委員会 (IUCN-J)、日本自然保護協会、日本野鳥の会、ラムサールネットワーク・日本、コンサベーション・インターナショナル・ジャパンおよび国立環境研究所が参加する検討会を立ち上げ、議論を進めた。本検討会では、IUCN による定義¹⁶⁾を参照しつつ、下記の条件を満たす地域を民間

保護地域と定義した。

1. 営利、非営利を問わず民間団体等が、
2. 地理的な空間を明確に決め、
3. 宣言・協定その他の手法を通じ、保全・持続可能な利用に資する活動・事業の継続を保障している。

今後の課題は、国内に存在する民間保護区に該当する地域の認証の進め方、および日本の民間保護地域を愛知目標 11 の達成度評価に結びつけるために、世界保護地域データベース (World Database on Protected Areas, <http://www.protectedplanet.net/>) に登録する際の要件の検討である。

検討委員会およびシンポジウム等での議論をもとに下記の提言がまとめられた。

提言 1：民間保護区の枠組みを利用した全国規模の現状評価をすすめる。

この民間保護区の仕組みを活用することで、民間によって維持される保全地域の全国規模の現状評価を進めることができる。特に、検討委員会で検討した民間保護地域の基準とそれにもとづく認証の仕組みを使うことで、客観的・定量的な評価が可能になると考えらえる。一方で、企業が維持する保全地域の場合、保護区の必要条件の一つである「長期継続性の担保」が逆に足かせとなり、認証や登録を避けるケースも起こりうる。より網羅的な評価のためには、民間保護地域の登録を「解除」も含めた規定にするなどの制度の工夫が必要となるだろう。

提言 2：民間による保全活動と保護地域創出・維持の取り組みを促進するため、認証制度を活用するとともに、新たな仕組みづくりをすすめる。

民間による保全活動と保全地域創出・維持の取り組みを促進するため、認証制度を活用するとともに、新たな仕組みづくりをすすめる必要がある。2015 年 9 月より、環境マネジメント規格である ISO14001 の取得要件の改定がなされ、生物多様性配慮事項があらたに設けられることとなった。このような取得要件を、単に画一的な対策でクリアするための事項とせず、真に生物多様性保全に貢献する取り組みの拡大とつなげていくためには、そのための仕組みづくりと具体性・実現性をもったオプションの提案がもっとも重要である。民間保護地域の認証制度化など本稿で示した提案の実現を目指すことが、一つの解決の方向性であるだろう。

引用文献

- 1) 倉田 悟, 中池敏之 (1979-94) 「日本のシダ植物図鑑」 第 1 巻～第 8 巻
- 2) Phillips, S. J., Anderson, R. P. & Schapire, R. E. (2006) Maximum entropy modeling of species geographic distributions. *Ecological Modelling*, 190, 231-259.
- 3) Hijmans, R. J., Cameron, S. E., Parra, J. L., Jones, P. G. & Jarvis, A. (2005) Very high resolution interpolated climate surfaces for global land areas. *International journal of climatology*, 25, 1965-1978.
- 4) Sala, O. E., F. Stuart Chapin, III, J. J. Armesto, E. Berlow, J. Bloomfield, R. Dirzo, E. Huber-Sanwald, L. F. Huenneke, R. B. Jackson, A. Kinzig, R. Leemans, D. M. Lodge, H. A. Mooney, M. N. Oesterheld, N. L. Poff, M. T. Sykes, B. H. Walker, M. Walker, and D. H. Wall (2000) Global Biodiversity Scenarios for the Year 2100. *Science* 287:1770-1774.
- 5) Thomas, C. D., A. Cameron, R. E. Green, M. Bakkenes, L. J. Beaumont, Y. C. Collingham, B. F. N. Erasmus, M. F. de Siqueira, A. Grainger, L. Hannah, L. Hughes, B. Huntley, A. S. van Jaarsveld, G. F. Midgley, L. Miles, M. A. Ortega-Huerta, A. Townsend Peterson, O. L. Phillips, and S. E. Williams (2004) Extinction risk from climate change. *Nature* 427:145-148.
- 6) Hickling, R., D. B. Roy, J. K. Hill, R. Fox, and C. D. Thomas (2006) The distributions of a wide range of taxonomic groups are expanding polewards. *Global Change Biology* 12:450-455.
- 7) Menéndez, R., A. G. Megías, J. K. Hill, B. Braschler, S. G. Willis, Y. Collingham, R. Fox, D. B. Roy, and C. D. Thomas (2006) Species richness changes lag behind climate change.

- 8) Paradis, E., S. R. Baillie, W. J. Sutherland, and R. D. Gregory (1998) Patterns of natal and breeding dispersal in birds. *Journal of Animal Ecology*:518-536.
- 9) Leung, B., and N. E. Mandrak (2007) The risk of establishment of aquatic invasive species: joining invasibility and propagule pressure.
- 10) Fukasawa, K., F. Koike, N. Tanaka, and K. Otsu (2009) Predicting future invasion of an invasive alien tree in a Japanese oceanic island by process-based statistical models using recent distribution maps. *Ecological Research* 24:965-975.
- 11) IUCN (2013) The IUCN Red List of Threatened Species. Version 2013.2. <http://www.iucnredlist.org>
- 12) Ben-Haim Y. (2006) Info-gap decision theory. Elsevier, Amsterdam, The Netherlands.
- 13) Kadoya, T., A. Takenaka, F. Ishihama, T. Fujita, M. Ogawa, T. Katsuyama, Y. Kadono, N. Kawakubo, S. Serizawa, H. Takahashi, M. Takamiya, S. Fujii, H. Matsuda, K. Muneda, M. Yokota, K. Yonekura, and T. Yahara (2014) Crisis of Japanese Vascular Flora Shown By Quantifying Extinction Risks for 1618 Taxa. *PLoS ONE* 9(6): e98954. doi:10.1371/journal.pone.0098954.
- 14) Margules, C., Sarkar, S. & Margules, C. (2007) *Systematic conservation planning*. Cambridge University Press.
- 15) Stolton S. Redford KH. Dudley N. (2014) *The Futures of Privately Protected Areas*. Gland, Switzerland: IUCN
- 16) 国際自然保護連合日本委員会 (2015) 生物多様性保全の新たな潮流～民間保護地域の今とこれから～. 国際自然保護連合日本委員会, 東京, http://bd20.jp/wp-content/uploads/2015/05/ppa_n0622.pdf

2.3 人為的環境攪乱要因の生物多様性影響評価と管理手法に関する研究（プロジェクト3）

COP10で採択されたポスト2010年目標（愛知目標）においては、2020年までに外来生物の制御・根絶、生息地の劣化の抑制、温暖化影響の緩和が目標として掲げられ、同じく、COP/MOP5では遺伝子組換え生物の拡散による生物多様性影響の防止が議定書に盛り込まれている。これらの国際的動向とそれに呼応する国内対策を支援するための具体的データと対策手法を提示することが本プロジェクトの目的である。

生物多様性の減少を招くとされる生物的要因（侵略的外来生物・遺伝子組換え生物）、および物理的要因（温暖化）の影響の実態を解明し、有効な管理施策を検討した。各要因がもたらす地域レベルもしくは広域レベルでの影響を生物多様性と生態系機能の評価軸によって統合的に評価するとともに、外来生物の防除、野生生物感染症の検疫、遺伝子組換え生物の分布拡大阻止、温暖化による植生変化に対する適応策など具体的対策手法を検討した。得られた研究成果を外来生物法、カルタヘナ法および農薬取締法などの関連法規の政策的運用に反映させ、最適な管理計画の実現を目指した。

具体的には以下の3つの課題を推進した。課題1では侵略的外来生物の分布実態の解明および防除手法の開発を進めた。課題2では遺伝子組換え生物による生物多様性影響として組換え体の野生化リスクおよび遺伝子浸透リスクの評価を行った。課題3では温暖化による生物多様性影響評価手法および将来予測手法の開発を行った。

2.3.1 侵略的外来生物による生物多様性影響評価と管理（サブテーマ1）

アルゼンチンアリは、南米原産の特定外来生物で、日本では1993年に広島県で初めて定着が確認され、現在では全国各地で甚大な被害を及ぼしている。これまで世界各地で防除の取り組みが行われているものの、いずれも根絶には至っていない。セイヨウオオマルハナバチは、ハウス栽培植物の授粉に利用され、野外に逃げ出した個体が主に北海道に定着し、在来マルハナバチとの競合や交雑、寄生生物の持込み、植物からの盗蜜行動などの影響を及ぼしている。そのため、市民活動により、成虫を捕獲する防除活動が行われてきたが、未だ分布域の縮小や個体数の減少は報告されておらず、新たな防除手法の開発が求められている。そこで我々は、アルゼンチンアリおよびセイヨウオオマルハナバチを対象とし、化学的防除手法を開発した。また地方環境事務所などと防除ネットワークを構築して防除に関する情報を共有し活用することを目指した。

一方、近年、目に見えない外来生物として野生生物感染症の影響も重要視されている。鳥インフルエンザは野鳥が運搬する病原体であるが、その発生には、アジア大陸における家禽の飼育羽数の増加が関係している可能性があり、人為的な要因が大きく影響するとともに、その生態影響は環境省の管轄となる。また近年世界的な流行によって両生類の大量絶滅が懸念されるツボカビ症のリスク管理も国際的な生物多様性保全の重大テーマとされる。そこで我々はこれらの感染症の侵入ルートの解明および生物多様性に対するリスク評価を行った。

2.3.1.1 アルゼンチンアリの防除手法の開発

2010年にアルゼンチンアリの定着が確認された東京都大田区の2ヶ所（東海、城南島）において薬剤防除を実施した（図28）。薬剤は、フマキラー株式会社製、殺虫成分フィプロニル0.005%を含む「アルゼンチンアリ ウルトラ巣ごと退治」



図28 東京都大田区における防除実施地域

のベイト剤および液剤を用いる。東海の防除区域は 8.5 ha で全域を根絶区、城南島では 16 ha を設定し、そのうち防除効率を算出するために、1 年目は「無処理区」「低薬量処理区」「高薬量処理区」3 つの試験区を 1 ha ずつ設定した。高薬量処理は、道路や建物沿いに 5 m 間隔で薬剤を設置、低薬量処理は 10 m 間隔とした。2 年目以降は、すべての区画で高薬量のベイト剤を投薬した。アリ類・その他の地表徘徊性動物のモニタリングとして、無餌の粘着トラップを区画の周囲に 50 m 間隔で設置した。アルゼンチンアリの影響を調査するため 2013 年度はアルゼンチンアリが侵入していない近隣地域（以降、未侵入区）を設置し、同様にモニタリングを行った。

2014 年度以降は、東京都大田区におけるこれまでの防除試験データを解析し、化学的防除による在来生態系への影響及び回復過程の数理的評価を行った。根絶確認の手法として、数理モデルを用いて根絶確率の算出方法を検討するとともに、粘着トラップと誘引剤を組み合わせる効率的なアリ類の検出方法を開発した。分布拡大防止のための基礎情報として、東京都品川区、神奈川県横浜市、兵庫県神戸市で新たに発見された侵入個体群について、遺伝子解析を行い、侵入経路を推定した。また、自治体主体の防除体制構築のモデルケースを選定し、防除マニュアルに基づく防除計画の設計を行い、提示した。

城南島において、粘着トラップ 1 個あたりのアルゼンチンアリ捕獲数から、試験開始時の 2011 年度 4 月から防除実施後の 8 月にかけてのアルゼンチンアリの密度の変化率を計算した結果、無処理区では 84.61 倍となり、それに対して、低薬量設置区及び高薬量設置区では、いずれも 0.21 倍になった。これらの数値より低薬量設置区及び高薬量設置区の初年度の 4 月から 8 月の防除効率は、いずれも 99.75 % であり、低薬量でも十分に高い効果があることが示された。

防除実施開始から約 3 年間のアリの群集動態を未侵入区と比較した結果、アルゼンチンアリが侵入することで、トビイロシワアリ、クロヤマアリ、ハリブトシリアゲアリ、ケブカアメイロアリ、オオハリアリ等在来種が一時的に減少したが、投薬を中止して 1 年後の 2014 年からこれらの個体数は増加し、2 年後には未侵入区を上回る多様性を示した（図 29）。東海エリア全域では、2013 年以降にアルゼンチンアリが確認されていないため、根絶した可能性が高く、城南エリアでは、限られた場所で数個体が確認されるものの、極めて低密度に抑えられており、根絶間近であると考えられた。

根絶確認の手法については、46 ヶ月分のモニタリングデータを用いて、アルゼンチンアリの各未確認期間に対する次月の再確認率を推定するモデルを開発し、99 % 再確認されないと見られる未確認期間（以下、根絶時間）を決定した（図 30）。その結果、毎月モニタリングを行った場合（図 30a）、根絶時間は、冬季（12～2 月）を除いて 12 ヶ月以

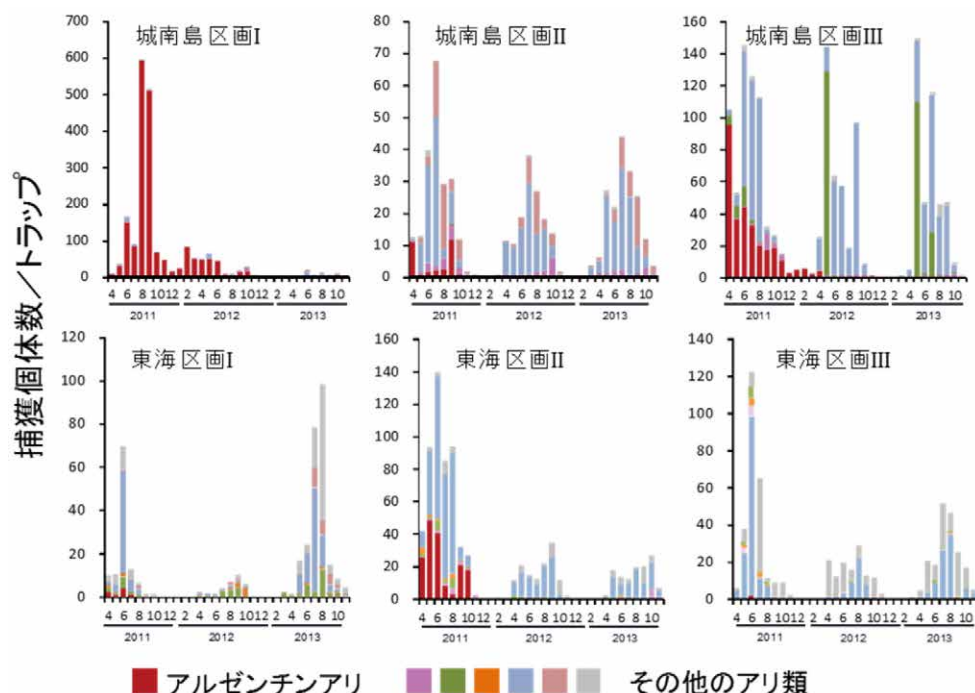


図 29 1 トラップあたりのアリ類の個体数推移

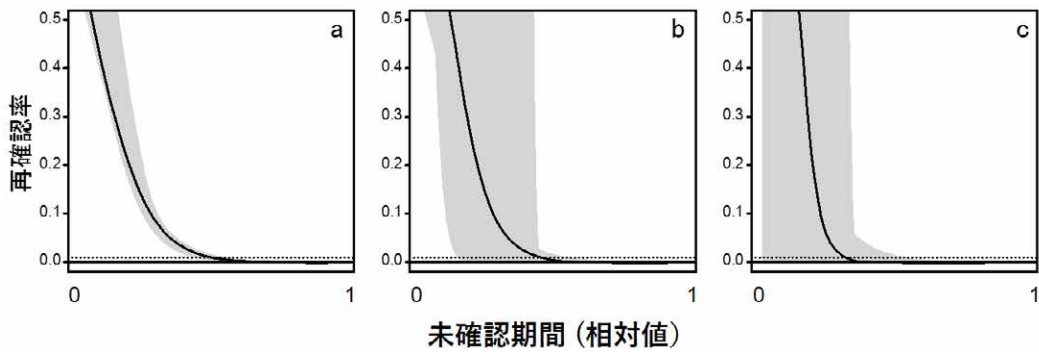


図 30 根絶推定モデル

前月までの未確認期間に対する再確認率を、一般化線形モデルを用いた Bootstrap 法（反復 100000 回）で推定した。モニタリング頻度（a：1 ヶ月、b：2 ヶ月、c：3 ヶ月）により個別に解析を行った。実線は平均、グレー領域は 99 % 信頼区間、破線は、再確認率 1 % の閾値を表す。

