

# 国立環境研究所 ニュース

Vol.38

No.5

令和元年(2019)12月

National Institute for Environmental Studies



右上:甘えん坊のニホンウナギ(大分県佐伯市 番匠おさかな館 撮影:亀山哲)  
左:湖沼研究のメッカ、メンドータ湖(アメリカ合衆国ウィスコンシン州) 右下:産卵期、オスのイトウは赤い婚姻色に染まる(撮影:成田正司)

## 特集 | 環境DNA 生態系に描かれた生き物たちの航跡をたどって

自然共生におけるイノベーション | 2

環境DNAが広げる生物多様性モニタリングの時空間 | 3

ニホンウナギから見た森里川海の絆の再生 | 5

環境にはDNAがあふれてる | 8

幻の魚イトウの回遊と河川の連続性 | 10

誰でもゲノム解析ができます!(ゲノム実験施設のお仕事) | 13

アメリカ滞在記:冬は山小屋にこもって | 15

TPM | 17

## 自然共生におけるイノベーション

山野 博 哉

イノベーションとは、日本では技術革新という狭い意味に用いることもあるようですが、もっと広く、新しいアイデアから社会的意義のある新たな価値を創造する社会変革ともとらえられます。自然共生社会の実現に向けても、これまでいくつかのイノベーションがあったと私は思います。

イノベーションの一つは、生態系サービスです。人間が生態系の持つさまざまな機能（二酸化炭素の吸収や汚濁水の浄化作用など）から恩恵を受けていると考えるものです。生態系サービスとして価値を示すことによって、生態系の重要性を明らかにするとともに、生態系の保全や活用に対して積極的な投資を行うなど、生態系を経済活動へと組み込める可能性が示されました。最近、IPBES（生物多様性及び生態系サービスに関する政府間科学政策プラットフォーム）での議論では、生態系は人間に恩恵をもたらすだけではないので、「生態系サービス」というより「自然がもたらすもの」という中立的な概念を用いるのが良いという議論が進みつつありますが、自然が人間にもたらす恩恵を認識することの重要性には変わりありません。

もう一つの大きなイノベーションが、本特集でとりあげる「環境 DNA」です。環境 DNA の詳細は本特集の記事にゆずりますが、例えば、池で水をくんでそこに含まれる DNA の分析をすることにより、姿は見えなくてもそこにどんな生物がいるかがわかるのです。これは実に画期的で、技術革新という狭い意味でのイノベーションだけでなく、自然共生社会の基礎となる生物多様性の把握とモニタリングに加え、環境変化による生物変化や侵入種の検出などさまざまな応用が考えられ、社会変革という広い意味でのイノベーションをもたらす可能性を持っています。

国立環境研究所でも環境 DNA 研究に精力的に取り組んでおり、本特集では、環境 DNA を用いた研究業務を行っている研究者による記事をまとめました。環境 DNA とは何なのか、そしてどのように分析するのかに関しては、「環境問題基礎知識」をご覧下さい。そして、環境 DNA を用いた研究例に関しては、霞ヶ浦流域 50 地点での魚類多様性モニタリングに関連する成果を「研究プログラムの紹介」で、ウナギなど絶滅危惧淡水魚類の多様性の環境 DNA による解析結果に基づいた流域圏の生態系保全や自然再生を「研究ノート」で紹介しています。「調査研究日誌」では、絶滅危惧淡水魚類イトウの北海道における調査をご紹介します。ここでも環境 DNA が活用されています。国立環境研究所にはこれらの研究を支えるゲノム実験施設があり、そこでの活動を「研究施設・業務等の紹介」で紹介しています。これらの記事に加えて、在外研究を行った研究者が海外研究経験について執筆しています（もちろん、彼も環境 DNA を用いた研究を行っています）。本特集が、環境 DNA の魅力や今後の発展可能性を知っていただく手助けになればと思います。

（やまの ひろや、生物・生態系環境研究センター  
センター長）

### 執筆者プロフィール：

私の専門は自然地理学で、DNA からはるかに遠いところにいましたが、そんな私のところにまで環境 DNA の熱量は伝わってきており、「環境」とつくると親しみすらわいてきます。身をもってイノベーションを感じている気がします。



【研究プログラムの紹介：「自然共生研究プログラム」から】

## 環境 DNA が広げる生物多様性モニタリングの時空間

今 藤 夏 子

### 1. 生態系サービスとは

生態系は、物理・化学的な環境とそこに生息する生物の相互作用から構成される複雑なシステムであり、私たち人間は生態系から様々な恩恵を受けています。例えば湖という生態系は、私たちに飲料水や農業・工業用水、漁獲物を与え、水質を浄化し、湖岸や湖内でのレジャーの場を提供してくれます。湖から受けるこれらの恩恵は生態系サービスと呼ばれ、生物多様性はその基盤であると考えられています。一方で、生態系の一部である私たち人間の活動によって生態系を構成する物質や生物の複雑なバランスが変化し、受けられる生態系サービスを変化させてしまうことがあります。生態系において物質や生物が互いにどのように関係しているのかを科学的に解明していくことで、様々な人間活動が生態系サービスに与える影響を予測し、生態系サービスを持続的に享受することができると考えられます。

自然共生プログラムのプロジェクト5「生態系機能・サービスの評価と持続的利用」では、霞ヶ浦流域をモデルとし、農業生産や水質浄化機能等の多様な生態系サービスを評価し、相互の関係を分析する研究を行っています。例えば、ある生態系サービスの恩恵を増加させた場合に、別の生態系サービスが正の相乗効果を受けて一緒に増加したり、逆に負の相乗効果を受けて低下したりするかなどを調べています。このような相互関係を明らかにすることで、流域全体で多様な生態系サービスをどのような形で維持できるのか、その解決の糸口を探りたいと考えています。

関東平野に位置する霞ヶ浦の流域は広く、山地のほかに農地、市街地など様々な利用されています。私たちのプロジェクトでは、約50 km 四方におよぶ霞ヶ浦流域を50に分割した各流域において、10の生態系サービスと生物多様性を定量化しています(図1)。生態系サービスのデータは文献やデータベースから収集していますが、なかでも各流域の情報が不足している水質と生物多様性については、本プロジェク

トで実際に観測しています。これほど広範な地域でこれだけの生態系サービスと生物多様性の関係性を解析するには大きな労力がかかるため、世界でも研究例は限られており、貴重な結果が得られると考えています。

### 2. 広い流域の多地点で何度も魚類調査を行うには？

本プロジェクトでは、生物多様性の指標として生態系の主要な構成生物かつ漁業の対象である淡水魚類を選びました。河川における従来の魚類調査では、わなや網などで捕獲して種類とその数を記録します。しかし、川の深い場所や流れのある場所での魚類調査は容易ではありません。魚の種類を判定する生物分類の専門家も必要ですし、専門家であっても簡単には見分けられない種も存在します。さらに、定置網を前日に仕掛けて翌日に網をあげるといった従来法で調査すると1つの流域を調査するのに1日以上かかってしまいます。日々、天候や水質は変化するため、複数の流域の調査結果を比較することも難しくなってしまいます。そこで私たちは、魚類調査の手法として環境 DNA 解析を採用し、これにより全50流域を10名程度で2日間、夏冬の年2回という一斉調査が可能になりました。