上必要であること明らかになった。このことから、東海地区では、アルゼンチンアリはすでに根絶したと考えられる。さらに、2 ヶ月（図 30b）間隔と 3 ヶ月間隔（図 30c）を想定したデータで解析を行ったところ、推定誤差は大きく広がったため、モニタリング頻度を減らすことで検出力が低下するリスクが示された。

2013 年以降、東京都品川区、神奈川県横浜市、兵庫県神戸市の新たな地域で確認された侵入個体群について、*COI-II* および *cytb* 遺伝子領域を解析した。その結果、横浜市と品川区の一部で見られた 2 ハプロタイプは日本において未報告であり、国外から新たに侵入した可能性が高いことが明らかになった。横浜市、静岡市、京都市および岡山市における防除試験データを分析した結果、いずれの地域でも高い防除効果が見られた。これらのデータを元に、次年度以降の防除計画の立案を行った。

2.3.1.2 セイヨウオオマルハナバチの防除手法の開発

北海道野付半島におけるセンサス調査により、セイヨウオオマルハナバチおよび在来マルハナバチの分布状況を把握した。過去の分布データと比較して、セイヨウオオマルハナバチに影響を受けている種を特定し、防除目標を設定した。

また、室内レベルでのコロニー毒性試験法を開発して、有効な脱皮阻害剤（IGR 剤）を選定し、次世代抑制効果を判定した。ミニコロニー試験では、透明なプラスチックケースに蛹繭を台座として設置し、セイヨウオオマルハナバチのワーカーを 5 匹入れ、ワーカー産卵を誘導してミニコロニーを生産させた。ワーカー 1 匹をミニコロニーから取り出して所定の濃度に希釈した IGR 剤薬液に 10 秒間ディッピングして自然乾燥させた後、ミニコロニーに戻し、巣の成長および次世代の羽化数を計測した。

続いて、ハウスレベルのコロニー毒性試験を実施した。セイヨウオオマルハナバチおよびクロマルハナバチの各々の商品コロニーについて、女王（1 匹）およびワーカー 30 匹を残して、成虫を除去し、コロニーサイズを統一した。シロツメクサやコスモスなどの鉢植えを花畑として設置したハウス内に上記の商品コロニーを設置し、2 日間、放置した後、ハウス内に飛翔しているセイヨウオオマルハナバチのみ 10 個体を捕獲して、薬液を散布後、放飼した。その後 3 週間毎日ハウス内に飛翔している個体数を種別・カースト別に計測して、最終日に巣を解剖して巣内の個体数を計測した。

野外試験として、7 月に北海道旭川市内においてセイヨウオオマルハナバチの野生巣を二つ探索して、1 週間にわたってひとつの野生巣から出てくるワーカー全個体に対してエトキサゾール 100 ppm 水溶剤溶液を霧吹きで噴霧して、その後解放した。別の野生巣に対しては、殺虫剤の散布は行わず、対照区（コントロール区）とした。8 月末まで、巣からの出入りするワーカー、新女王、およびオスの個体数を毎日観察し、その後、巣を掘り出して巣内における成虫個体数の計測を行った。また、旭川市役所およびセイヨウオオマルハナバチバスターズ（市民）に対して、化学的防除計画の説明を実施した。

野付半島におけるセンサス調査の結果から、2007 年の調査時よりもセイヨウオオマルハナバチが分布を広げ、かわ

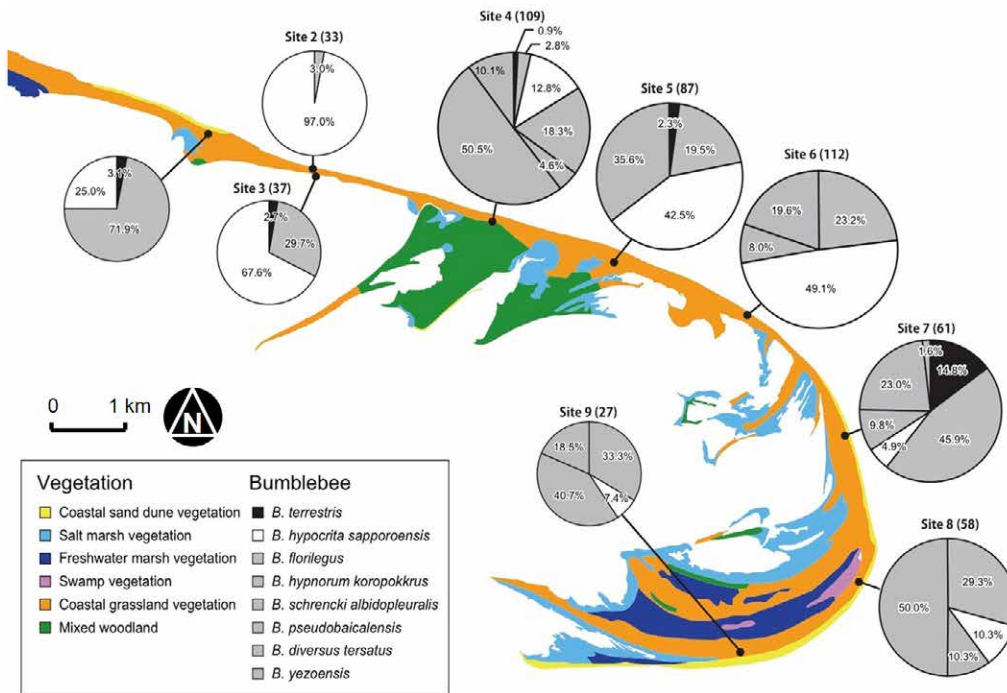


図 31 2007 年の野付半島におけるマルハナバチ類の訪花頻度
 在来種のエゾオオマルハナバチ（白）が高頻度で訪花し、セイヨウオオマルハナバチ（黒）は 1 カ所でのみ高頻度で訪花している。

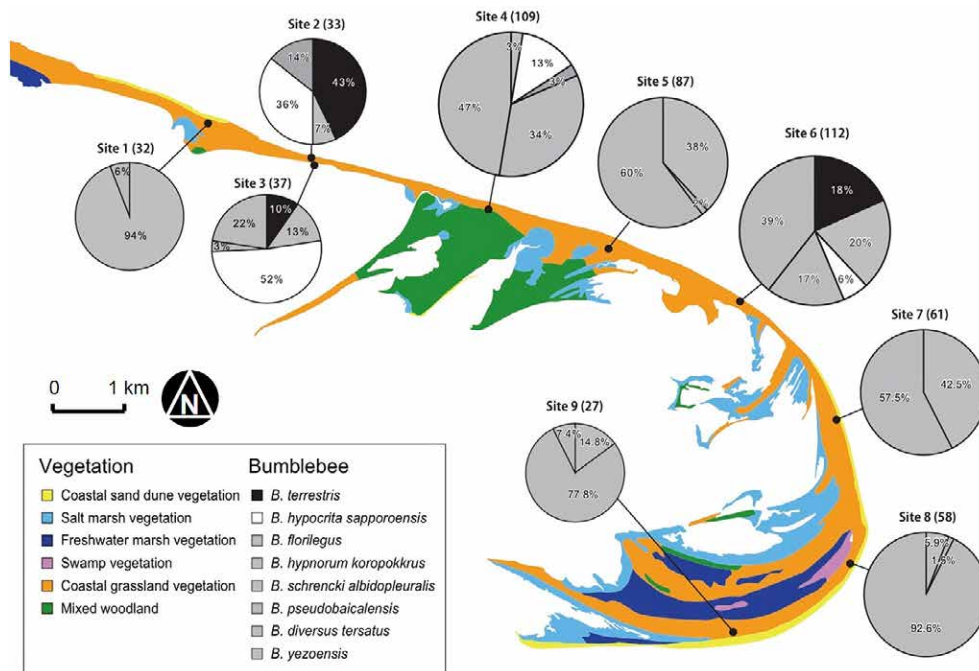


図 32 2011 年の野付半島におけるマルハナバチ類の訪花頻度
 セイヨウオオマルハナバチ（黒）の観察地点と訪花頻度が増加し、エゾオオマルハナバチ（白）の訪花頻度が激減している。

りにエゾオオマルハナバチが減少していることが明らかとなった（図 31、図 32）。この結果から、新防除手法による目標は、本エリアにおけるセイヨウオオマルハナバチの減少とともに、エゾオオマルハナバチの個体数の回復であると考えられた。

室内レベルでのミニコロニー試験による IGR 剤選定において、IGR 剤 A、IGR 剤 B、及び IGR 剤 C 各 100 ppm をワーカー 1 匹に散布した結果、IGR 剤 A で幼虫の死亡数が最も多く、IGR 剤 B で次世代羽化数が最も少なかった。しかし、IGR 剤 B ではワーカーの生存率が最も低かったため、IGR 剤 A をその後の試験に用いた。

IGR 剤 A の有効薬量を決定するため、10 ppm と 100 ppm で効果を比較した。100 ppm 薬剤の暴露を受けたミニコロニーで顕著なコロニー成長の低下と次世代羽化数の低下が認められた（図 33）。

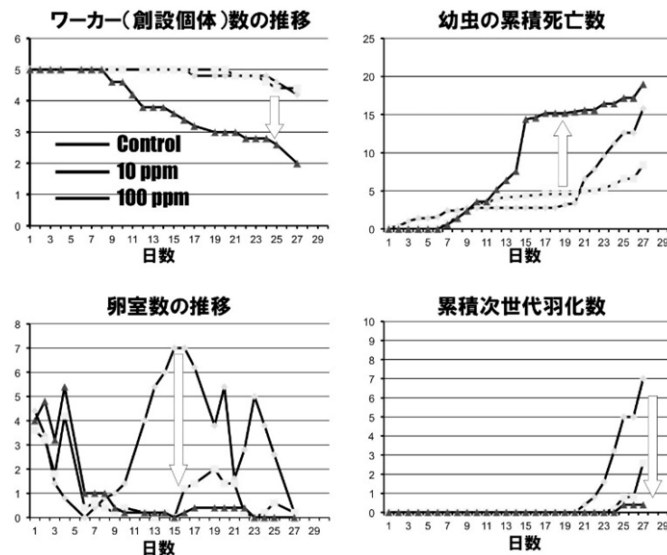


図 33 IGR 剤 A によるミニコロニー影響試験結果。縦軸は平均個体数、横軸は試験開始からの日数を示す。

ハウスレベルのコロニー毒性試験薬剤として IGR 剤 A を用いた。散布後 4 週間の飛翔個体数および 4 週後のコロニー内の個体数データを累積して比較した結果、無処理のクロマルハナバチ・コロニーからは新女王が生産されているのに対して薬剤を散布されたセイヨウオオマルハナバチ・コロニーからは新女王の生産が観察されなかった。このことから、いずれの薬剤についても次世代生産虫である新女王の生産を阻害する効果があることが示された。

野外試験では、旭川市市街において、民家床下および資材置き場にてセイヨウオオマルハナバチの野生巣を 1 巣ずつ発見した。それぞれ 7 月 5 日より巣から出る個体を毎朝 1 時間、巣に戻る個体を夕方 1 時間観察して計測した。民家床下の野生巣に対しては、7 月 18 日から 25 日にかけて、観察時に巣から出て来たワーカー全個体に薬剤を散布して放逐した。その結果、薬剤を処理していない巣については 8 月 14 日から新女王が出入りするようになったが、薬剤処理した巣については、8 月末に巣が生産停止するまで新女王の出入りは観察されなかった（図 34、35）。このことから、エトキサゾール処理によって、次世代生産虫である新女王の生産が阻害されることが示唆された。

旭川市内において、地元のセイヨウオオマルハナバチバスターズ担当者を含む住民に対する防除法説明会を開催した。その結果、2015 年夏より旭川市役所が主体となり市内公園にて野外防除試験を実施する計画が立てられた。