環境 DNA とは、生物が存在する水や土壌、空気といった環境中に含まれる DNA の総称です。DNA は全ての生物が持つ物質の1つで、その生物の設計図となる塩基配列情報を含んでいます。環境 DNA に含まれる塩基配列情報を解析すれば、その持ち主である生物、つまりその環境を利用する生物が検出できるのです。環境 DNA による生物調査では、環境試料を採取すれば済むので調査地での作業は簡便・迅速に済ませることができ、生物そのものを捕獲したり、傷つけたりする必要もなく、専門家による生物の種類判定も基本的に不要となります。環境 DNA の分析技術の登場により、生物調査の可能性が空間的にも時間的にも大きく広がったと言えるでしょう。

特集 環境 DNA 生態系に描かれた生き物たちの航跡をたどって



図1 霞ヶ浦の50流域と生態系サービスの定量化と可視化。グラフは、その流域の異なる生態系サービスを指標化して色別に表したもので、面積が大きいほど恩恵を受けていると考えられます。河川や地下水の水質（紫、青）が良いのに在来魚類の多様性（ピンク）は低い地域、水田面積率（緑）が高くて在来魚類の多様性も高い地域、などそれぞれの流域の特徴が一目でわかります。

私たちは2016年から年2回の調査を行っており、霞ヶ浦流域から合計60種以上の魚類を検出しました(図2)。そのうち在来魚は30種以上が検出され、いくつかの流域では、絶滅危惧種であるアカヒレタビラやミナミメダカ、ニホンウナギ等も検出されました。また、チャンネルキャットフィッシュやタイリクバラタナゴなどの霞ヶ浦で一般的に見られる外来魚のほか、チョウザメなどが養殖場の下流で検出されることもありました。この結果は、環境DNAが養殖場からの外来魚の逸出と野生化のモニタリングにも使用できる可能性を示唆しています。得られた霞ヶ浦流域の魚類の多様性と他の生態系サービスの関係については、現在、調べているところです。

プロジェクトにおいて得られた多地点・複数時期の大量の魚類多様性データは、環境DNAを用いた生物多様性調査の精度向上を目指す研究にも使われています。一般的に環境DNA解析の検出感度は高いと考えられていますが、本当はそこに生息している生物のDNAを検出できない場合もあります。このような見落とし(偽陰性)は、調査の回数や試料の量を増やすことで防げると考えられますが、現実では予算や労力にも限りがあります。そこで私たち

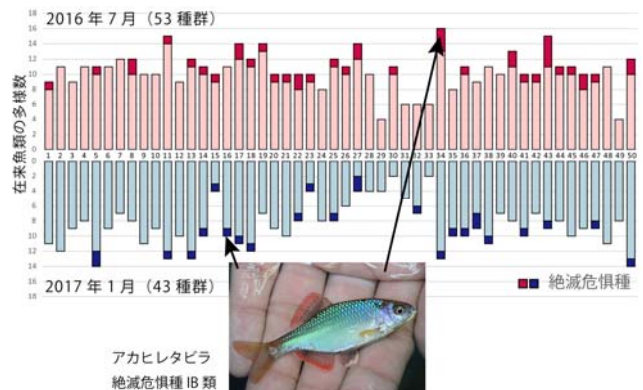


図2 霞ヶ浦の50流域の環境DNAを解析することで検出された魚類の種群数。塩基配列情報で見分けられない種どうしは種群としてまとめてカウントしました。夏冬の1回ずつの調査結果を示しましたが、他の年も冬の方が検出される種群数が少ない傾向にあります。冬は低温のため、活動性が低い魚が多いからかもしれません。季節や年ごとの種群の数や構成の変化を追うことで、季節的な生息場所の変化など、魚類の知られざる生態が分かるかもしれないと期待しています。

は、偽陰性が生じる確率を評価することで、検出できなかった種の存在を考慮できる新しい多様性評価手法を検討しています。

### 3. 環境DNAを使いこなせばその先に

生物多様性モニタリングは、その重要性が認識されているものの、生物分類の専門家の確保、調査労力などの点から、頻度や規模の縮小や中止せざるを得ないケースがあります。環境DNAによる調査は、従来の調査を補完・代替する手法となり得るでしょう。また、環境DNAは省スペースで半永久的に保存が可能で、将来的に再解析ができるタイムカプセルとしての価値もあります。本プロジェクトで得られた環境DNAを保存しておくことで、将来、魚類以外の生物について解析することもできるでしょう。

一方、環境DNAを用いた生物調査にも課題はあります。環境DNAは従来法よりも一般的に高い検出率を持つと考えられていますが、必ずしも万能とは言えないようです。上記で述べた偽陰性の問題もありますし、生物の種類によって環境DNAによる調査が難しいものもあります。河川環境の指標生物である底生生物はその一つです。検出のしづらさの

原因としては、その生物の生態（活動量が低い、限られた時間帯にしか行動しない、など）に起因するものや、種名を参照するための塩基配列情報の不足、優れた検出システムが未開発であることなどが考えられます。また、環境 DNA は微生物などによって分解されるので、その分解速度や拡散される範囲を考慮して結果を解釈する必要があります。しかし、様々な検証が進められているものの、特に野外での分解速度や拡散範囲についての具体的な数値を伴う予測は現時点では難しいといわざるを得ません。どのような手法にもメリットとデメリットがあります。環境 DNA も生物多様性調査のツールのひとつとして、特徴を理解した上で利用することが大切です。

環境 DNA を用いることで、生物多様性データを

入手する可能性が時間的にも空間的にも大きく広がりました。生物とそれを取り巻く環境の様々な要因との相互作用を読み解く分野横断的な総合研究が、今後ますます発展することが期待されます。

(こんどう なつこ、生物・生態系環境研究センター  
環境ゲノム科学研究推進室 主任研究員)

執筆者プロフィール：

最近、クライミングにはまっています。普段は屋内ジムで過ごしますが、外岩にも行ったりします。自身の技術はなかなか進歩しませんが、のんびり仲間の登りを応援したり、山や川を眺めたりしてリフレッシュしています。



## 【研究ノート】

### ニホンウナギから見た森里川海の絆の再生と環境 DNA 分析

亀山 哲

#### 【背景と目的】

我々の研究では、森里川海の生態系を繋ぐ代表的な環境指標種、また絶滅に瀕した国際的にも貴重な生物としてニホンウナギを捉えています。そして、ニホンウナギの資源量の回復に加え、流域圏における生息適地や移動経路の保全と復元が研究の目的です。更に一連の活動の先には、ニホンウナギを含む他の絶滅危惧種の保全と人間の社会活動とがしなやかに調和した「自然共生社会」の実現を目指しています。自然共生社会とは、生物多様性のもたらす恵みを将来にわたって利用でき、自然と人間との調和ある共存が確保された社会の事です。

森里川海を繋ぎ、かつ我々日本人にとって非常になじみの深いニホンウナギ。しかし、乱獲や生息地の劣化に加え、森里川海の繋がりの脆弱化がニホンウナギを絶滅の危機に追い込んでいます(写真1)。また本稿では、革新的な生態系モニタリング技術である環境 DNA 分析にも触れ、その技術が持つ流域圏の研究分野における有効性について説明します。



写真1 茨城県那珂川で入手して筆者が自宅でペットとして飼っていたウナギ。餌としてミミズを好み、水温が上昇する5月頃から1日1-2匹程度捕食する。水槽の水を汲み、環境DNAを分析した結果「ニホンウナギ」でした。(現在、国内には既に複数種のウナギ属が確認されています。このため厳密には「ウナギ類」と表記すべきですが、本稿では国内に生息するウナギ属を示す場合「ウナギ」と表記します。)

特集 環境 DNA 生態系に描かれた生き物たちの航跡をたどって

【ニホンウナギという生物】

ニホンウナギという生物の特徴について二つ説明します。

(広域回遊性と降河回遊魚)

降河回遊魚(こうかかいゆうぎょ)とは、生活環の大部分を淡水域で生活し、産卵のために川を下り、海へ移動する魚類の事です。東南アジアに生息するニホンウナギは、非常に広くかつ長い回遊経路を持つことが大きな特徴です。例えば、産卵場所のマリアナ諸島の西側から、私が直接ウナギの標本を確認した釧路川までの距離は、海流を辿った場合、約6,200kmもあります!!