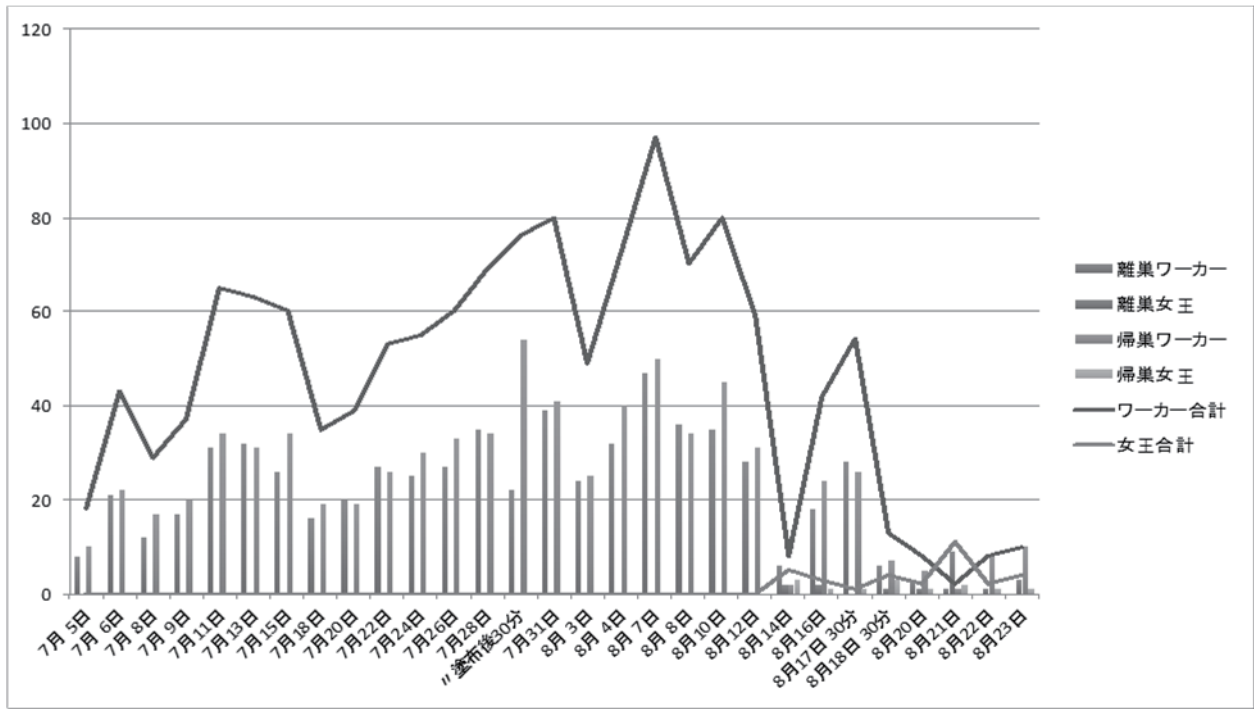


図 34 無処理の野生巣からの出入り個体数の変動

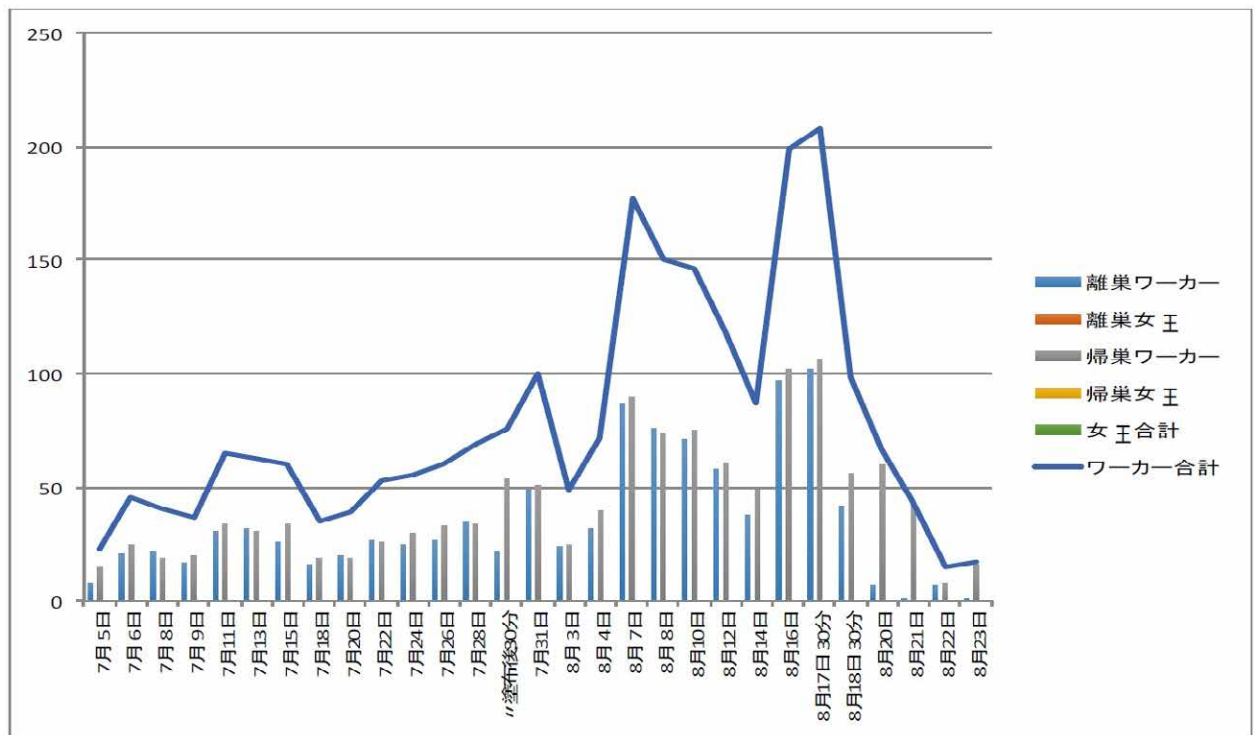


図 35 エトキサゾールを処理した野生巣からの出入り個体数の変動

2.3.1.3 野生生物感染症リスク評価

2.3.1.3.1 国内における鳥インフルエンザウイルスの生態学的特徴の把握

鳥インフルエンザウイルス (Avian Influenza Virus、以下 AIV) はウイルスの表面にあるタンパク質を基準に分類する場合 (H10N7、H3N2、H4N6 等) の他に、ニワトリに感染した場合の死亡率を基準として、高病原性鳥インフルエンザウイルス (Highly Pathogenic Avian Influenza Virus、以下 HPAIV) と低病原性鳥インフルエンザウイルス (Low Pathogenic Avian Influenza Virus、以下 LPAIV) に分類される。HPAIV は野鳥でも感染事例が報告されており、特に 2002 年以降、アジア地域において HPAIV が野鳥から分離される頻度が上昇している。2005 年 5 月には中国の青海湖において大量死 (6,000 羽) した野鳥から HPAIV が分離されている。日本国内においても、2004 年ハシブトガラス (9 個体) から HPAIV が分離されて以降、断続的に野鳥から HPAIV が分離されている。これらの中には、絶滅危惧種も含まれており、HPAIV によって、国内の絶滅危惧種の絶滅リスクが上昇する可能性がある。このように、HPAIV は国内の家禽類への脅威ばかりではなく、国内の生物多様性への脅威となる感染症となっている。このような状況から、AIV の重要な自然宿主で冬季に日本国内へ飛来するあるカモ類の糞便を採取し、AIV の遺伝子が含まれているかどうかのサーベイランスが 2008 年より国立環境研究所において開始された (環境省委託事業)。本研究では、国内における AIV の侵入状況の特徴を把握するため、このサーベイランスの結果を解析した。

最初に、これまで糞や野鳥から AIV 分離された地点の標高や土地利用などの環境条件、カモ類の観察個体数データ等を maximum entropy approach で解析し、国内のどの地域で糞や野鳥から AIV が分離される傾向があるかを推定する分布予測モデルを作成した (図 36)。その結果、植物食のカモ類の個体数が多い地域ほど AIV が分離される傾向が高いという結果が得られた。

次に AIV の遺伝子が含まれていた糞に含まれる鳥類ミトコンドリア DNA 配列を指標に、糞の鳥類種判別を行った。第 3 期中にサーベイランス対象となった糞便サンプルは 10,270 サンプルであった。この中で AIV 遺伝子陽性となった 191 サンプルを対象に鳥類種判別を行ったところ 151 サンプルで鳥類種判別に成功した。その結果、151 サンプル中 87 サンプル (57.6 %) からはマガモ (*Anas platyrhynchos*) あるいはカルガモ (*A. zonorhyncha*) に由来する配列が検出された。

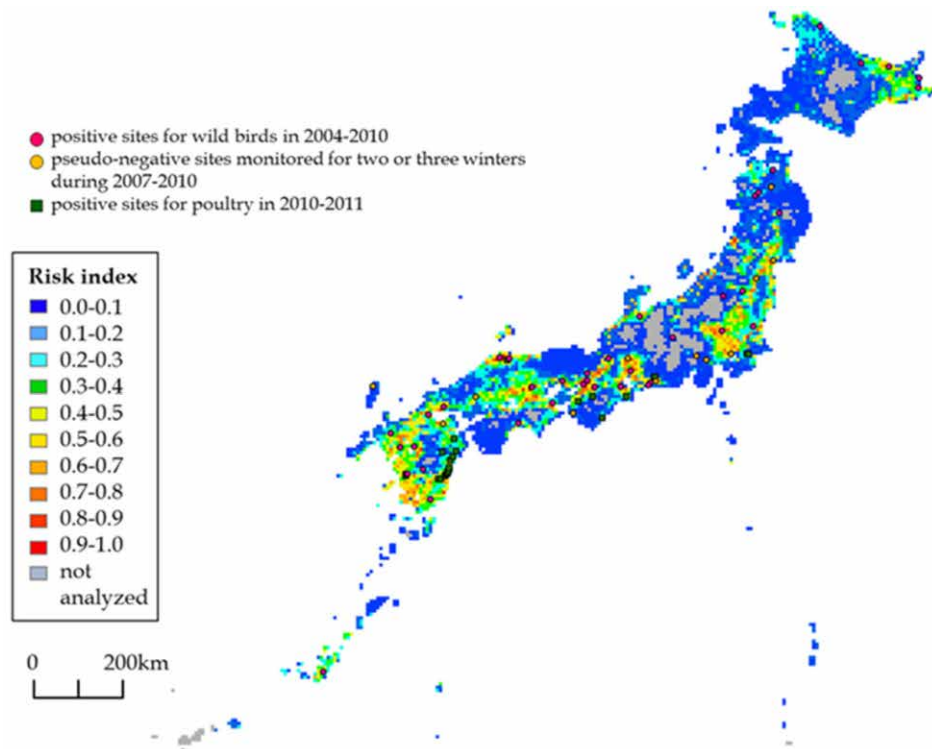


図 36 日本における鳥インフルエンザウイルスの侵入リスクマップ
赤に近いほどリスクが高いことを示す。

環境省が実施するガンカモ類の生息調査 <https://www.biodic.go.jp/gankamo/seikabutu/index.html> によるとマガモの観察個体数はカルガモの約2倍であることやカルガモからのAIV分離事例が国内ではまれであることを考慮すると、87サンプルから検出された配列の多くはマガモ由来であると考えられる。また、38サンプル(25.2%)からはオナガガモ(*A. acuta*)に由来する配列が検出された。したがって、日本国内にウイルスを持ち込んでいるのは主にマガモとオナガガモであると考えられる。

このほか、培養細胞を活用して、国内の希少鳥類を対象にHPAIVの病原性評価を行ったところ、ハヤブサが高リスク種であることが明らかとなった。中部から西日本、特に島根県、愛知県、福井県に分布するハヤブサの死亡状況を監視する体制の構築が優先課題であると考えられる。

2.3.1.3.2 両生類感染症のリスク評価

1980年代よりカエルツボカビ菌という真菌の1種が病原菌となるカエルツボカビ症が世界的に流行して、カエルやサンショウウオなど両生類の多様な種が急激に減少していることが問題になっている。最近、第二のツボカビ病原菌「イモリツボカビ」がヨーロッパで流行し、マダラサラマンドラと呼ばれるヨーロッパの広域分布種に壊滅的な被害を与えていることが明らかとなった。この新興感染症が世界の両生類多様性に及ぼす影響を評価するために、欧米、および日本(国立環境研究所・京都大学)を含むアジアとの共同研究グループが構築された(ベルギー、ポルトガル、イギリス、スイス、スペイン、ドイツ、オランダ、イタリア、USA、日本、ベトナム、オーストラリア)。

我々は、まず、現在のイモリツボカビの地理的な分布を把握するために、ヨーロッパ、アジア、アフリカおよびアメリカ大陸から野生両生類5,391個体分の皮膚綿棒サンプルを採集して、定量PCR法によってDNA鑑定を行った。その結果、感染は有尾目にのみ認められ、さらに、アジアとヨーロッパ産の有尾目からのみイモリツボカビ菌のDNAが検出された。これらの結果を、これまでアジアでは有尾類に病害の報告はないことに対して、ヨーロッパでは深刻な病害の拡散が認められているという事実と照らし合わせると、この菌はアジア地域に永きにわたって生息する固有の生物であり、ヨーロッパには近年になって侵入してきた外来生物ではないかと考えられた。

次に両生類の種ごとのイモリツボカビ菌に対する反応性を明らかにするために、3目35種の両生類(無尾目10種、有尾目24種、および無足目1種)に対して室内での感染実験を行った。ヨーロッパ産の有尾類の多くが「致死性」を示したのに対してアジア産の有尾類は「抵抗性」、「耐性」もしくは「感受性」を示した。「感受性」を示したのはアカハライモリ、アオイモリおよびベトナムコブイモリの3種で、これらの種は感染実験で飼育されていた5ヶ月の間に症状を再発しながら持ちこたえたり、あるいは体表からきれいに菌が消失してしまったりした。野生下における感染状況や菌に対する感受性を考え合わせると、少なくともこの3種がアジアにおける病原巣である可能性が高いと考えられた。

これらアジア産の有尾類が果たしてどのくらい過去からイモリツボカビ菌を保菌していたのかを明らかにするために、まず我々はカエルツボカビとイモリツボカビという同属2種がどの時代に種分化したのかを菌類のDNA情報から推計するとともに、有尾類の「感受性」の進化年代を両生類のDNA系統樹に各両生類種の菌に対する反応性を当てはめて推定した(図37)。その結果、カエルツボカビ菌とイモリツボカビ菌の分岐年代は6,730万年前(95%最高事後密度区間が1億1,530万年前から3,030万年前)と推定された。一方、両生類のDNA系統解析から、アジアのイモリが病原巣として進化したのは新生代の5,500万年~3,400万年前からと考えられ、菌の分化の直後に起こったと考えられた。これらの両生類の祖先は西シベリア海の後退後にアジアに到達しており、アジアが過去3,000万年にわたってイモリツボカビの自然分布域であったと考えられる。また、150年以上前のシリケンイモリの標本からもイモリツボカビが検出されたことからアジア自然分布仮説が支持された。

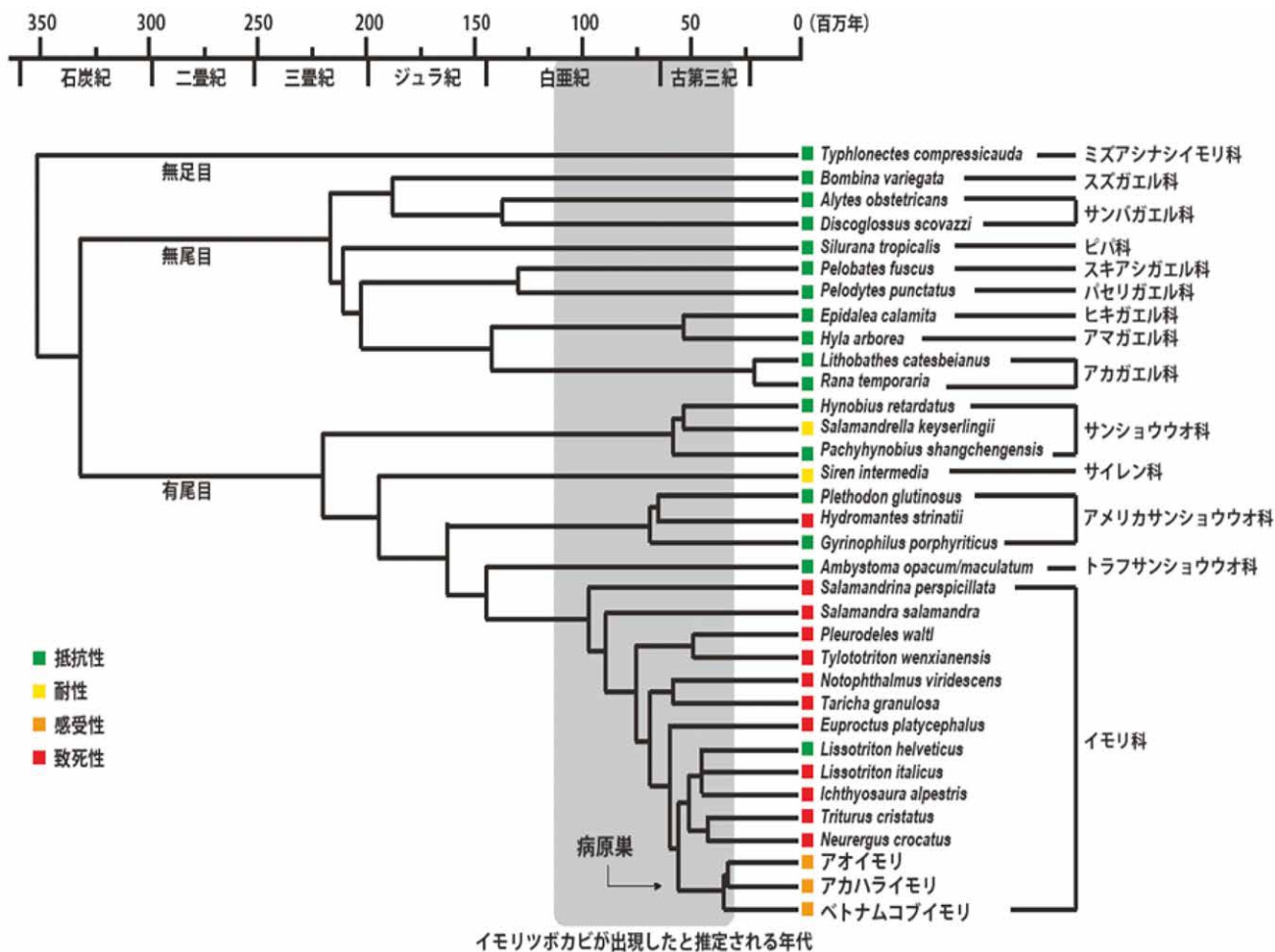


図 37 感受性試験を行った 34 種両生類の DNA 系統樹

種名の前の四角の色は、イモリツボカビ菌に対する各両生類種の反応を表す。「抵抗性」は感染・発症とも認められないもの、「耐性」は感染はするが症状は出ないもの、「感受性」は感染して症状は出るが、死には至らないもの、「致死性」は感染して死亡するもの。グレーのゾーンは、イモリツボカビとカエルツボカビが分岐したと推定される年代を表す。新生代に派生したと考えられるアジア産イモリ類 3 種（アオイモリ、アカハライモリ、およびベトナムコブイモリ）は感受性（オレンジ色）を示しており、病原巣と考えられる。

2.3.2 遺伝子組換え生物による生物多様性影響評価と管理（サブテーマ 2）

近年、日本国内に流通するナタネのうち、キャノーラ油及び油かす生産用ナタネはほぼ 100 % 輸入されたものである。輸入されるナタネの種子は除草剤耐性を付与した遺伝子組換え（GM）セイヨウアブラナであり、輸入時には主に種子の状態が船積みされ、国内の港湾拠点からトラックで各製油所に運搬後、処理される。しかし、トラックでの輸送の際に道路にこぼれおちた除草剤耐性 GM セイヨウアブラナ種子が自生する事例が発見され、さらにその後、交雑によるとみられる雑種が発見されたことにより、花粉による遺伝子流動の可能性が示唆され、生物多様性への影響が注目されるようになった。本サブテーマでは GM セイヨウアブラナが近縁種と交雑するリスクを評価するために、送粉昆虫による GM セイヨウアブラナの花粉流動を明らかにすることを目的とした。具体的には以下の 4 課題に取り組んだ。1) GM 花粉に含まれる除草剤耐性遺伝子を高感度に検出する方法を開発する。2) GM 個体と近縁種が混生する集団とその周辺環境下で昆虫体表に付着した花粉の除草剤耐性遺伝子を検出することを通じて、GM 花粉の拡散距離を推定する。3) セイヨウアブラナの交雑可能近縁種（在来アブラナやカラシナ）が生育している河川敷に侵入した GM セイヨウアブラナと近縁種の空間分布を調べ、GM セイヨウアブラナと近縁種間で実際に雑種形成が起きているのか明らかにする。4) GM セイヨウアブラナの一般環境への侵入経路を推定する。

2.3.2.1 花粉に含まれる除草剤耐性遺伝子検出

GM セイヨウアブラナ中に存在する除草剤耐性遺伝子は微生物に由来しているため、一部の土壌細菌にも存在している。また、花粉はほかの体細胞器官(根・茎・葉など)と比較しても総細胞数も1細胞あたりDNA量も少ない。このため、従来のPCR法で除草剤耐性遺伝子のみを検出しようとした場合、DNA抽出が困難な上、土壌細菌の持つ遺伝子を誤検出することがあり、正確な判断ができなかった。

我々は従来のPCR法を改良し、微量の花粉で、かつ誤検出をなくし、正確に除草剤耐性遺伝子の有無を判断できる改良PCR法を開発した。具体的には、土壌細菌には存在しないGMセイヨウアブラナ特有の領域を増幅できるようにPrimerを設計し、KOD FX Neo(東洋紡)を用い、最適なアニーリング温度でPCRを行うことで植物体細胞中の除草剤耐性遺伝子を検出するだけでなく、生殖細胞(花粉粒10個以上)においても非常に高い検出精度と感度を実現した。花粉を高温でアルカリ処理後、短時間冷却することでDNAを精製しなくても検出可能となった。生殖細胞(花粉10粒)の場合、40サイクルのPCRで十分な増幅結果が認められた。

グリホサート耐性ナタネから採取した花粉では10個以上、グリホシネート耐性ナタネから採取した花粉では1個でもあれば検出できた(図38)。なお、グリホサート耐性遺伝子を検出するにはFMV4とEPSPS17、グリホシネート耐性遺伝子を検出するときはSSU5とPAT15をプライマーとして使用した(表3)。

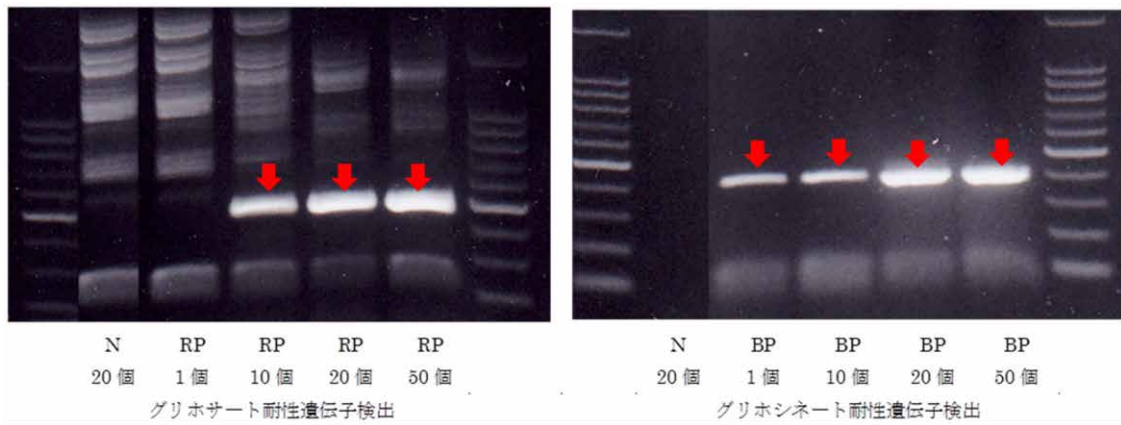


図38 PCRによる除草剤耐性遺伝子の検出

N: 農林16号ナタネから採取した花粉、RP: グリホサート耐性ナタネから採取した花粉、BP: グリホシネート耐性ナタネから採取した花粉。使用したマーカーは100bp DNA Ladder 5.0 μL。

表3 PCRに使用したプライマー

| プライマー | 配列(5' → 3') | GC含量 | Tm値 |
|---------|------------------------------|------|-----|
| FMV4 | CGCGTATTACGAACGCAGTGA | 52% | 58 |
| EPSPS17 | ACTTACGAGCAGTTGCTGGAC | 52% | 58 |
| SSU5 | GGCCGTTACCAAGTAAAATTAACCTCA | 41% | 59 |
| PAT15 | ACCTCGGCGACGAGCCAGGGATAGCGCT | 68% | 71 |

2.3.2.2 GMセイヨウアブラナ侵入地周辺での送粉昆虫によるGM花粉拡散域の調査

除草剤耐性GMセイヨウアブラナが広範囲かつ高密度に分布している雲出川雲出大橋南岸を中心に南北1.5km×東西2kmを100mメッシュに区切り、各メッシュにおいて5分間昆虫採取を実施した。平成24年度は77個体、平成25年度は260個体、平成26年度は288個体、平成27年度は109個体、合計734個体採取した。これらの昆虫の体表に付着していた花粉について除草剤耐性遺伝子の有無を分析した結果、平成24年度は3個体、平成25年度は55個体、平成26年度は18個体(図39)、平成27年度は4個体で合計80個体の昆虫からGMセイヨウアブラナの花粉が検出された。これらの昆虫の中にはGMセイヨウアブラナ高密度分布域(雲出川雲出大橋南岸直下の河川敷)から1,000m以上離れた地点で採取されたものもあった。以上のことから、過去において圃場試験で示された、「GMセイヨウアブラ



図 39 平成 26 年度の GM 花粉が付着した昆虫の採取地点 (青丸)
 16 地点で採取した 18 個体で検出された (2 個体で検出された地点が 2 カ所)。図右上の 250 番の地点は図中央の雲出大橋南岸から最も遠い検出地点。

ナと近縁種との交雑防止に必要な隔離距離」とほぼ同じ距離まで昆虫が GM セイヨウアブラナの花粉を運んでいることが明らかとなった。なお、本研究は自然環境における GM 植物の昆虫による送粉距離の最初の報告である。

2.3.2.3 雲出大橋南岸河川敷における GM セイヨウアブラナの空間分布

除草剤耐性 GM セイヨウアブラナが広範囲かつ高密度に分布している雲出川雲出大橋直下の河川敷において 35 m × 50 m の方形区を設定し、方形区内に生育しているセイヨウアブラナ、カラシナおよび在来アブラナの位置を記録した。セイヨウアブラナおよび在来アブラナの葉を採取し、免疫クロマトグラフィーにより除草剤耐性遺伝子の有無を調べた結果、平成 25 年度は 175 個体のセイヨウアブラナのうち 60 個体が GM セイヨウアブラナであった (図 40)。平成 26 年度は 54 個体のセイヨウアブラナのうち 22 個体が GM セイヨウアブラナであった。調査した 2 年間で近縁種からは除草剤耐性タンパク質は検出できなかったことから、GM セイヨウアブラナとの種間交雑は起こっていないと推定された。平成 25 年度、26 年度とも方形区内のセイヨウアブラナは、橋の中央分離帯に沿って分布しており、方形区内に橋より雨水が落下した痕跡が残っていることから、橋上でこぼれ落ちた GM セイヨウアブラナの種子が、雨水とともに

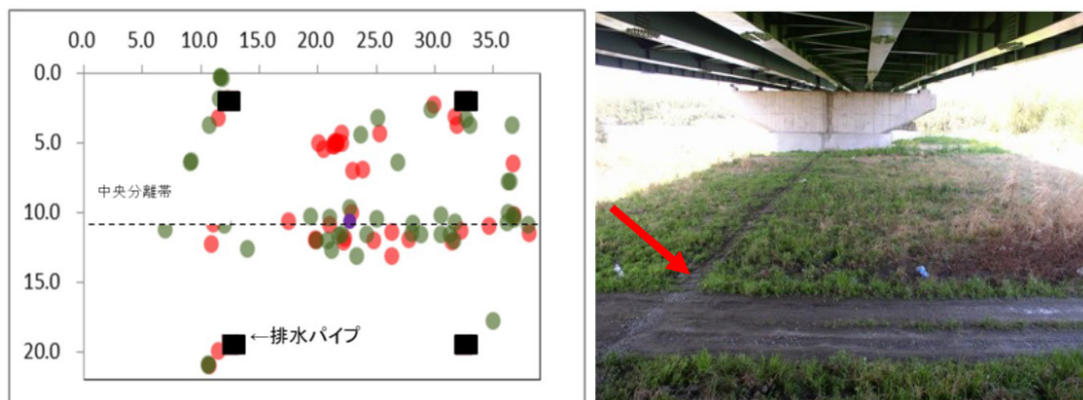


図 40 平成 25 年度の雲出大橋南岸河川敷直下における GM セイヨウアブラナの空間分布
 赤丸：グリホサート耐性個体、緑丸：グルホシネート耐性個体。紫丸：両剤耐性個体。写真は方形区内の様子。赤矢印で示したところが中央分離帯に沿った雨水の流出跡 (図中の点線) を示す。

に河川敷に落下して発芽・生育したものと推定された。以上のことから、道路上の雨水を適正に処理することにより、GM セイヨウアブラナの河川敷への侵入を阻止することが可能となると推定された。

2.3.3 温暖化による生物多様性影響評価と管理（サブテーマ3）

大気中の二酸化炭素の増加は、地球温暖化に伴う気温や海水温上昇とともに、二酸化炭素が海水に溶け込んで海水が酸性化する「海洋酸性化」を引き起こす。生物多様性条約第10回締約国会議で採択された愛知目標で、サンゴ礁生態系は海水温上昇や海洋酸性化に対して脆弱な生態系であるとされ、その健全性を維持することが必要とされている。また、サンゴ礁生態系だけでなく、海藻藻場に関しても磯焼けなど気候変動が関係すると考えられる変化が起こりつつある。低緯度から高緯度まで南北に長い日本では、緯度に沿った生物分布の変化が見られ、気候変動の影響を受けやすく、影響の観測と予測のモデルケースとなることが期待される。本研究においては、サンゴと大型海藻を対象に、気候変動にともなう将来の変化を予測し、対策について検討する。

気候変動に伴う気温の上昇速度は標高の高いところでは速い。温暖化が陸域生態系に及ぼす影響を早期検出するため、高山生態系の温暖化とそれに対する生態系の変化を把握する必要がある。青海・チベット高原は、平均標高が4000 mを超え、標高5000 mを超えても豊かな生態系が発達している。気温の上昇に伴い、植物が高標高に分布することも予想されている。このユニークな生態系を利用して、陸域生態系の温暖化とその影響の早期検出と早期予測が期待される。本研究の主な目的は、多様な気候と生態系を持つアジア陸域において、温暖化影響を強く受け、その影響を敏感に検出できる高山生態系に着目し、生態系の物理環境、構造・機能及び生物多様性に関する長期観測を行い、植物の季節相と多様性を重視した温暖化影響に関する包括的評価すること、さらに全球地球観測システムなどに対して、生態系の温暖化影響の長期観測方法、観測データを提供し、陸域生態系の温暖化影響の把握と予測を目指し、生態系の環境保全・生物多様性の保護に貢献することである。

2.3.3.1 サンゴの分布変化予測

炭素循環を含む気候モデルによって出力された海水温及びアラゴナイト飽和度のデータとサンゴ分布の北限に関する簡易指標を用いて、海水温上昇（サンゴ分布の北上とサンゴの白化現象をもたらす）と海洋酸性化に伴うアラゴナイト飽和度の低下（サンゴの石灰化能力の低下・阻害をもたらす）による将来の日本近海の潜在的なサンゴ分布可能域を予測した。熱帯・亜熱帯性のサンゴと温帯性のサンゴについて、それぞれの分布可能域に関する指標を、現在の分布や過去の研究例に基づいて設定した。サンゴの分布域の指標は、現在のサンゴ分布北限である新潟県佐渡島での最寒月水温10℃とアラゴナイト飽和度2.3を用いた。これらの指標と、このままのペースで二酸化炭素を排出するシナリオ（SRES A2シナリオ）と低炭素社会を実現するシナリオ（SRES B1シナリオ）のもとでの海水温とアラゴナイト飽和度予測値を用いて将来的なサンゴ分布可能域を予測した。

A2シナリオでは、地球温暖化による海水温上昇によってサンゴ分布可能域が高緯度側へ拡大する速度より、海洋酸性化によって低緯度側へ縮小する速度の方がはるかに大きく、海水温上昇によるサンゴ分布可能域の北上は海洋酸性化に伴うアラゴナイト飽和度の低下によって抑制されると予測された。さらに、今世紀後半には海水温上昇によって白化現象が起こる海域が高緯度側へ拡大すると予測された。すなわち、日本近海のサンゴの分布可能域は、海洋酸性化に伴う低アラゴナイト飽和度域の低緯度側への拡大と高水温による白化域の高緯度側への拡大に挟まれるため大幅に縮小する。このように、将来の日本近海はサンゴにとって極めて厳しい生息環境になり、サンゴがこうした変化に適応できなければ、今世紀中に日本近海において生息可能な海域が無くなってしまうと予測された（図41左）。一方、B1シナリオにおいては、海洋酸性化の影響は本州付近に限定され、また海水温上昇による白化現象は起こらず、琉球列島ではサンゴが生息可能と予測された（図41右）。