意外にも、ニホンウナギの産卵場所が見つかったのは比較的最近であり2006年2月です。当時東京大学海洋研究所におられた塚本勝巳博士と青山潤博士らが、マリアナ諸島の西方海域で産卵地点を発見しました。

孵化後、レプトセファルスと呼ばれるヤナギの葉の形をした仔魚は、西太平洋海流と黒潮を利用して台湾・中国・韓国そして日本の沿岸域にたどり着きます。そして沿岸域に接近したレプトセファルスは体長が少し短くなり、細長いシラスウナギに変態します。その後、捕食者に狙われにくい夜間、潮の干満のタイミングに合わせ河川に遡上するのです。この時期の小型のウナギはクロコと呼ばれており、川の中・上流域まで遡上するグループと、そのまま汽水域に留まるグループの二つが存在することが知られています。これらの流域圏のウナギはオスで約8年、メスで約10年成長した後、銀ウナギとして再び産卵地である熱帯の海域を目指すのです。

(国際的な絶滅危惧種としてのニホンウナギ)

2009年時点で、全世界のウナギの種数は亜種を含めて19種とされています。その中で、長年日本に生息するウナギ属は、固有種とされるニホンウナギ(Japanese eel、学名: *Anguilla japonica*)とオオウナギ(Giant mottled eel、学名: *Anguilla marmorata*)とされてきました。しかし近年、新たにヨーロッパウナギ(学名: *Anguilla anguilla*)の自然環境下での生息が確認されています。この中でニホンウナギは、2013年2月環境省レッドリストの絶滅危惧IB類(Endangered)

に指定され、また欧州に生息するヨーロッパウナギは2001年の国際自然保護連合IUCN(International Union for Conservation of Nature)レッドリストにおいてさらに上のCritically Endangeredクラスに指定されています。

【生息地モニタリングにおける環境DNA分析の有効性】

ウナギの持つ生態学的な特徴の一つは「夜行性」です。つまり、夜に隠れ場所から泳ぎ出し、餌を求めて活動が活発になります。その為、通常昼間に行われる水生生物調査ではどうしても発見が難しく、情報としては「偽陰性」の可能性が高くなるのです。

その問題を解決してくれる強力な技術が「環境DNA分析」です。環境DNA分析は、他の章で詳細に解説されている通り、海・川・湖沼・土壌等の環境中に含まれる生物のDNAを分析して、そこに生息する生物の種類やおよその生物量を把握する技術の事です。この技術のお陰で、ウナギのみならず他の水生生物についても、存在確率の高い地点を特定でき、また遺伝情報等の膨大なデータを得ることが可能となってきました。

既存の調査法と比較した場合、環境DNAを用いた水生生物(特に絶滅危惧種のような希少生物)のモニタリングには、次の利点があります。

- 1) サンプル方法は、基本的に調査地での採水のみ。つまり大規模河川など従来調査が困難な場所でも行え、また特別な採集道具も不要です。また注意点を守れば専門家でなくても調査が行えます。
- 2) 現地での作業は非破壊・非侵襲的であり、通常の調査と比べ生息地へのダメージが少なく、現地の改変はほとんど有りません。
- 3) 環境DNAの分解や他の試料の混入が無ければ、非常に分析精度は高感度です。この為、生息数が少なく捕獲が難しい希少生物や、一日の行動時間が限られている種でも検出が可能です。

また更に、環境DNA分析のモニタリングにおける有効性の一つは、生物多様性や生態系の保全における「予防原則」にあると我々は考えています。つまり、最近見られなくなり、絶滅の恐れのある対象

生物を、捕獲したり直接的に観察出来ない状況であっても「密かに生息している可能性が非常に高い」と判断出来るわけです。つまり、環境 DNA 分析の長所を活かした予防原則の考え方とは、「特定の生物種の減少や生息地の急激な縮小に関して、原因と結果の明確な因果関係が証明されていない段階でも、取り返しのつかない状態に陥る恐れがあるときは、事前に対策を講じるべきである。」というものです。

環境 DNA 分析によって、ウナギに留まらず、淡水魚類全体の種の多様性やこれまで発見が困難であった絶滅危惧種に関する生息環境をモニタリングすることが可能になりました。

図 1 は愛媛県中央部を流れる一級河川、重信川における淡水魚類の種の多様度マップです。調査年は 2017 年。丸印の大きさは、各地点で確認された淡水魚類の種数を表しています。黄色の丸印は、既存の魚類調査の結果。緑の丸印は環境 DNA 分析による調査結果です。図中下の表は環境 DNA 分析の結果発見された具体的な魚種名です。赤い行は環境省レッドリストの絶滅危惧 EN (Endangered Species) クラスを示します。同様に黄色の行は準絶滅危惧 NT (Near Threatened)、青い行は情報不足種 DD (Data Deficient) を示しています。(愛媛県レッドデータブック 2014)。

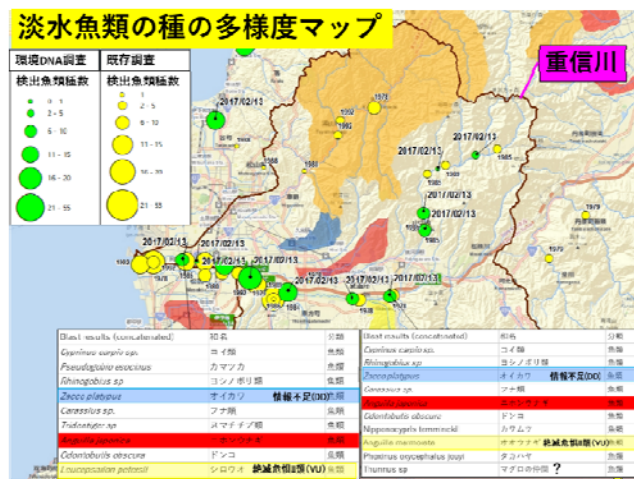


図 1 愛媛県の重信川における淡水魚類の種の多様度マップ。丸印の大きさは各地点で確認された淡水魚類の種数。黄色の丸印は既存の魚類調査の結果、緑の丸印は新たに環境 DNA 分析の結果得られた種数。図中下の表は環境 DNA 分析の結果発見された具体的な魚類名を示す。(愛媛大学、井上幹生教授、三宅洋准教授、徳島大学、河口洋一准教授らとの共同調査研究の一部を抜粋)

環境 DNA を分析することによって、各調査地点ではニホンウナギ以外にも、県レベルで絶滅危惧種に指定されているオオウナギ (*Anguilla marmorata*)、シロウオ (*Leucopsarion petersii*)、オイカワ (*Zacco platypus*) 等の生息が予測されました。

流域内の色の付いた範囲はダム等の河川構造物によって既に分断されている小流域です。黄色→オレンジ→赤色→青に従って、より古くからその小流域が分断されていることを示しています。