本研究は、このままのペースで二酸化炭素排出が継続されるA2シナリオの下では日本近海において海水温上昇と海洋酸性化により、今世紀中にサンゴが生息可能な海域が無くなっていくことを警告する一方、二酸化炭素の排出を抑制することによりサンゴ生息可能海域が保たれることを示し、二酸化炭素排出削減の根拠と必要性を示すものである。

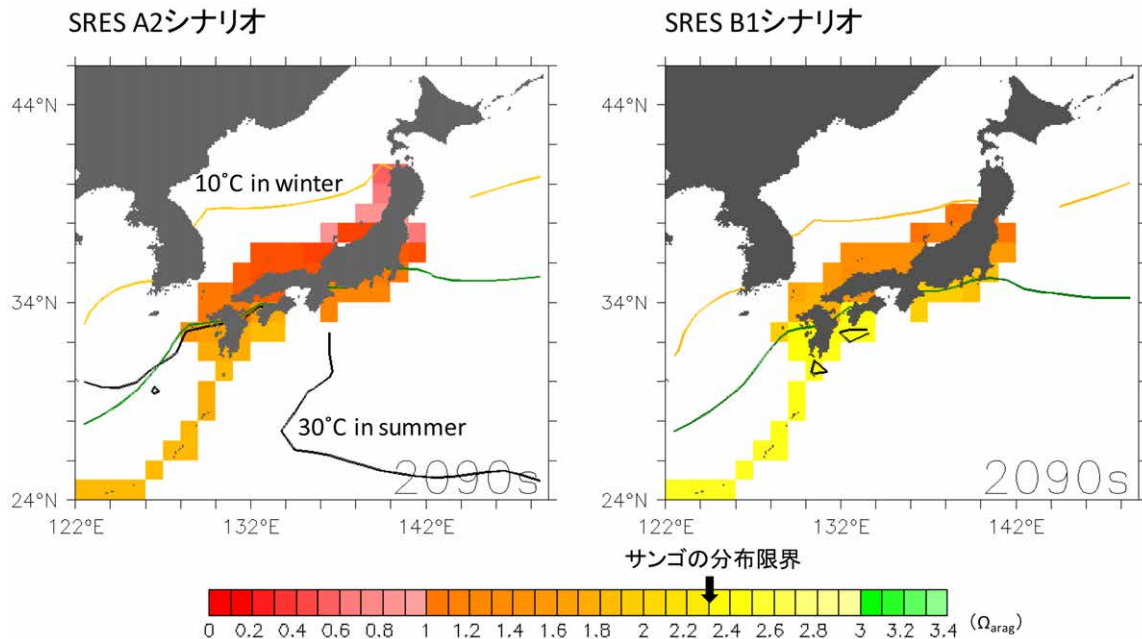


図 41 左: A2 シナリオにおける 2090 年代の水溫とアラゴナイト飽和度
 右: B1 シナリオにおける 2090 年代の水溫とアラゴナイト飽和度

2.3.3.2 大型藻類の分布変化予測

IPCC 第 5 次評価報告書 (IPCC AR5) のために実施された第 5 次結合モデル相互比較プロジェクト (CMIP5) の気候モデルによって計算された海面水溫と、大型海藻であるカジメの現在の分布、カジメを食害する魚アイゴの活性に関する簡易指標を用い、高水溫とアイゴの食害を考慮した日本近海の潜在的なカジメ分布可能域を予測した。カジメ分布域の指標としては最暖月水溫 28℃で生育が妨げられるとし、アイゴの活性に関しては最寒月水溫 15℃以下で食害が発生しないとした。これらの指標と、IPCC AR5 で使用される温暖化シナリオに基づく近未来予測実験のシナリオ (RCP8.5、RCP6.0、RCP4.5、RCP2.6) のもとでの将来の水溫出力結果に基づいて将来的なカジメ分布可能域を予測した。

RCP8.5 シナリオでは、本州の北方のみにカジメ分布域が制限されるのに対し、RCP2.6 シナリオでは現在とほぼ同様の分布域が保たれる (図 42)。海域は 1) 高水溫とアイゴの食害により磯焼けが起こる (分布不可能な) 海域、2) アイゴの食害は限定的だが高水溫により磯焼けが起こる海域、3) 水溫では分布可能であるがアイゴの食害により磯焼けが起こる海域、4) 水溫では分布可能で、アイゴの食害が限定的でカジメの生育が可能な海域の 4 つに区分され、その各シナリオにおける分布が明らかになった。これらの海域のうち、3) はアイゴの除去によりカジメの生育が保全されることを示し、気候変動の適応計画に貢献する成果を得ることができた。

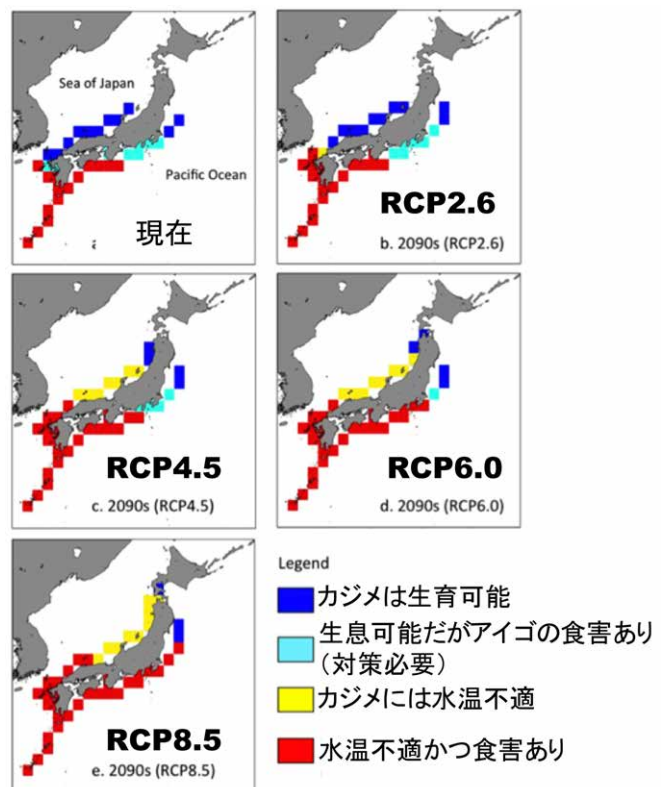


図 42 各シナリオにおける 2090 年代のカジメ分布域

2.3.3.3 異なる標高における植物種個体群サイズの変化

気温の上昇に伴い、植物の分布も高標高に移動することが予想されているが、高山植物には多年生が多く、植物の移動速度を短期間で把握することは難しい。そこで、チベット高原の中部地域の当雄において長期モニタリングを行っている。チベット高原の異なる標高において2007年から2014年の間に観察した草原植物のフェノロジーと個体群のサイズを解析した結果、種によって異なる変動パターンを見出した。どの標高でも個体群サイズが縮小した種 (*Androsace tapete*) もあれば、ほぼ変化しない種 (*Kobresia pygmae*) もあった (図43)。

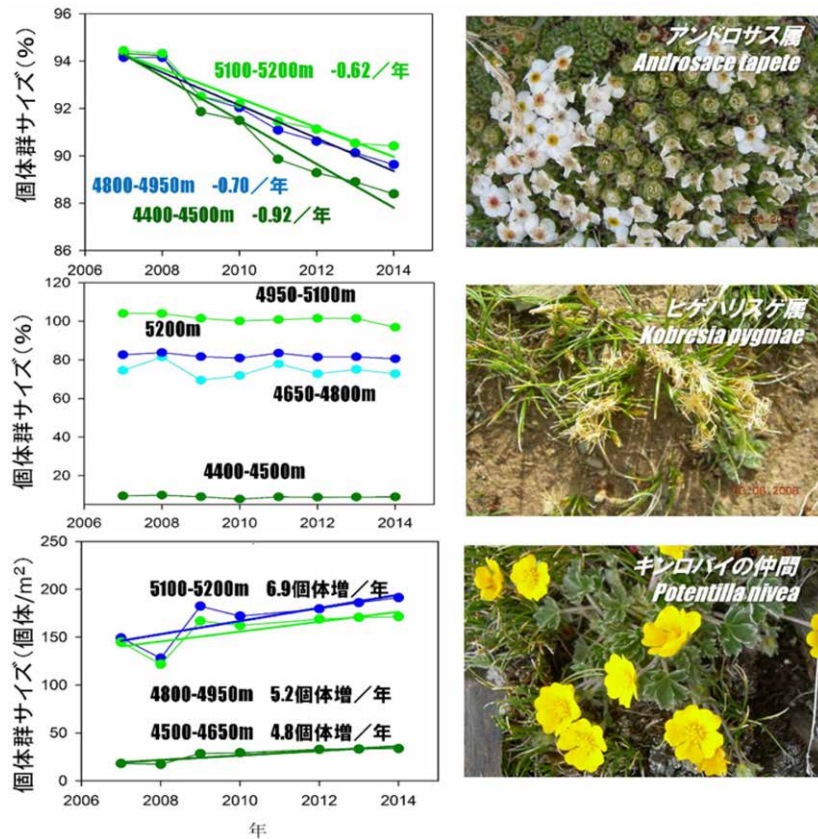


図43 チベット当雄の山斜面で異なる植物種の個体群変化

2.3.3.4 異なる標高における植物のフェノロジーの変化

これまでの報告では、高い標高では気温の上昇速度が速い。それに応じて高標高では植物のフェノロジーが大きく変化すると予想される。チベット自治区の当雄の標高4300mから5200mまでの山斜面において、気象環境と植物のフェノロジー観測を行った結果は、こうした予想に反するものだった。チベット高山草原における代表的な3つの植物種 (*Androsace tapete*, *Stipa capillacea*, *Kobresia pygmae*) においては、春の展葉日は、春の気温変化との相関が低かった。一方、展葉日は、インド・モンスーンの到来時間及び毎年の降雨開始日と高い相関が認められた (図44)。また、衛星データの解析によっても、当雄山斜面における植生の展葉日とインド・モンスーンの時期とに高い相関が認められた。これらの結果は、チベット高原のモンスーンは草原植物の展葉日に強く影響することを示唆する。高山生態系に及ぼす温暖化影響の検出と予測のため、気温の変化だけではなく、水分条件の影響も評価する必要があることと考えられる。

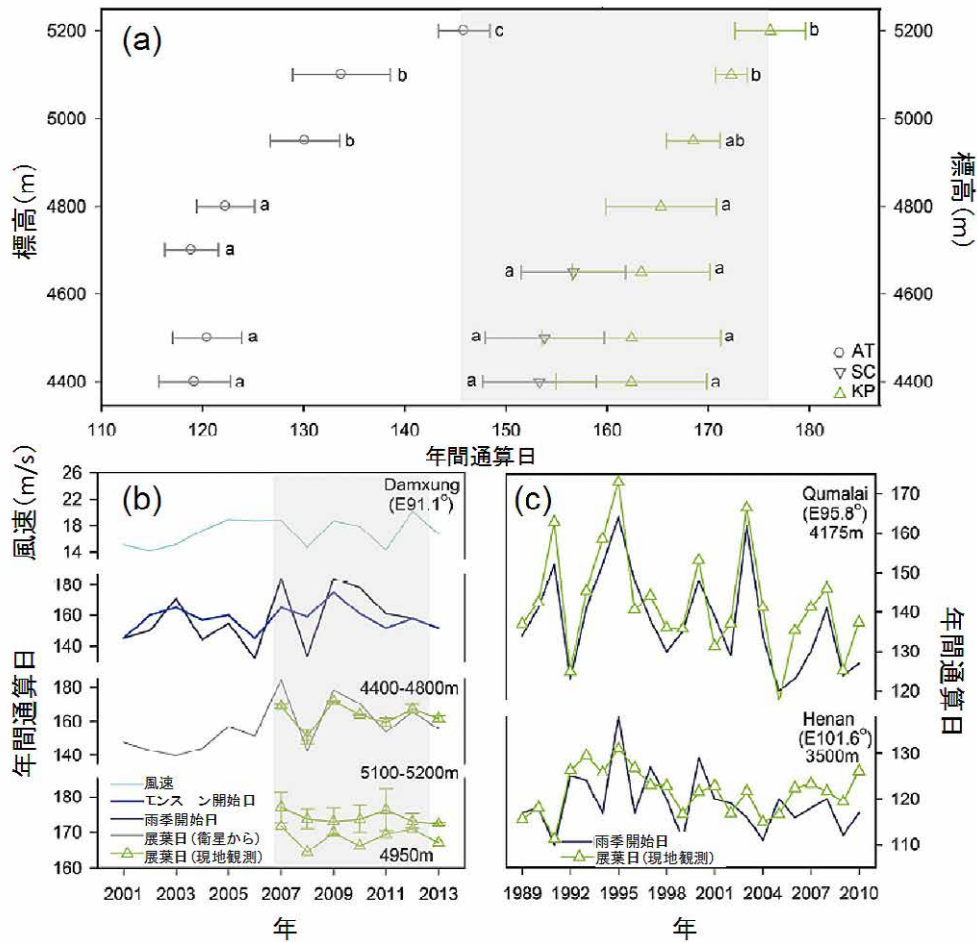


図 44 チベット草原における植物 3 種の展葉日の標高変化とモンスーンとの関係

(a) は、3 種の 2007 年から 2013 年の間の平均展葉日(円、三角と逆三角)と変動範囲を示す。AT、SC と KG はそれぞれ *Androsace tapete*、*Stipa capillacea* と *Kobresia pygmae* のを示す。灰色の期間はインド・モンスーン・シーズンである。図中の異なるアルファベットは有意に差があることを示す。(b) は観測地の気象環境と衛星画像の植生指数から求めた展葉日 (LU-NDVI) と実際観測した展葉日 (LI-observed) を示す。(c) は、同じチベット草原で、他の研究者により観測された *Kobresia* の展葉日の長期変動を示す。

[資料]

1 研究の組織と研究課題の構成

1.1 研究の組織

[A 研究担当者]

| | |
|----------------|--|
| 生物・生態系環境研究センター | 山野博哉 坂本佳子 高村健二 |
| 生物多様性評価・予測研究室 | 竹中明夫 石濱史子 角谷 拓 深澤圭太 石原光則 ^{*)} 小川みふゆ ^{*)} |
| 生物多様性保全計画研究室 | 上野隆平 今藤夏子 松崎慎一郎 熊谷直喜 杉原 薫 ^{*)} 屋良由美子 ^{*)} 大林夏湖 ^{*)} |
| 生態遺伝情報解析研究室 | 中嶋信美 玉置雅紀 大沼 学 |
| 環境ストレス機構解明研究室 | 唐 艶鴻 青野光子 沈 妙根 ^{*)} |
| 生物資源保存研究推進室 | 河地正伸 山口晴代 五箇公一 井上真紀 ^{*)} 森口紗千子 ^{*)} |
| 環境計測研究センター | |
| 環境情報解析研究室 | 小熊宏之 石黒聡士 ^{*)} |
| 環境リスク研究センター | |
| 生態リスクモデリング研究室 | 横溝裕行 |

(注) 所属・役職は年度終了時点のもの。また、^{*)}印は過去に所属していた職員等を示す。

1.2 研究課題と担当者

プロジェクト1 生物多様性の景観的および遺伝的側面とその観測手法に関する研究

山野博哉・玉置雅紀・河地正伸・上野隆平・今藤夏子・高村健二・山口晴代・松崎慎一郎・石原光則・
小熊宏之・石黒聡士

プロジェクト2 生物多様性の広域評価およびシナリオ分析による将来予測に関する研究

竹中明夫・石濱史子・角谷 拓・深澤圭太・横溝裕行・小川みふゆ

プロジェクト3 人為的環境攪乱要因の生物多様性影響評価と管理手法に関する研究

五箇公一・中嶋信美・唐 艶鴻・青野光子・山野博哉・大沼 学・深澤圭太・坂本佳子・横溝裕行・
森口紗千子・熊谷直喜・杉原 薫・屋良由美子・沈 妙根

2 研究成果発表一覧

2.1 誌上発表

発表者・(刊年)・題目・掲載誌・巻(号)・頁

(査読あり)

Cao H., Shimura Y., Kawachi M., Yin Y. (2014) Draft Genome Sequence of the Toxic Bloom-Forming Cyanobacterium *Aphanizomenon flos-aquae* NIES-81. *Genome Announcements*, 2 (1), e00044-14

Coutts S.R., Yokomizo H., Buckley Y.M. (2013) The behavior of multiple independent managers and ecological traits interact to determine prevalence of weeds. *Ecological Applications*, 23 (3), 523-536

Coutts S.R., Yokomizo H. (2014) Meta-models as a straight forward approach to the sensitivity analysis of complex models. *Population Ecology*, 56 (1), 7-19

Demura M., Kawachi M., Koshikawa H., Nakayama T., Mayuzumi Y., Watanabe M.M. (2012) Succession of genetic diversity of *Botryococcus braunii* (*Trebouxiophyceae*) in two Japanese reservoirs. *Procedia Environmental Sciences*, 15, 3-11

Demura M., Noel M.-H., Kasai F., Watanabe M. M., Kawachi M. (2012) Life cycle of *Chattonella marina* (*Raphidophyceae*) inferred from analysis of microsatellite marker genotypes. *Phycological Research*, 60 (4), 316-325

Demura M., Ioki M., Kawachi M., Nakajima N., Watanabe M. (2013) Desiccation tolerance of *Botryococcus braunii* (*Trebouxiophyceae*, Chlorophyta) and extreme temperature tolerance of dehydrated cells. *Journal of Applied Phycology*,

Demura M., Nakayama T., Kasai F., Kawachi M. (2014) Genetic structure of Japanese *Chattonella marina* (*Raphidophyceae*) populations revealed using microsatellite markers. *Phycological Research*, 62 (2), 102-108

出村幹英, 小林広茂, 横山智子, 山田佳昭, 河地正伸 (2015) リアルタイム PCR を用いた東京湾海底堆積物からの *Chattonella marina* (ラフィド藻綱) DNA の検出. *藻類*, 63 (3), 190-195

Fujita K., Nagamine S., Ide Y., Umezawa Y., Hosono T., Kayanne H., Yamano H. (2014) Distribution of large benthic foraminifers around a populated reef island: Fongafale Island, Funafuti Atoll, Tuvalu. *Marine Micropaleontology*, 113, 1-9

Fukasawa K., Hashimoto T., Tataru M., Abe S. (2013) Reconstruction and prediction of invasive mongoose population dynamics from history of introduction and management: a Bayesian state-space modelling approach. *Journal of Applied Ecology*, 50 (2), 469-478

Fukasawa K., Miyashita T., Hashimoto T., Tataru M., Abe S. (2013) Differential population responses of native and alien rodents to an invasive predator, habitat alteration and plant masting. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences*, 280 (1773)

Furukawa T., Kayo C., Kadoya T., Kastner T., Hondo H., Matsuda H., Kaneko N. (2015) Forest harvest index: Accounting for global gross forest cover loss of wood production and an application of trade analysis. *Global Ecology and Conservation*, 4, 150-159

Hagino K., Onuma R., Kawachi M., Horiguchi T. (2013) Discovery of an Endosymbiotic Nitrogen-Fixing Cyanobacterium UCYN-A in *Braarudosphaera bigelowii* (*Prymnesiophyceae*). *PLOS ONE*, 8 (12), 1-11

Hongo C., Yamano H. (2013) Species-specific responses of corals to bleaching events on anthropogenically turbid reefs on Okinawa Island, Japan, over a 15-year period (1995-2009). *Plos ONE*, 8, e60952

今井葉子, 角谷 拓, 上市秀雄, 高村典子 (2014) 市民の生態系サービスへの認知が保全行動意図に及ぼす影響: 全国アンケートを用いた社会心理学的分析. *保全生態学研究*, 19 (1), 15-26

Imazato H., Onuma M., Nagamine T., Nakaya Y. (2012) Molecular species identification of predators of endangered species on Okinawa-jima Island. *Mammal Study*, 37, 159-164

Inoue Y., Komori C., Kobayashi T., Kondo N., Ueno R., Takamura K. (2015) *Nanocladius* (*Plecopteracolutus*) *shigaensis* sp. nov. (Chironomidae: Orthocladiinae) whose larvae are phoretic on nymphs of stoneflies (Plecoptera) from Japan. *Zootaxa*, 3931 (4), 551-567

- Ishiguro S., Yamano H., Oguma H. (2016) Evaluation of DSMs generated from multi-temporal aerial photographs using emerging structure from motion; multi-view stereo technology. *Geomorphology*, 268, 64-71
- Kadoya T., Takenaka A., Ishihama F., Fujita, T., Ogawa, M., Katsuyama, T., Kadono, Y., Kawakubo N., Serizawa, S., Takahashi, H., Takamiya, M., Fujii, S., Matsuda, H., Muneda, K., Yokota, M., Yonekura, K., Yahara T. (2014) Crisis of Japanese Vascular Flora Shown By Quantifying Extinction Risks for 1618 Taxa. *PLOS ONE*, 9 (6), e98954
- 角谷 拓, 赤坂宗光, 竹中明夫(2014)相補性解析による効率的な保全に寄与する地域の地図化. *景観生態学*, 19(2), 111-119
- Kawachi M., Tanoi T., Demura M., Kaya K., Watanabe M. (2012) Relationship between hydrocarbons and molecular phylogeny of *Botryococcus braunii*. *Algal Research*, 1 (2), 114-119
- Kitanishi S., Hayakawa A., Takamura K., Nakajima J., Kawaguchi Y., Onikura N., Mukai T. (2016) Phylogeography of *Opsariichthys platypus* in Japan based on mitochondrial DNA sequences. *Ichthyological Research*,
- 小林竜太, 山口 徹, 山野博哉 (2013) リモートセンシングによる石垣島サンゴ礁形成史の地域差推定－先史資源利用研究に向けて－. *考古学研究*, 60, 55-72
- Kondo N., Ueno R., Ohbayashi K., Golygina V.V., Takamura K. (2016) DNA barcoding supports reclassification of Japanese *Chironomus* species (Diptera: *Chironomidae*). *Entomological Science*, 19 (4), 337-350
- Li J., Jiang S., Wang B., Jiang W., Tang Y., Du M., Gu S. (2013) Evapotranspiration and Its Energy Exchange in Alpine Meadow Ecosystem on the Qinghai-Tibetan Plateau. *Journal of Integrative Agriculture*, 12 (8), 1396-1401
- Li R., Luo T., Tang Y., Du M., Zhang X. (2013) The altitudinal distribution center of a widespread cushion species is related to an optimum combination of temperature and precipitation in the central Tibetan Plateau. *Journal of Arid Environments*, 88, 70-77
- 前田太郎, 坂本佳子, 岡部貴美子, 滝 久智, 芳山三喜雄, 五箇公一, 木村 澄 (2015) ミツバチに寄生するアカリンドニー分類, 生態から対策まで－. *日本応用動物昆虫学会誌*, 59 (3), 109-126
- Maeda T., Sakamoto Y. (2016) Tracheal mites, *Acarapis woodi*, greatly increase overwinter mortality in colonies of the Japanese honeybee, *Apis cerana japonica*. *Apidologie*, 1-9
- Magdaong E.T., Fujii M., Yamano H., Licuanan W.Y., Maypa A., Campos W.L., Alcala A.C., White A.T., Apistar D., Martinez R. (2014) Long-term change in coral cover and the effectiveness of marine protected areas in the Philippines: a meta-analysis. *Hydrobiologia*, 733, 5-17
- Makino A., Klein C.J., Possingham H.P., Yamano H., Yara Y., Ariga T., Matsuhashi K., Beger M. (2015) The effect of applying alternate IPCC climate scenarios to marine reserve design for range changing species. *Conservation Letters*, 8, 320-328
- Matsuzaki S.S., Terui A., Kodama K., Tada M., Yoshida T., Washitani I. (2011) Influence of connectivity, habitat quality and invasive species on egg and larval distributions and local abundance of crucian carp in Japanese agricultural landscapes. *Biological Conservation*, 144 (8), 2081-2087
- 松崎慎一郎, 児玉晃治, 照井 慧, 武島弘彦, 佐藤専寿, 富永 修, 前田英章, 多田雅充, 鷺谷いづみ, 吉田丈人 (2011) モニタリングデータと生態学的特性から探る福井県三方湖流域の純淡水魚類相の変化とその要因. *保全生態学研究*, 16 (2), 205-212
- Miyajima T., Hori M., Hamaguchi M., Shimabukuro H., Adachi H., Yamano H., Nakaoka M. (2015) Geographic variability in organic carbon stock and accumulation rate in sediments of East and Southeast Asian seagrass meadows. *Global Biogeochemical Cycles*, 29, 397-415
- Nakajima K., Otsuka Y., Iwatsuki Y., Nansai K., Yamano H., Matsubae K., Murakami S., Nagasaka T. (2014) Global supply chain analysis of nickel: importance and possibility of controlling the resource logistics. *Metallurgical Research and Technology*, 111, 339-346
- Nishizawa T., Nakajima N., Tamaoki M., Aono M., Kubo A., Saji H. (2016) Fixed-route monitoring and a comparative study of the occurrence of herbicide-resistant oilseed rape (*Brassica napus* L.) along a Japanese roadside. *GM Crops & Food*, 7, 20-37

- Nuridin N., Komatsu T., Yamano H., Arafat G., Rani C, Noer A. (2012) Hyperspectral Response: Key for Mapping Coral Rubber, Live and Dead Corals. *Journal of Shipping and Ocean Engineering*, 2, 182-190
- 小田川信哉, 武田知己, 山野博哉, 松永恒雄 (2016) ハイパースペクトルデータを用いたサンゴ礁底質被度推定手法の提案. *日本リモートセンシング学会誌*, 36, 1-10
- 小川みふゆ, 竹中明夫, 角谷 拓, 石濱史子, 山野博哉, 赤坂宗光 (2013) 植生図情報を用いた全国スケールでの土地利用図の作成 - 生物の分布推定をおこなうユーザーのために -. *保全生態学研究*, 18 (1), 69-76
- Onuma M., Yoshino T., Zhao C., Nagamine T., Asakawa M. (2011) Parasitic helminths obtained from Okinawa rails, *Gallirallus okinawae*. *Journal of the Yamashina Institute for Ornithology*, 43, 74-81
- Onuma M., Mitsuhiro Asakawa, Takashi Nagamine, Kuwana T. (2012) Duplex real-time PCR assay for the detection of two intestinal parasites, *Heterakis isolonche* and *Glaphyrostomum* sp., in Okinawa rail (*Gallirallus okinawae*). *Japanese Journal of Zoo and Wildlife Medicine*, 17 (1), 27-31
- Onuma M. (2014) Asian Society of Zoo and Wildlife Medicine: A possible core organization of wildlife disease surveillance network in East Asia and Oceania. *Japanese Journal of Zoo and Wildlife Medicine*, 19 (2), 45-48
- Osada Y., Kuriyama T., Asada M., Yokomizo H., Miyashita T. (2015) Exploring the drivers of wildlife population dynamics from insufficient data by Bayesian model averaging. *Population Ecology*, 57, 485-493
- Perry C.T., Kench P.S., Smithers S.G., Riegl B., Yamano H., O'Leary M.J. (2011) Implications of reef ecosystem change for the stability and maintenance of coral reef islands. *Global Change Biology*, 17, 3679-3696
- Sakaguchi A., Nomura T., Steier P., Golser R., Sasaki K., Watanabe T., Nakakuni T., Takahashi T., Yamano H. (2016) Temporal and vertical distributions of anthropogenic ²³⁶U in the Japan Sea using a coral core and seawater samples. *Journal of Geophysical Research*, 121, 4-13
- Sakamoto Y., Hirai N., Ishii M. (2015) Effects of photoperiod and temperature on the development and diapause of the endangered butterfly *Zizina emelina* (Lepidoptera: *Lycaenidae*). *Journal of Insect Conservation*,
- 篠野雅彦, 松本 陽, 今里元信, 山野博哉, 小熊宏之 (2013) グラスボート搭載イメージング蛍光ライダーによるサンゴ観測. *日本リモートセンシング学会誌*, 33, 377-389 <論文賞受賞>
- 佐藤大作, 横木裕宗, 桑原祐史, タリアアネ, 山野博哉, 茅根 創 (2012) 環礁州島のサンゴ礫堆積地形の変化機構の解明. *土木学会論文集*, 68, I-121-I-125
- Shen M., Tang Y., Chen J., Yang W. (2012) Specification of thermal growing season in temperate China from 1960 to 2009. *Climatic Change*,
- Shen M., Tang Y., Chen J., Yang X., Wang C., Cui X., Yang Y., Han L., Li L., Du J., Zhang G., Cong N. (2014) Earlier-Season Vegetation Has Greater Temperature Sensitivity of Spring Phenology in Northern Hemisphere. *PLOS ONE*, 9 (2)
- Shen M., Tang Y., Desai A.R., Gough C., Chen J. (2014) Can EVI-derived land-surface phenology be used as a surrogate for phenology of canopy photosynthesis?. *International Journal of Remote Sensing*, 35 (3), 1162-1174
- 柴野良太, 藤井賢彦, 山中康裕, 山野博哉, 高尾信太郎 (2014) 北海道における沿岸水温環境とホタテガイ漁獲量の時空間変動解析. *水産海洋研究*, 78 (4), 259-267
- Takamura K., Nakahara M. (2015) Intraspecific invasion occurring in geographically isolated populations of the Japanese cyprinid fish *Zacco platypus*. *Limnology*, 16 (3)
- Takao S., Yamano H., Sugihara K., Kumagai N., Fujii M., Yamanaka Y. (2015) An improved estimation of the poleward expansion of coral habitats based on inter-annual variation of sea surface temperatures. *Coral Reefs*, 34, 1125-1137
- Tomaru A., Kawachi M., Demura M., Fukuyo Y. (2014) Changes in Microbial Communities, Including both Uncultured and Culturable Bacteria, with Mid-Ocean Ballast-Water Exchange during a Voyage from Japan to Australia. *PLOS ONE*, 9 (5), e96274
- Ueno R., Satake K., Yamano H. (2015) New records of *Chironomidae* (Diptera) of Tuvalu. *Annales de Limnologie - International Journal of Limnology*, 51 (1), 71-78

Watanabe T., Kawamura T., Yamazaki A., Murayama M., Yamano H. (2014) A 106 year monthly coral record reveals that the East Asian summer monsoon modulates winter PDO variability. *Geophysical Research Letters*, 41 (10), 3609-3614

Yamano H., Sugihara K., Goto K., Kazama T., Yokoyama K., Okuno J. (2012) Ranges of obligate coral-dwelling crabs extend northward as their hosts move north. *Coral Reefs*, 31, 663

Yara Y., Vogt M., Fujii M., Yamano H., Hauri C., Steinacher M., Gruber N., Yamanaka Y. (2012) Ocean acidification limits temperature-induced poleward expansion of coral habitats around Japan. *Biogeosciences*, 9 (12), 4955-4968

Yara Y., Fujii M., Yamano H., Yamanaka Y. (2014) Projected coral bleaching in response to future sea surface temperature rises and the uncertainties among climate models. *Hydrobiologia*, 733 (1), 19-29