ダムに代表される河川横断構造物は、大規模洪水に対する減災や水資源の確保の為に、人間社会にとって非常に重要な存在です。しかしその一方、森里川海の生態系の絆を分断する、つまり、「ニホンウナギの様な海と川を行き来する回遊性魚類の移動を阻害する」という負の側面も持ち合わせています。この生物生息地の分断や回遊性魚類の分布状況を把握する為に、例えば実際に回遊性魚類の移動を妨げているいわゆる「魚止めの構造物」の探索といった目的で環境 DNA 分析が利用されています。

### 【ニホンウナギが健やかに暮らす豊かな自然共生社会の為に】

大伴家持 (718-785) が万葉集に歌を残しているほど、ニホンウナギと日本人は非常に長い歴史的・伝統的な結びつきがあります。しかし現在、この長く続いたウナギと人間社会の絆を綻ばせているのは、残念ながら人間の側であると言わざるを得ません。

勿論、淡水魚類が絶滅に瀕している原因は複合的で、簡単に原因を特定しにくいのも事実です。しかし現在、河畔林や氾濫原といった生息適地の消滅や人為的な流域の改変、また農薬等の化学物質などの影響は無視できない状況にあります。悲しい現実ですが、それらの影響が「明確」だとしても、今すぐに人間社会から全ての要因を完全に排除することも不可能なのです。

現在、環境 DNA・GIS (Geographic Information System、地理的位置情報を基に、空間データを総合的に管理・解析し、視覚的に表示して、高度な分析や迅速な判断を可能にする技術) といった新しいツールを手にした我々が、社会のターニングポイントに居ることを忘れないで下さい。未来の人々がより安全に、また真の意味で豊かに暮らし続ける為に、何が必要

## 特集 環境 DNA 生態系に描かれた生き物たちの航跡をたどって

であるかを冷静に見極め、勇気を持って様々な課題に取り組みたいと我々は考えています。

(かめやま さとし、生物・生態系環境研究センター  
生態系機能評価研究室 主任研究員)

執筆者プロフィール：

ニホンウナギでアングラデビューを果したのは、小学校一年生の夏。香川県の実家に接して流れる弘田川でした。祖母が作ってくれたうな井、少し硬かったけど美味しかったなあ～。

2018 年より、京都大学；森里海連環学教育研究ユニットの精鋭部隊と特任教授として協働研究をしています。「変人」だから、仲間に入れてくれたようです。環境 DNA は信頼出来る、すごい技術。ですが、趣味は釣り全般なので、「調査せよ。」と言われれば「釣査」したいのが本音です。仕事と道楽が完全に融合していると巷で語られていますが、ここだけの話、全て真実です。



### 【環境問題基礎知識】

## 環境には DNA が溢れている

安藤 温子

### 環境 DNA とは

細胞の中に存在する DNA (デオキシリボ核酸) はアデニン (A)、グアニン (G)、シトシン (C)、チミン (T) の呼ばれる 4 種類の塩基とリン酸から構成されており、生物を形作るあらゆる情報を含んでいます。DNA は生物の本体だけでなく、そこから放出された断片にも含まれています。例えば動物の場合、排泄物や魚の鱗、鳥の羽、哺乳類の毛や皮膚などが当てはまります。糞には動物が食べたものが含まれますが、その表面には糞を排泄した動物自身の腸内組織などが付着しています。これらの動物の体の断片は、動物たちが日々餌を食べ動き回中で生息地の環境に DNA を放出し続けています。つまりは土、水、空気など、生物が存在する環境のどこにでも DNA は存在するのです。環境には DNA が溢れています。このように、生物の体から放出され、環境中に存在する DNA は「環境 DNA」と呼ばれています。

DNA における塩基の並び順 (塩基配列) は、生物によって異なっています。このため、ある場所の土や水などに含まれる環境 DNA の塩基配列を解読することで、その場所にどの生物がいたのかを把握することができます。環境 DNA は、ある生物がある

場所に存在する痕跡、とも言えるでしょう。近年、生物多様性モニタリングの新しい手法として、環境 DNA 分析が注目されています。環境 DNA を用いる利点として、1) 環境中に存在するたくさんの種類の生物を一度に検出することができる、2) 生物を長時間観察する必要がないため、労力が軽減される、3) 捕獲など、生物を殺したり傷つけたりすることなく、その生息状況を把握できる、4) 対象とする生物に関する専門的な知識がなくても、DNA の配列情報をもとに誰でも生物の識別ができる、といった点が挙げられます。それでは、環境 DNA を用いた生物調査の方法について、水から魚類を検出する場合を例に紹介します。

### サンプリングと DNA 抽出

調査地である湖や河川に到着したら、早速採水を行います。採水の方法は調査地によって異なりますが、例えば橋の上から川の水を採取する場合、内側にビニール袋を被せたバケツを川に投げて水を汲み、引き上げた後に専用のボトルに 1 リットルの水に移します (図 1)。水サンプル同士が混ざり合うことを防ぐために、バケツに取り付けたビニール袋を調査



地点ごとに交換する必要があります。水中の生物断片に含まれる DNA は時間と共に分解が進むため、出来るだけ手早く作業を行い、採水から 1 日以内に次の作業に進みます。

持ち帰った水は、専用のガラス繊維フィルターを用いて濾過します(図 2)。フィルターの上には、水サンプルに含まれている魚の鱗の破片や排泄物などが付着します。このフィルターを粉砕し、専用の DNA 抽出キットを用いて、回収した生物断片に含まれる生物由来の DNA を抽出します。



図 1 採水の様子

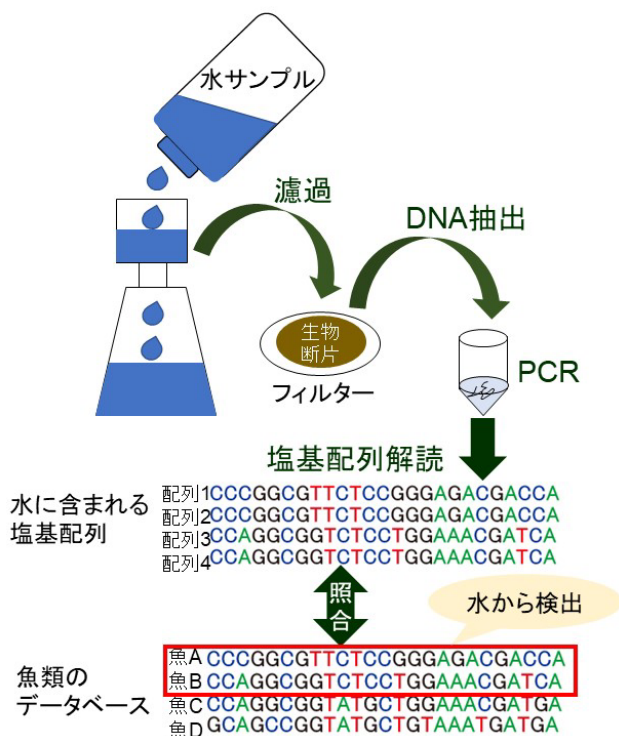


図 2 水から魚類の DNA を検出するための分析の概要

### DNA メタバーコーディングによる魚類の検出

抽出した DNA に対して、魚類全般が共通して持つ塩基配列を検出するための DNA 配列(プライマー)で挟まれた領域を、ポリメラーゼ連鎖反応(PCR)という方法によって増幅します。PCR は、DNA が複製する仕組みを応用して、特定の DNA 領域だけを増幅させる技術です。DNA は A と T、C と G が相補的に結合して二本鎖を構成していますが、熱を加えることで二本鎖が解離して一本鎖になります。それぞれの一本鎖にプライマーが付着し、DNA ポリメラーゼと呼ばれる酵素が働くことで、プライマーを起点とした相補的な配列が構成されます。これを繰り返すことにより、対象とする DNA 領域を鼠算式に増幅させることができます。検出したい生物に合わせて様々なプライマーが用いられており、特定の種のみを増幅させるものもあります。今回は、水サンプルに含まれる魚類全般を検出するため、魚類が共通して持つ DNA 配列をプライマーとして用いています。このように、多くの種の DNA を増幅されることのできるプライマーは「ユニバーサルプライマー」と呼ばれています。増幅が行われたサンプルは、複数の魚類に由来する DNA が混ざり合って存在していますが、次世代シーケンサーという機械を用いて、サンプルに含まれる塩基配列を同時並行的に大量に解読することで、サンプルに含まれる生物を網羅的に検出します。次世代シーケンサーから得られた塩基配列それぞれについて、あらゆる生物の DNA 塩基配列が登録されているデータベースと照合することにより、塩基配列が由来する生物を特定します。これらの工程は、DNA 塩基配列をバーコードのように用いて、複数の生物の種類を同時に特定することから、「DNA メタバーコーディング」と呼ばれています。DNA メタバーコーディングにより、サンプルに含まれる魚類の種構成を明らかにすることができます。多くのサンプルを分析することにより、魚類の構成の地域的な違い、季節や年による変動を把握することが可能になるのです。

### 環境 DNA 分析の課題

水を汲むだけでそこに生息する生物を把握できる、夢の手法のように思われる環境 DNA 分析ですが、様々な課題も存在します。例えば、サンプリングか

特集 環境 DNA 生態系に描かれた生き物たちの航跡をたどって

ら実験処理までの工程で、魚類由来の DNA が何らかの理由でサンプルに混入した場合、混入 DNA の塩基配列も分析結果に含まれてしまいます。判定された種が調査地に現実的に生息しているかどうか、慎重に検討してその信頼性を判断する必要があります。生物から放出された DNA は、時間が経つにつれて分解が進みますが、その速度は調査地の環境によって異なると考えられます。もし、非常に早い速度で分解が進む環境の場合、環境 DNA 分析によって生物の検出が難しくなる可能性もあるので注意が必要です。また、採取するサンプルの量、回数、場所などについても、調査地の環境や研究目的によって適切な条件が異なるため、慎重な検討が求められます。参照するデータベースが網羅的でない場合、サンプルから得られた塩基配列が間違っただけに判定される可能性があります。魚類の場合はかなり充実したデータベースが構築されていますが、他の分類群はその限りではありません。データベースは環境 DNA 分析による生物調査の基盤となる部分であるため、魚類以外のデータベースも充実させていく必要があります。環境 DNA から、調査地に生息する生物の

量を評価する方法についても、まだ発展途上の段階です。特定の種に限れば、その種のみを増幅させるプライマーを用いて、増幅の状況からサンプルに含まれている DNA 量を算出し、調査地における生物量を推定する方法が用いられています。今回紹介した DNA メタバーコーディングについても、各生物について得られた DNA 配列の量から、どの程度の定量化が可能であるかという点について、様々な議論が行われています。環境 DNA 分析が、より信頼性の高い手法として確立され、多様な環境研究に活用されることを期待したいと思います。

(あんどろ はるこ、生物・生態系環境研究センター 環境ゲノム科学研究推進室 研究員)

執筆者プロフィール：

最近伊豆諸島で鳥の調査をしています。無人島でキャンプをして、狙っていた鳥を捕獲した時には最高の喜びを感じました。フィールドワーク好きです。



【調査研究日誌】

幻の魚イトウの回遊と河川の連続性

福島路生

日本最大の淡水魚と言われるサケ科魚類のイトウ(写真1)は、かつて北海道から東北にかけて多くの河川に生息していたことが文献から分かっています。しかし現在、本種は、道北と道東など10数河川に残されるのみとなり、国際自然保護連合(IUCN)のレッドリストで最も絶滅リスクの高いカテゴリーに指定されています。近年、水生生物の生態研究に革新的な技術が次々と導入されるようになり、イトウについてもその未知なる生活史や行動に関して興味深い知見を蓄積してきました。ここでは、そのいくつかを紹介するとともに、本種の保全について考えてみたいと思います。



写真1 産卵期に赤く婚姻色に染まったオスのイトウ (撮影：成田正司)

## 音響ビデオカメラによる遡上数モニタリング

光のない夜間でも、視界ゼロの濁水でも、遊泳する魚の姿と動きを鮮明にとらえ、魚種の判別や体長測定を可能にする音響ビデオカメラというものがあります(写真2)。高出力の超音波を複数のビームに分けて同時に発信することで広範囲に、遠方の物体を探知して高画質の映像にします。

猿払村は、日本最北端の稚内から車で約1時間、オホーツク海に面した村です。ここを流れる猿払川の支流に音響ビデオカメラを設置し、産卵遡上するイトウを春先の1か月間、24時間体制でカウントするモニタリングを4年間続けました。その結果、この支流に遡上するイトウは毎年340-420尾程度で、年ごとに大きく変動しないことが分かりました。遡上は日中に行われますが、産卵を後えて海に降る時は、もっぱら夜間に移動することも分かりました。



写真2 音響ビデオカメラのひとつ  
(株)東陽テクニカのカタログより

## PIT タグから分かったイトウの母川回帰性

海からやってくるイトウの数が年ごとにあまり変動しないのは、ひょっとすると同じ魚を毎年数えていたからではないだろうか?産卵後も死なずに海に帰り、生涯に何度か産卵を繰り返すイトウです。もし彼らが毎年成熟して同じ川に戻って産卵するならば、全体として遡上数は大きく年変動しないはずで、この仮説を検証するために、2016年から遡上中のイトウを捕獲し、麻酔をかけてからPITタグと呼ばれる標識を体内に埋め込む作業を開始しました。PITタグには電磁コイルと10桁のコードが記憶され

たマイクロチップが内蔵されていて、タグのついた魚がアンテナを通過するたびに電磁コイルが励起され、読み取り機に固有のコードを送信します。したがってアンテナを調査河川に何か所か配置することで、どの魚がどこをどのタイミングで通過したかが分かる仕組みです。タグ自体にバッテリーがないので、魚が死ぬまで長期にわたり追跡できるのが最大のメリットです。昨年までに123尾のイトウにタグを装着しました。今年2019年の春に、このうち76尾のイトウが調査河川に戻ってきました。これらのイトウはさらに上流を目指し、アンテナが設置された4つの沢のいずれかで産卵しました。回帰率、すなわち前年(2018年)と同じ沢に戻ってくるイトウの割合を計算すると、ほぼ90%という沢もありました。海から遡上して川幅が10mに満たないこの沢にたどり着くには、河口から幾度となく枝分かれする河川を、間違っただけに迷い込むことなく水を嗅ぎ分け、延長24kmの道のりを1年前と同じ順路で帰ってくる必要があります。GPSでもなければ、人間でさえも困難なことです。

## 耳石が明かしたダム湖のイトウ秘話

母川回帰性が強いことは、子孫を残せる環境に戻ることが保証されているという、種の存続にとって大きなメリットがあります。しかし現代のように、いつダム建設や河川工事が行われて、ある日突然、川の連続性が途切れてしまいかねない日本で、この性質はイトウに有利に働くでしょうか。