Yokomizo H., Takimoto G. (2014) Making the most of mathematical models for effective environmental management. *Population Ecology*, 56 (1), 3-5

Yokomizo H., Coutts S.R., Possingham H.P. (2014) Decision science for effective management of populations subject to stochasticity and imperfect knowledge. *Population Ecology*, 56 (1), 41-53

Yokomizo H. (2014) Linking ecosystem and socioeconomic dynamics for the effective management of agricultural landscapes. *Social-Ecological Restoration in Paddy-Dominated Landscapes*, 283-294

吉岡明良, 角谷 拓, 今井淳一, 鷺谷いづみ (2013) 生物多様性評価に向けた土地利用類型と「さとやま指数」でみた日本の国土. *保全生態学研究*, 18, 141-156

Yoshioka A., Akasaka M., Kadoya T. (2014) Spatial Prioritization for Biodiversity Restoration: A Simple Framework Referencing Past Species Distributions. *Restoration Ecology*, 22, 185-195

Yumoto K., Kasai F., Kawachi M. (2013) Taxonomic re-examination of *Chlamydomonas* strains maintained in the NIES-Collection. *Microbiology and Culture Collections*, 29 (1), 1-12

(査読なし)

石原光則 (2011) サンゴ礁学若手の会連載：サンゴ礁を学問する vol. 3 「宇宙からサンゴの変化を探る」. *月刊ダイバー*, (364), 124

Kondo N., Nakagawa M., Matsuzaki S., Ueno R., Takamura K., Ito H (2016) DNA barcoding, Environmental DNA and an ongoing attempt of detecting biodiversity in Lake Kasumigaura. *Journal of Integrated Field Science*, 13, 21-29

Muraoka H., Ishii R., Nagai S., Suzuki R., Motohka T., Noda H.M., Hirota M., Nasahara K.N., Oguma H., Muramatsu K. (2012) Linking Remote Sensing and In Situ Ecosystem/Biodiversity Observation by “Satellite Ecology” In Site/Remote Sensing Integration Working Group of J-BON. *The Biodiversity Observation Network in the Asia-Pacific Region*, 277-308

Sasano M., Imasato M., Yamano H., Oguma H. (2013) Monitoring the viability of coral reefs. *SPIE Newsroom*,

武島弘彦, 松崎慎一郎 (2013) DNA 分析からみえてきた三方湖フナノ固有性. *ナチュラリスト*, 23 (2), 4

玉置雅紀, 瀧崎吉伸 (2015) 国内における *Spartina* 属植物の侵入実態とその影響. *水環境学会誌*, 38 (2), 61-66

山野博哉 (2015) サンゴ礁から俯瞰する世界. *科学*, 85 (10), 923-925

(書籍)

Akasaka M., Takenaka A., Ishihama F., Kadoya T., Ogawa M., Osawa T., Yamakita T., Tagane S., Ishii R., Nagai S., Taki H., Akasaka T., Oguma H., Suzuki T., Yamano H. (2014) Development of a national land-use/cover dataset to estimate biodiversity and ecosystem services. In: Nakano, S., Yahara, T., and Nakashizuka, T.eds., The biodiversity observation network in the Asia-Pacific region: Integrative observations and assessments of Asian biodiversity, Springer, 209-229

権田雅之, 深山直子, 山野博哉 (2015) - . 権田雅之, 深山直子, 山野博哉編著, 久米島の人と自然 小さな島の環境保全活動, 築地書館, 149p

Ishihara M., Hasegawa H., Hayashi S., Yamano H. (2014) Land cover classification using multi-temporal satellite images in a subtropical region. In: Nakano, S., Yahara, T., and Nakashizuka, T. 編, The biodiversity observation network in the Asia-Pacific region: Integrative observations and assessments of Asian biodiversity, Springer, 231-237

松崎慎一郎 (2013) 湖沼におけるコイの水質や生物群集に与える生態的影響 (第3章). 向井貴彦, 鬼倉徳雄, 淀 大我, 瀬能 宏編著, 見えない脅威 “国内外来魚” どう守る地域の生物多様性, 東海大学出版会, 39-50

Sasano M., Imasato M., Yamano H., Oguma H. (2015) Coral Observation by the Boat- Based Fluorescence Imaging Lidar. In: Ceccaldi H.-Jeds., Marine Productivity: Perturbations and Resilience of Socio-ecosystems, Springer, 253-256

高村健二 (2013) 琵琶湖から関東の河川へのオイカワの定着. 向井貴彦, 鬼倉徳雄, 淀 大我, 瀬能 宏編, 見えない脅威 “国内外来魚”, 東海大学出版会, 85-100

山野博哉 (2011) 4.3 サンゴ礁・藻場・水生生物. 日本リモートセンシング学会編, 基礎からわかるリモートセンシング, 理工図書, 70-72

山野博哉 (2011) サンゴの海を調べる . 日本サンゴ礁学会編, サンゴ礁学, 東海大学出版会, 73-91

Yamano H. (2013) Multispectral applications. In: Goodman J.A., Purkis S.J., Phinn S.R.eds., Coral reef remote sensing, Springer, 51-78

Yamano H., Hongo C., Sugihara K., Yara Y., Nakao Y, Fujii M. (2014) Current status of national coral database in Japan: dataset development, applications, and future directions. In: Nakano, S., Yahara, T., and Nakashizuka, T.eds., The biodiversity observation network in the Asia-Pacific region: Integrative observations and assessments of Asian biodiversity, Springer, 65-81

Yamano H., Hata H., Miyajima T., Nozaki K., Kato K., Negishi A., Tamura M., Kayanne H. (2014) Water circulation in a fringing reef, and implications for coral distribution and resilience. In: Nakano, S., Yahara, T., and Nakashizuka, T.eds., The biodiversity observation network in the Asia-Pacific region: Integrative observations and assessments of Asian biodiversity, Springer, 275-293

2.2 口頭発表

発表者・(暦年)・題目・学会等名称・予稿集名・頁

藤田 剛, 三上 修, 深澤圭太 (2016) 広域分布変化からよみとく鳥たちの変化: 都市化と過疎化、日本に迫る2つの脅威?. 日本鳥学会 2016 年度大会, 同予稿集

深澤圭太 (2012) ニホンジカ分布拡大に伴う絶滅危惧植物へのリスクをどこから緩和すべきか?. 日本生態学会第 59 回大会 (ESJ59)

Fukasawa K., Naoe S., Akasaka M., Kadoya T., Miyashita T. (2015) Trait-based prediction of breeding site dispersal under global change: can migratory birds move farther?. Biological range shifts in response to climate change, -

深澤圭太, 直江将司, 赤坂宗光, 角谷 拓, 宮下 直 (2015) 鳥類の繁殖地分散制限と形質による予測. 日本生態学会第 62 回全国大会, なし

石濱史子, 赤坂宗光, 小川みふゆ, 竹中明夫 (2012) 絶滅危惧植物はどこにいる? - 統計モデリングによる潜在分布の推定 -. 日本生態学会第 59 回大会 (ESJ59), 日本生態学会第 59 回全国大会講演要旨集

Ishihama F., Takenaka A., Yokomizo H., Kadoya T. (2013) When do species distribution models work in conservation prioritization?. INTECOL 2013, -

石濱史子, 竹中明夫, 横溝裕行, 角谷 拓 (2014) 保護区選択における分布推定モデルの限界. 日本生態学会第 61 回全国大会, 同講演要旨

石濱史子, 田金秀一郎, 小川みふゆ, 赤坂宗光 (2014) 生息環境データベースに基づく維管束レッドリスト種のグルーピング-希少種の分布推定のために-. 第 46 回種生物学シンポジウム, 同予稿集, 21

石濱史子 (2016) 情報が欠如した種の分布をどうモデリングするか. 第 63 回日本生態学会大会 シンポジウム 保全科学が挑む情報のギャップ, 同予稿集

平林公男, 武田昌昭, 宮原裕一, 花里孝幸, 上野隆平, 今藤夏子, 高村健二 (2013) 近年の諏訪湖底生動物群集の湖全域にわたる分布とその密度. 日本環境動物昆虫学会第 25 回年次大会, 同講演要旨集

平林公男, 宮原裕一, 花里孝幸, 今藤夏子, 上野隆平, 高村健二 (2015) 諏訪湖沖帯におけるユスリカ類の密度の変遷とオオユスリカグループの分布. 日本陸水学会第 80 回大会, 同講演要旨集, 142

Oguma H., Yamano H., Kawabata T., Shibuya K., Etou C., Yone Y., Sasano M., Imasato M. (2013) Boat-based monitoring system for shallow-water bottom features. International Symposium on Remote Sensing 2013, Abstracts

井手陽一, 樹下弥奈, 林 文, 山野博哉, 洪 永勲, 茅根 創 (2015) マルチコプター画像とモバイル端末を利用したマンタ法によるハビタットマップ作成手法. 日本サンゴ礁学会第 18 回大会, 同予稿集, 108

Iwatsuki Y., Yamano H., Nakajima K., Murakami S. (2014) Mining impact on the changes in land use measured by satellite images analysis. The 11th International Conference on EcoBalance (EcoBalance 2014), Ecobalance 2014 Abstract Book

Kaifu K., Terui A., Matsuzaki S.S., Washitani I. (2011) Participatory biodiversity monitoring for information sharing in restoration and conservation projects: a case in Mikata-goko Lake system, Japan. Estuarine and Lagoon Ecosystem Trajectories (ELET) Symposium 2011, Program of Estuarine and Lagoon Ecosystem Trajectories (ELET) Symposium 2011

Kawachi M. (2013) Algae and Protist Culture Collection at NIES and related projects. 5th Asian Network of Research Resource Centers (ANRRC) International Meeting, Abstracts, 81

桐谷伸夫, 篠野雅彦, 松本 陽, 山野博哉 (2011) 高分解能多波長衛星画像情報による沿岸海域における底質状況の評価. 日本航海学会第 125 回講演会・研究会, 日本航海学会第 125 回講演会・研究会予稿集, III-1

Kondo N., Ohbayashi K., Hodoki Y. (2012) Genetic diversity among butterfly populations in urban greeneries of Tokyo. Joint meeting of the 59th Annual Meeting of ESJ and the 5th EAFES International Congress, ESJ59/EAFES5 Abstract, 77

今藤夏子, 上野隆平, 高村健二 (2012) 日本産 *Chironomus* 属ユスリカにおける *COI* 遺伝子による分子系統解析. 第 23 回ユスリカ研究集会, YUSURIKA, 42, 19

Kondo N., Ueno R., Obayashi K., Golygina V., Takamura K. (2013) DNA barcoding and genetic divergence of Japanese non-biting midges in *Chironomus* (Insecta: Diptera: *Chironomidae*). 5th International Barcode of Life Conference, Abstracts, 213

- 今藤夏子, 玉置雅紀 (2013) NGS データを活用した生物多様性研究～モニタリングとメタゲノム解析～. NGS 現場の会・第3回研究会, 同予稿集, 134
- 今藤夏子, 上野隆平, 高村健二, 井上泰江, 小森千晴, 小林 貞 (2013) カワゲラ・ホストの便乗ユスリカも *Nanocladius asiaticus* なのか? : III. ミトコンドリア遺伝子による系統解析. ユスリカ研究集会第24回, 同予稿集
- 今藤夏子, 大林夏湖, 上野隆平, 高村健二 (2013) ユスリカ属 *COI* 遺伝子における遺伝的距離の種内・種間差について. ユスリカ研究集会第24回, 同予稿集
- Kondo N., Ueno R., Takamura K. (2014) DNA barcoding of Japanese chironomids. Unraveling Biodiversity from DNA - From the Management of Databases to the Use of Next Generation Sequencers -, Abstracts, 10
- 今藤夏子, 竹中明夫 (2014) 都市公園におけるチョウの多様性に影響する環境要因～花壇と里山管理区域～. 日本生態学会第61回全国大会, 同講演要旨
- 今藤夏子, 中川 恵, 松崎慎一郎 (2015) 環境 DNA と次世代シーケンサーによる淡水生物多様性調査の手法開発. 日本生態学会第62回全国大会
- 今藤夏子, 奥田しおり, 上野隆平, 高村健二 (2015) ユスリカにおける細胞内共生微生物ボルバキア感染. 第26回ユスリカ研究集会
- 今藤夏子, 上野隆平, 高村健二 (2016) ユスリカ標本 DNA データベースの公開状況と展望. 第27回ユスリカ研究集会, YUSRIKA, (47), 14
- 今藤夏子, 中川 恵, 松崎慎一郎, 伊藤 洋 (2016) 霞ヶ浦の環境 DNA から検出される生物多様性にフィルター濾過が与える影響. 第63回日本生態学会大会, 同予稿集
- 小柳知代, 赤坂宗光, 伊勢 紀, 小熊宏之 (2013) 阿蘇外輪山における希少植物の残存個体群に内在する絶滅の負債: 草原生植物5種を対象とした extinction debt の検出. 日本生態学会第60回大会 (ESJ60), 同予稿集, 278
- Magdaong E., Yamano H., Fujii M. (2012) Assessing long-term coral cover change in the Philippines: a meta-analysis. Amakusa Biodiversity Symposium 2012, Abstracts, 17
- 松崎慎一郎, 佐々木雄大, 赤坂宗光 (2012) 全国スケールにおける人為的放流と絶滅がもたらす淡水魚類群集の機能的多様性の変化. 日本生態学会第59回大会 (ESJ59), 日本生態学会第59回全国大会講演要旨
- Matsuzaki S., Arayama K., Mashiko K., Hagiwara T., Morosawa T., Kanou K., Watanabe K. (2014) First record of exotic bagrid catfish *Tachysurus fulvidraco* in Lake Kasumigaura; their invasion, establishment and potential impacts. National Institute for Environmental Studies, Center for Environmental Biology and Ecosystem Studies Symposium Unraveling Biodiversity from DNA - From the Management of Databases to the Use of Next Generation Sequencers -, Abstracts, 20
- 松崎慎一郎 (2015) 魚類の多様性、漁獲資源量、水産加工品の生産量から読み解く霞ヶ浦の変化. めざせ! 筑波山地域ジオパークフォーラム 2015 「水辺のジオ～大地といきもの多様性とその変化～」
- 三品達平, 松崎慎一郎, 武島弘彦, 荒山和則, 諸澤崇裕, 西田 睦, 渡辺勝敏 (2014) 霞ヶ浦周辺域における在来および外来フナ類の現状と課題. 日本生態学会第61回全国大会, 同予稿集
- Nakajima K., Nansai K., Yamano H., Matsubae K., Murakami S. (2014) Global supply chain analysis of nickel: importance and possibility to control the resource logistics. 8th International Conference on Society & Materials
- Nakajima K., Nansai K., Yamano H., Matsubae K., Murakami S., Otsuka Y., Iwatsuki Y., Nagasaka T. (2014) Global flow of nickel: Identifying its supply chain and implication for sustainable resource management. The 11th International Conference on EcoBalance (EcoBalance 2014), Ecobalance 2014 Abstract Book
- 大林夏湖, 今藤夏子, 上野隆平, 玉置雅紀, 高村健二 (2013) DNA バーコーディングを適用したユスリカ科昆虫の多様性の研究. (2) ユスリカ亜科 *Chironomus* 属における *COI* 塩基配列の種内・種間変異. 日本生態学会第60回大会 (ESJ60), 同予稿集, 298
- 大林夏湖, 程木義邦, 今藤夏子, 國井秀伸, 嶋田正和 (2016) 東日本大震災の津波が東北地方沿岸域のオオクダ個体群の遺伝的構造に及ぼした影響. 第63回日本生態学会大会, 同予稿集