稚内市を流れる声間川の上流に、市民の飲料水源である北辰ダムがあります(写真3)。ダム貯水池には多くのイトウが閉じ込められ陸封されています。ダム建設後、上流に取り残されたイトウは降海できなくなり、やむを得ず貯水池を海に見立ててそこで餌をとり、春に流入する沢に遡上して子孫を残すようになりました。高さ30mを超すダムの放水口には魚道がなく、仮に海からダムまで降海型のイトウがやってきても門前払いを食うこととなります。「仮に」と書きましたが、実は春先、数10尾を超える大型イトウがダム直下のプールに一斉集結し、コンクリートの絶壁に勝ち目のない挑戦(ジャンプ)を繰り返す、何とも切なくて歯がゆい光景を目にします。たいへん残念なこの地域の風物詩となっています。

特集 環境 DNA 生態系に描かれた生き物たちの航跡をたどって



写真3 北辰ダムの放水口

強い母川回帰性が災いして、他に繁殖できる支流を探すでもなく、産卵期が終わる5月中旬までこのプールで無駄な時間を過ごします。いつしか姿を消してしましますが、お腹に抱えた卵を産み落とすことさえなく、海に帰っていく可能性が高いです。

いったいこれらのイトウはどこから来るのでしょうか。この謎に答えを出したのが耳石（じせき）のストロンチウム（Sr）でした。魚の頭部にある耳石は、水中からSrをその表面に取り込みながら成長しますが、その際、回遊した先々の地質の相違を反映して変化する河川水のSr同位体比（ $^{87}\text{Sr}$ と $^{86}\text{Sr}$ との比）を正確に記録することが知られています。ですので耳石を半分に切断し、中心部から外縁にかけてSr同位体比を測定すれば（写真4）、その変化は魚が誕生した場所から捕まるまでの回遊経路（の河川水の同位体比）を示すことになります。もしダム貯水池の水の同位体比が特徴的な値を示し、その値がダム下流のイトウの耳石から検出できれば、それはその魚がダム上流で生まれ育ったという証拠になります。

声問川の河口付近で漁師が捕獲し、冷凍庫に保管されていた1m近いイトウの成魚を3匹入手することができました。その耳石を調べたところ、予想どおり北辰ダム上流に特有な極めて低いSr同位体比が測定されました。ダム貯水池に流入する沢で捕獲したイトウ稚魚の耳石からも共通する同位体比のパターンが得られました。つまり、ダム湖にイトウが完全に陸封されていると考えるのは間違いで、落差は大きいが緩やかに傾斜したダム放水口から一部のイトウが転がるように落下し、そのまま生き延びて海までくんだり、豊富な餌を捕りながら大きく成長し

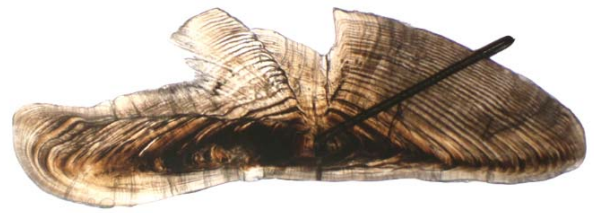


写真4 イトウ（25才）の耳石切片  
黒いラインは同位体分析のためレーザーを照射した跡  
（東京大学 飯塚研究室）

ているのが実情のようです。ダム湖が出来て40年近く経ちますが、降海性という本能を失わずにいたことには驚かされました。そしてもう一つの本能、母川回帰性は、海で成熟したイトウを再びダム上流へと帰らせようとします。しかし残念なことに、このダムは一方通行しか許しません。ということは、降海性を強く示す個体、遺伝子がダム個体群から淘汰され続けているということであり、本種の保全を考える上で大きな課題が浮き彫りになりました。

最後に、このニュースのテーマである環境DNAについても、北海道大学と共同で研究を進めてますので簡単に紹介して終わります。希少魚イトウの現在の分布を知る上で、環境DNAの技術には大きな期待が持てます。私たちの調査からも、予想どおりイトウの生息河川で高濃度のDNAが検出されました。しかし驚いたことに、イトウが絶滅したはずの河川、またこれまでイトウの生息記録がなかった河川からも少なからずDNAが見つっています。反対にイトウが生息すると言われる河川でDNAが検出されなかったという話は、今のところ耳にしていないので、まずは胸をなでおろしているところです。  
(ふくしま みちお、生物・生態系環境研究センター 生態系機能評価研究室 主任研究員)

執筆者プロフィール：

10年ぶりくらいに釣りを再開しました。魚類研究者は釣りから一線を画すべき、と自分に言い聞かせてきましたが、そろそろ解禁してもよいかと。“・・・一生幸せになりたいなら釣りを覚えなさい”（中国の諺）。この前段もまた面白い。



## 【研究施設・業務等の紹介】

## 誰でもゲノム解析ができます！（ゲノム実験施設のお仕事）

中 嶋 信 美

DNA の塩基配列を読み取る方法（シーケンシング技術）が開発されてから、今年で 44 年になります。この間シーケンシング技術は飛躍的な進歩をとげています。当初は 1 回の分析で 100 塩基を読み取るのが精一杯だったのが、2005 年に次世代シーケンサーと呼ばれる新たなシーケンサーが開発され、今は、一度の分析で最大 6 テラ塩基の配列（ $6 \times 10^{12}$ 、ヒトゲノム 2,000 人分に相当）を読み取ることができるようになりました。これまでに、ヒトやモデル生物（マウス、イネ、トマトなど）の全ゲノム（注 1）情報が解読され、医療や作物の品種改良等の応用研究へ波及しています。その一方で絶滅危惧種のような非モデル生物の全ゲノム情報の解読は非常に遅れています。絶滅危惧種の全ゲノム情報の解読が進めば、保護・増殖事業が効率的にできることから、生物・生態系環境研究センターでは絶滅危惧生物の全ゲノム情報の解読と公開を進めています。

また、環境中に存在する微量の DNA（環境 DNA）を集めて、塩基配列を分析することにより、そこに存在している生物種を推定する手法が開発されました。これは、例えば、湖から水を汲んできてフィルターで濾過することで DNA を回収し、バーコード遺伝子を PCR で増幅後、増幅された DNA の塩基配列を次世代シーケンサーで読み取り、読み取った塩基配列をデータベースと照合することで、水に含まれていた DNA の持ち主である生物種を推定するという方法（メタバーコーディング）です。現在所内でも多くの研究者がこの技術を取り入れようとしています。

このように最近の 10 年で DNA を取り扱う研究の技術革新が急速に進みましたが、国立環境研究所においてもこの技術革新を環境研究に広く取り入れるために、2015 年にインフラ整備を集中的に進めました。そして 2016 年には、所内の研究者が誰でも使える施設として「ゲノム実験施設」が RI・遺伝子工学実験棟内に設置されました。

施設はバイオハザード管理区域と管理区域外から

なっています。管理区域外には従来型 DNA シーケンサー、2 台の次世代シーケンサー、3 台の解析用ワークステーション、デジタル PCR 装置、DNA 定量装置、分注自動化装置などがところ狭し、と並んでいます。管理区域内には DNA フリーの環境を提供するための安全キャビネットがあります。これらの装置は、定期的なメンテナンスが行われ、常にベストの状態で維持されており、所内の研究者であれば誰でもほぼ無料（従来型 DNA シーケンサーのみ 1 ラン 600 円）で使用することができます。これらのインフラのうち、3 台の DNA シーケンサーと分注自動化装置は非常に利用頻度が高く、利用時間を調整するため、Outlook による予約を取り入れています。研究者の希望があれば、装置の運転は管理室で代行することも可能です。サーバー室に設置されている 3 台のワークステーションは所内 LAN を通じてリモート環境で使用することができます。



図 1 分析機器室の様子。手前は次世代シーケンサー MiSeq。この装置はヒトゲノム 5 人分の塩基配列データを 4 日間で読み取ることができます。右側は分注ロボット Biomeck4000。真ん中奥はキャビラリー型シーケンサー DNA アナライザー 3730。

本年度の利用登録者数は 68 人で、利用者の所属は社会 C 以外の 7 センターにまたがっています。これまでに本施設の装置を利用することで、絶滅危惧鳥

## 特集 環境 DNA 生態系に描かれた生き物たちの航跡をたどって

類 16 種、バクテリア 22 系統、藻類 87 系統、ほ乳類 3 種、その他 7 種 12 系統について全ゲノム配列が解読され、一部は国立環境研究所のホームページ上で公表しています。

昨年度から、所内の研究者なら誰でも参加できるゲノム実験施設の説明会を開催しています。説明会は 1 回 6 人程度の少人数を対象として概要説明と機器の見学、質疑応答を含めた 30 分のスケジュールで実施しています。参加者からの質問内容は「DNA ってどんなもの」という初歩的なものから、「環境 DNA 解析をやりたいのですが、ゲノム実験施設ではどの程度の解析ができるのですか?」という専門的なものまで多岐にわたり、スタッフが丁寧に回答しています。説明会はこれまでに 4 度開催しましたが、非常に好評で延べ 31 名の参加がありました。

今後、ゲノム情報の利用は生物生態系分野だけでなく社会科学分野までに裾野が広がることが予想されており、研究者にとって必須のツールとなることは間違いありません。一方でインフラについては、塩基配列のデータ取得が外部委託化され、情報処理作業に重点が移ってくるものと考えられます。デー

タ解析環境の整備が研究の成否を分けることになるため、スーパーコンピュータの利用も考慮しながら、より利用しやすい施設へと発展させたいと考えています。

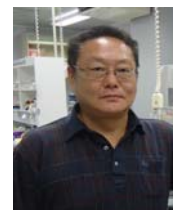
注 1: 「ゲノム」とは、元々は、その生物が持っている最小限の遺伝子セットを表す言葉でした。

近年では、生物が持っている DNA の全塩基配列を示す言葉となっています。ここでは後者の定義で使用しています。

(なかじま のぶよし、生物・生態系環境研究センター 環境ゲノム科学研究推進室 室長)

執筆者プロフィール:

減量のため自転車通勤を始めました。昔は名古屋から東京まで自転車で帰省したこともあるほどのサイクリストだったのですが、今はびっくりするほどの衰えよう。それでも、瀬戸大橋を自転車で渡る目標を持って鍛えています。



## アメリカ滞在記：冬は山小屋にこもって

松崎 慎一郎

国立環境研究所には、若手研究員が海外に滞在し研究を行う長期派遣研修制度があります。この制度に応募し、2018年8月から1年間、アメリカ中西部にあるウィスコンシン大学マディソン校の陸水学センター（University of Wisconsin-Madison, Center for Limnology）で研究を行う機会を得ました。15,000もの湖が点在するウィスコンシン州は、1870年代から湖沼観測が始まった陸水学発祥の地です。数多くの研究者を輩出してきた陸水学センターは、湖を研究する者にとってまさに憧れの聖地です。陸水学センターは、メンドータ湖のすぐほとりにあり、毎日湖を眺めながらという贅沢な環境で研究に没頭することができました。今回は紙面も限られることから、日本には馴染みのない冬の恒例行事について紹介したいと思います。

受け入れ教員の Emily Stanley 教授(以下、エミリー)

が、年末の研究室ゼミで、「そろそろライティング・リトリートの日程を決めようか」とつぶやき、「イチロー（アメリカでの私の呼び名）も行くよね？」と突然言われ、何のイベントかわからないまま「イ、イ、イエス！」と勢いで返事をしてしまいました。ゼミ後に、学生に尋ねて、ようやく何をするイベントかわかりました。ライティング・リトリート(writing retreat)は、「日常生活から離れ、どこかにこもって執筆に集中すること」を意味し、私たち研究者にとっては「論文執筆に集中する合宿」を指します。

ウィスコンシンの冬は、とても寒いです。-20、30度にもなり、湖も完全に結氷します。冬季はフィールド調査も少なくなることから、エミリーの研究室では、山小屋に1週間こもって論文執筆合宿を行うことが恒例行事となっていました。陸水学センターは、マディソンから北に400 km いったところに、Trout

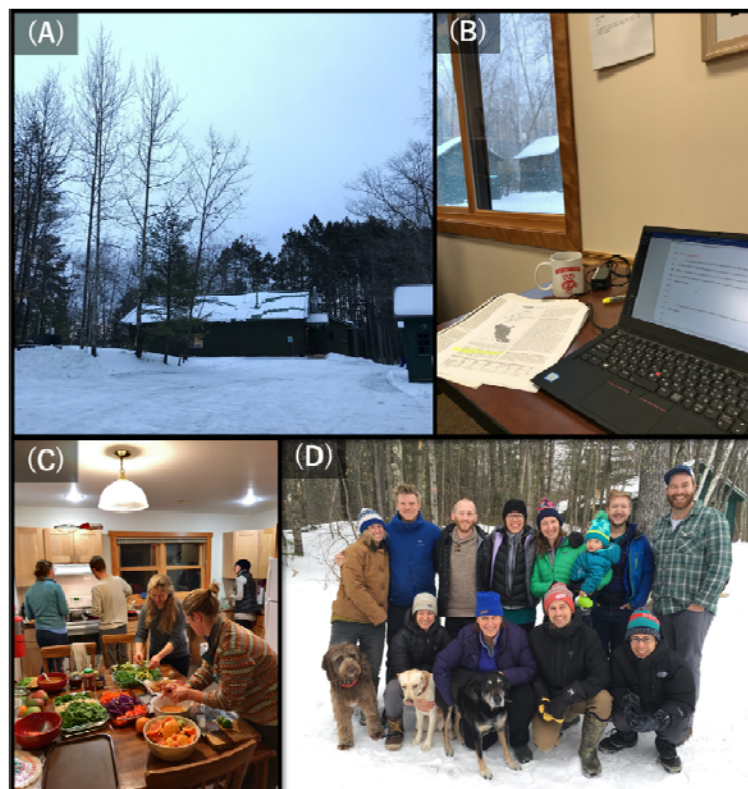


写真1 論文執筆合宿の様子

(A) Trout Lake Station の山小屋、(B) 論文執筆の様子（外は-20度、室内はぼかぼか）、(C) 当番制の夕食作り、(D) エミリー研究室のみんな（前列最右が著者、エミリーは前列中央）。

Lake Station と呼ばれる宿泊可能な実験所をもっており、森と湖に囲まれた Trout Lake Station はまさに山小屋です。

論文執筆合宿には、いくつかのルールがありました。一つ目は、執筆作業の目標を自分で決め、合宿初日に全員の前で宣言します。甘い目標にするか、高いハードルを立てるかは本人しだいです。同僚の一人は、作業効率をあげるため、大型モニターまで持ってきていました。二つ目は、パソコンやスマートフォンのインターネットを遮断します。エミリーの差し入れの深煎りコーヒーを飲みながら、執筆に集中します。三つ目は、思いっきり合宿を楽しむことです。朝食と昼食は各自ですが、夕食は当番制で調理し、全員で食べます。私の班は、メキシカン料理のエンチラーダを作りました。食後は、ボードゲームやカードゲームで盛り上がり、テレビでスポーツ観戦したり、天然リンクでアイスホッケーを楽しむ夜もありました。なんともアメリカらしいですが、日中も、スキーやスノーシューをしたり、ポップコーンをつくったり、最終日までに目標を達成できれば執筆途中に何をしても自由です。