小熊宏之, 山野博哉, 篠野雅彦, 今里元信, 河端智樹, 渋谷研一, 江藤稚佳子 (2014) 浅海域立体画像撮影システムの開発とサンゴ観測への適用について. 日本生態学会第 61 回全国大会, 同講演要旨

奥田しおり, 今藤夏子, 上野隆平, 高村健二 (2015) DNA バーコーディングのための DNA 粗抽出と精製. 日本生態学会第 62 回全国大会, 同予稿集

奥田しおり, 今藤夏子, 大林夏湖, 上野隆平, 高村健二 (2015) 種同定のためのユスリカ DNA 抽出 - 目的に応じた手法検討 -. 日本陸水学会第 80 回大会, 同予稿集, 139

佐久間啓, 松崎慎一郎, 金尾滋史, 舟尾俊範, 鹿野雄一, 武島弘彦 (2016) ミトコンドリア DNA 分析に基づく日本産ナマズ属 3 種の系統地理. 第 49 回日本魚類学会年会, 同予稿集, 39

篠野雅彦, 田村兼吉, 桐谷伸夫, 今里元信, 松本 陽, 山野博哉, 小熊宏之 (2011) 船舶搭載ライダー観測による広域サンゴモニタリング法の開発. 日本サンゴ礁学会第 15 回大会, 同予稿集, 146

篠野雅彦, 今里元信, 山野博哉, 小熊宏之 (2013) 小型船舶搭載イメージング蛍光ライダーによるサンゴ分布調査法の開発. 日本サンゴ礁学会第 16 回大会, 同予稿集, 80

篠野雅彦, 田村兼吉, 桐谷伸夫, 今里元信, 山野博哉, 小熊宏之 (2013) 船舶観測による広域サンゴモニタリングと生死判別. 日本地球惑星科学連合 2013 年大会, 同予稿集

Shimura Y., Hirose Y., Misawa N., Osana Y., Katoh H., Yamaguchi H., Kawachi M. (2015) Comparison of the terrestrial and freshwater *Leptolyngbya* genomes. 15th International Symposium on Phototrophic Prokaryotes, Abstracts, 179

高田未来美, 武島弘彦, 三品達平, 松崎慎一郎, 萩原富司, 諸澤崇裕, 井口恵一朗, 立原一憲, 渡辺勝敏, 西田陸 (2014) 霞ヶ浦水系で採集したフナ類の形態、倍数性および遺伝子型. 第 47 回日本魚類学会年会, 第 47 回日本魚類学会年会予稿集

高村健二 (2011) 関東地方に生息する淡水魚種の分子系統的由来調査. 2011 年度日本魚類学会年会, 2011 年度日本魚類学会年会予稿集, 69

高村健二 (2012) DNA バーコーディングを適用したユスリカ科昆虫の多様性の研究. 自然系調査研究機関連絡会議 調査研究・活動事例発表会第 15 回, 同講演要旨集, 12

高村健二, 上野隆平, 大林夏湖, 今藤夏子, 玉置雅紀, 木塚俊和 (2013) 兵庫県南部ため池群におけるユスリカ群集調査 - DNA バーコーディングの活用 -. ユスリカ研究集会第 24 回, 同予稿集

高村健二, 上野隆平, 今藤夏子 (2014) 瀬戸内海沿岸域ため池のユスリカ多様性調査 - DNA バーコーディングと DNA バーコード公開 -. 第 17 回自然系調査研究機関連絡会議, 第 17 回自然系調査研究機関連絡会議 調査研究・活動事例発表会 プログラム・要旨集, 10-10

高村健二, 上野隆平, 今藤夏子, 及川康子, 大林夏湖 (2014) DNA バーコーディングを適用したユスリカ科昆虫の多様性の研究(3)種判別を支援するユスリカ標本 DNA データベースの公開. 日本生態学会第 61 回全国大会, 同講演要旨

高村健二, 上野隆平, 今藤夏子, 及川康子, 大林夏湖, 奥田しおり (2014) ユスリカ標本 DNA データベース公開と DNA バーコードによる種判別. ユスリカ研究集会第 25 回

高村健二, 上野隆平, 今藤夏子, 平林公男, 河合幸一郎 (2014) DNA バーコーディングを適用したユスリカ科昆虫の多様性研究 - 公開データベースの構築 -. 日本陸水学会第 79 回大会, 同予稿集

高村健二, 上野隆平, 今藤夏子, 奥田しおり, 及川康子, 大林夏湖 (2015) DNA バーコーディングを適用したユスリカ科昆虫の多様性研究(5) 種区分によるため池環境との関連解析. 第 62 回日本生態学会大会, なし

高村健二, 上野隆平, 今藤夏子, 奥田しおり, 大林夏湖 (2015) DNA 塩基配列に基づいて幼虫標本から正確な種数を知る. 日本陸水学会第 80 回大会, 同講演要旨集, 141

高村健二, 上野隆平, 今藤夏子, 奥田しおり, 大林夏湖 (2015) DNA 配列を基準にユスリカ種を区分する. 第 26 回ユスリカ研究集会

高村健二, 上野隆平, 今藤夏子, 奥田しおり, 大林夏湖 (2016) ため池のユスリカ多様性 - 群集類型化と指標種の発見 -. 第 27 回ユスリカ研究集会

- 高村健二, 上野隆平, 今藤夏子, 奥田しおり, 大林夏湖 (2016) ユスリカ多様性とため池環境との関係を解析する - DNA バーコーディングと OTU 区分 -. 第 63 回日本生態学会大会
- 竹中明夫 (2013) 絶滅リスクを抑えるように保護区を選ぶ - 計算ツール MeBERA の開発. 日本生態学会第 60 回大会 (ESJ60), 同予稿集
- 竹中明夫 (2013) 多様な自然をバランスよく守るために. 生物多様性観測・評価・予測研究の最前線 2 - 愛知目標達成に向けての第一歩 - 環境省 環境研究総合推進費 S-9 「アジア規模での生物多様性観測・評価・予測に関する総合的研究」公開講演会
- 竹中明夫, 石濱史子 (2014) 限られた分布データからでも有効な保護区を作れるか. 日本生態学会第 61 回全国大会, 同講演要旨
- Takenaka A. (2015) Extinction risks and conservation area prioritization for Japanese vascular flora. *Biological Conservation Planning under Uncertainties*
- 竹中明夫, 石濱史子 (2015) 全種をカバーする保護区のサイズと、多種の分布相関. 第 62 回日本生態学会大会, 同予稿集
- 竹中明夫, 石濱史子 (2016) コンパクトな保護区の背景にある群集構造. 日本生態学会第 63 回全国大会, 同予稿集
- 武島弘彦, 松崎慎一郎, 児玉晃治, 前田英章, 西田 睦 (2011) 福井県三方湖周辺水域におけるフナ地域個体群の種内系統構成. 2011 年度日本魚類学会年会, 2011 年度日本魚類学会年会予稿集, 34
- 武島弘彦, 松崎慎一郎, 高田未来美, 児玉晃治, 前田英章, 西田 睦 (2012) 福井県三方湖周辺水域におけるフナの遺伝的個体群構造. 日本生態学会第 59 回大会 (ESJ59), 日本生態学会第 59 回全国大会講演要旨
- 玉置雅紀 (2015) 環境研究における次世代シーケンサーの活用事例について. 次世代シーケンサー活用に関するセミナー
- Terui A., Matsuzaki S.S., Kodama, K., Tada M., Washitani I. (2011) Factors affecting the local occurrence of the near-threatened bitterling (*Tanakia lanceolata*): strong attachment to its potential host mussels. 25th International Congress for Conservation Biology, Program of 25th International Congress for Conservation Biology, 138
- 上野隆平, 高村健二, 今藤夏子 (2011) DNA barcoding によるユスリカ同定の試みについて - 特にいわゆる “オオユスリカ” とツヤユスリカ属について -. 第 22 回ユスリカ研究集会, YUSURIKA, (40), 7-8
- 上野隆平, 高村健二, 今藤夏子 (2011) 霞ヶ浦周辺のオオユスリカの系統分類学的位置について. 日本陸水学会第 76 回大会, 日本陸水学会第 76 回大会講演要旨集, 95
- 上野隆平, 今藤夏子, 高村健二 (2012) オオユスリカ *Chironomus cf. plumosus* およびヤマトユスリカ *Chironomus nipponensis* の系統分類学的位置について. 第 23 回ユスリカ研究集会, YUSURIKA, (42), 20-21
- 上野隆平, 高村健二, 今藤夏子, 大林夏湖 (2013) 日本産 *Tanypus* に関する新知見. ユスリカ研究集会第 24 回, 同予稿集
- 上野隆平, 今藤夏子, 大林夏湖, 玉置雅紀, 高村健二 (2013) DNA バーコーディングを適用したユスリカ科昆虫の多様性の研究. (1) ユスリカ群集解析のための DNA バーコーディングの適用法について. 日本生態学会第 60 回大会 (ESJ60), 同予稿集, 298
- Ueno R., Kondo N., Takamura K. (2014) DNA barcoding revealed some unknown species beneath the well-known species of the *Chironomidae* (Diptera). *Unraveling Biodiversity from DNA - From the Management of Databases to the Use of Next Generation Sequencers -*, Abstracts, 19-20
- 上野隆平, 高村健二, 今藤夏子, 及川康子, 大林夏湖 (2014) DNA バーコーディングを適用したユスリカ科昆虫の多様性の研究 (4) 形態による同定の不確かさは解消されそうか?. 日本生態学会第 61 回全国大会, 同講演要旨
- 上野隆平, 今藤夏子, 高村健二, 及川康子, 大林夏湖, 奥田しおり (2014) ヨドミツヤユスリカ *Cricotopus sylvestris* および近縁の 2 種に関する DNA バーコーディングの結果を含めた分類学的知見について. 第 25 回ユスリカ研究集会, YUSURIKA, (44), 30-31

- 上野隆平, 高村健二, 今藤夏子, 奥田しおり (2015) DNA 解析により、再検討を迫られるユスリカの形態分類. 第 26 回ユスリカ研究集会, YUSURIKA, (45), 18
- 上野隆平, 高村健二, 今藤夏子, 奥田しおり, 大林夏湖 (2015) ユスリカ科昆虫の形態同定と DNA 塩基配列クレードの整合性について. 日本陸水学会第 80 回大会, 同講演要旨集, 140
- 山野博哉 (2011) モデルの構築や広域での保全に必要な情報としての群集調査について. 日本サンゴ礁学会第 14 回大会自由集会, 日本サンゴ礁学会第 14 回大会自由集会予稿集, 3
- 山野博哉 (2013) 人間活動にともなう生物多様性の変化～陸が変われば海も変わる～. 龍谷エコロジーセミナー
- 山野博哉 (2014) サンゴ礁の過去、現在、未来－日本全国のサンゴのデータベースから見えてきたもの－. にじゅうまるプロジェクト第 1 回パートナーズ会合にじゅうまる COP1
- 山野博哉 (2015) 我が国沿岸のサンゴの分布域－歴史的考察とモニタリング－. 環境省環境研究総合推進費一般向け研究成果報告会「海洋酸性化がわが国周辺の生物に与える影響を評価する」, 同予稿集, 4
- Yokomizo H., Possingham H.P., Hulme P.E., Grice A.C., Buckley Y.M. (2011) Cost-benefit analysis for intentional plant introductions under uncertainty. 25th International Congress for Conservation Biology, Abstracts of 25th International Congress for Conservation Biology, 182
- 横溝裕行 (2012) 絶滅危惧植物の個体数と減少率の不確実性を考慮した保全努力の最適な空間配分. Joint Meeting of The 59th Annual Meeting of ESJ and The 5th EAFES International Congress, ESJ59/EAFES5 Abstract
- 横溝裕行 (2013) 環境再生と経済活動が好循環する社会支援策の提案. 佐渡市寄附講座 自然再生学講座～環境・経済好循環分野 意見交換会
- 横溝裕行 (2013) 環境再生と経済活動の好循環の実現に向けて～モデル解析. 佐渡市寄附講座 自然再生学講座～環境・経済好循環分野 最終報告会
- 横溝裕行, 柘植隆宏, 氏家清和, 西川 潮 (2013) 環境再生と経済活動の好循環の実現に向けて～モデル解析. 東京工業大学社会数理セミナー
- Yokomizo H., Tsuge T., Nakamura S., Ujiie K., Usio N. (2013) Coupled socio-economic and ecological dynamics for management of agricultural landscapes in Sado Island. The 61st Annual Meeting of Ecological Society of Japan (ESJ61)
- Yokomizo H., Kadoya T. (2013) Selection of conservation areas under severe uncertainty of population dynamics in future. 26th International Congress for Conservation Biology, Abstracts, 73
- Yokomizo H. (2013) Coupled socio-economic and ecological dynamics for management of agricultural landscapes in Sado Island, Japan. Mathematical Biosciences Institute- Workshop 3: Sustainable Management of Living Natural Resources, Abstracts
- Yokomizo H. (2014) Coupled socio-economic and ecological dynamics for management of agricultural landscapes and revitalization of local economy. Seminar in celebration of Prof. Alan Hastings' career
- Yokomizo H. (2014) Decision science for effective management of populations subject to stochasticity and imperfect knowledge. Symposium on Kanto Branch of Ecological Society of Japan
- Yokomizo H. (2014) Mathematical models for effective management of populations subject to uncertainty. the 30th Annual Meeting of the Society of Population Ecology, Abstracts, 12
- Yokomizo H., Kadoya T. (2014) Selection of conservation areas under severe uncertainty of population dynamics in future. 99th Ecological Society of America Annual Meeting, Abstracts
- 横溝裕行 (2014) 佐渡の社会生態システム再生のための効果的な対策：生態系動態とヒトの選択動態のカップリングモデルによる解析. 日本生態学会第 61 回全国大会, 同講演要旨
- 横溝裕行 (2014) 佐渡市における環境と経済の好循環のための数理的研究：生態系動態とヒトの選択動態の結合モデル. 個体群生態学会, 第 30 回個体群生態学会大会, 31
- 横溝裕行 (2014) 地域の保全活動の重要性：千葉県での市民セクターによる保全の取り組みを例に. にじゅうまるプロジェクトパートナーズ会合第 1 回会合
-

Yokomizo H. (2015) Optimal management strategies to control deer populations in Chiba prefecture using a spatially explicit model. *Biological Conservation Planning under Uncertainties*

横溝裕行, 角谷 拓 (2015) 絶滅危惧植物の減少率と保全効果に関する不確実性に頑健な保全努力の空間配分. 日本生態学会第 62 回全国大会, 同予稿集

横溝裕行, 長田 穰 (2016) 空間明示モデルによる複数種の哺乳類を統合した管理戦略の構築. 第 63 回日本生態学会年会, 同予稿集

国立環境研究所研究プロジェクト報告 第 116 号
NIES Research Project Report, No.116

(SR - 116 - 2016)

生物多様性研究プログラム
(重点研究プログラム)
平成 23 ~ 27 年度
Biodiversity Research Program
FY2011 ~ 2015

平成 29 年 2 月 28 日発行

編 集 国立環境研究所 編集分科会

発 行 国立研究開発法人 国立環境研究所

〒305-8506 茨城県つくば市小野川 16 番 2

E-mail: pub@nies.go.jp

Published by the National Institute for Environmental Studies

16-2 Onogawa, Tsukuba, Ibaraki 305-8506 Japan

February 2017

組 版 株式会社 イ セ プ

〒305-0005 茨城県つくば市天久保 2 丁目 11-20

無断転載を禁じます

国立環境研究所の刊行物は以下の URL からご覧いただけます。
<http://www.nies.go.jp/kanko/index.html>