思っていた以上に、論文執筆合宿では筆が進みました。メールやウェブ検索の遮断、お互いに目標に

向き合う環境、適度な息抜きが功を奏したのだと思います。論文執筆に加えて、私にとっては研究室のメンバーと交流を深める絶好の機会となりました。本当に楽しい時間を過ごすことができました。アメリカでは、この論文執筆合宿を行っている研究室は珍しくないようですが、日本ではほとんど馴染みがありません。国環研の同僚とも論文執筆合宿をやりたいと思っています。

(まつぎき しんいちろう、生物・生態系環境研究センター  
生物多様性資源保全研究推進室 主任研究員)

執筆者プロフィール：

苦手な英語には本当に苦労しましたが、誰とでも気さくに挨拶する習慣は大好きでした。友達に「やあー」は Hi there!、「お疲れ様」は Good night!。レジでの支払いやカフェの注文の後は、Have a good one! (店員さんが先に言った時は、Thanks, you too!)。どれも簡単な単語ですが、中学校の英語の教科書には載っていないフレーズなのではないでしょうか。





## 【行事報告】

## 三カ国の環境研究機関の発展的協力に向けて： 「第16回日韓中三カ国環境研究機関長会合（TPM16）」の開催報告

芦 名 秀 一



写真1 国際ワークショップ参加者集合写真（CRAES 提供）

国立環境研究所（NIES）は、韓国の国立環境科学院（NIEA）及び中国環境科学研究院（CAES）と共に「日韓中三カ国環境研究機関長会合（TPM）」を2004年から毎年開催しており、北東アジア地域をはじめとした様々な環境問題の解決に向けた研究協力の推進と、新たな協力の姿の議論を行っています。本年度は、10月28日（月）から11月1日（金）にかけて、中国・杭州市にてCAESが主催し、NIESとNIEAが共催する形で第16回のTPM（TPM16）を開催しました。

30日の本会議に先立ち、29日には、国際ワークショップ「北東アジアの長距離大気汚染」を開催しました。ワークショップでは、TPMメンバーを中心に、北京大学や清華大学の研究者も交えながら、北東アジアの大気汚染のモニタリングや、排出インベントリの作成、大気質のモデル分析に関する最新知見の紹介とそれに基づく活発な議論が行われました。NIESからは、地域環境研究センターの高見昭憲センター長、永島達也主任研究員、及び茶谷聡主任研究員が参加し、研究成果等の発表と議論を行いました。

翌日のTPM16本会議では、CAESの李海生（Li Haisheng）院長の開会挨拶後、NIESの渡辺知保理事長及びNIEAのChang Yoon Seok院長が開会にあたっての講演を行いました。機関長らは、環境研究分野における三機関間協力の着実な進展やTPM下での共同研究等の協力関係の強化に言及するとともに、友好関係継続への期待を示しました。加えて、渡辺理事長からは、2018年12月に設立した気候変動適応センターの紹介や、2019年9月に開催した国際アドバイザーボード会合について紹介し、今後の研究展開への期待を示しました。引き続いての各機関のTPM15以降の研究活動の概況報告では、NIESからは昨年度に成功裏に打ち上げられたGOSAT-2や気候変動適応研究などについて具体的な活動と成果の報告を行いました。

本年度の会合では、昨年度のTPM15も踏まえて、日韓中の環境研究機関の協力のためのプラットフォームであるTPMをさらに発展させていくために、三機関の共同研究についての議論が行われました。三機関の具体的な共同研究の可能性を有する分野である潜在協力研究分野（Potential Research Area）から、大気、水、及



写真2 共同声明を披露する三機関長（左から渡辺理事長、李院長、Chang 院長）



写真3 本会議後の参加者集合写真

び環境健康の3分野について、担当研究者からの具体的な共同研究提案をもとに機関長及び各機関の担当研究者での議論を実施し、TPM下での共同研究と位置づけて実施することで合意されました。また、気候変動分野については、共同研究立案に向けた議論の進捗が報告され、次年度以降の具体化に向けた協議を継続することが確認されました。その後、これらの発表や議論を踏まえた共同声明へ李院長、渡辺理事長、及びChang院長が署名しました。

本会議翌日の10月31日には、安吉余村等を訪問し、中国における持続可能社会構築に関する取組の現状を視察するとともに、質疑応答を含めた交流を行いました。

今回のTPM17は、2020年に日本においてNIES主催で開催される予定です。

（あしな しゅういち、企画部国際室）



「受賞のひとつこと」など、詳しくはホームページもご覧ください。 <http://www.nies.go.jp/index.html#tab5>

#### ICWRS&ICAFEE, Best poster presentation award

受賞者：小林拓朗、倉持秀敏

受賞対象：Aggregation of immobilized enzyme during transesterification of triolein and methanol, and the effect of two types of aggregates on reaction yield, 3rd International Conference on Alternative Fuels, Energy and Environment (ICAFEE), Abstracts, 2018

#### CSIS DAYS 2018 優秀研究発表賞

受賞者：吉田崇紘、山形与志樹

受賞対象：ビッグデータを活用した空間詳細な CO2 マッピング, 東京大学空間情報科学研究センター全国共同利用研究発表大会：CSIS DAYS 2018, 研究アブストラクト集, 2018

#### 国際ジオシンセティックス学会日本支部, JC-IGS 論文賞

受賞者：石森洋行

受賞対象：有機化合物に対する塩化ビニル系遮水シートの遮蔽性能とその支配因子について, *Geosynthetics Engineering Journal*, 32, 81-88, 2017

#### 日本 DNA 多型学会若手研究賞

受賞者：北野裕子、山野博哉

受賞対象：温暖化で北上・分布している日本の温帯サンゴ域は造礁サンゴの避難所となりえるのか?, 日本 DNA 多型学会 第 27 回学術集会, 同予稿集, 74, 2018

#### 一般社団法人環境情報科学センター理事長賞

受賞者：平野勇二郎、中村省吾、藤田 壮

受賞対象：地域エネルギー事業への展開に向けた住宅の電力消費データ解析, 環境情報科学センター第 15 回環境情報科学ポスターセッション, *環境情報科学*, 48, (1), 2018

#### 第 1 回日本オープンイノベーション大賞 環境大臣賞

受賞者：町田敏暢

受賞対象：活動業績（定期旅客便を利用した温室効果ガスのグローバル観測（CONTRAIL プロジェクト）

※所属は受賞当時のものとなります。

## 新刊紹介

### 環境儀 No.75 「GMO（遺伝子組換え生物）アンダーザブリッジ～ 除草剤耐性ナタネの生物多様性影響調査」

国立環境研究所は、研究成果等をわかりやすく伝える研究情報誌「環境儀」の最新号「GMO（遺伝子組換え生物）アンダーザブリッジ-除草剤耐性ナタネの生物多様性影響調査」を刊行します。

道路沿いや河川敷に見られる黄色い菜の花。港の近くでは、その中に輸入された遺伝子組換え除草剤耐性セイヨウナタネが混じっている場合があります。

本号では、除草剤耐性ナタネが日本の生物多様性に影響を及ぼすおそれがないことを確認するための調査研究について紹介します。

○<http://www.nies.go.jp/kanko/kankyogi/75/02-03.html>



### NIES Annual Report 2019

「NIES Annual Report 2019」は、海外に向けて、国立環境研究所の最近の研究成果を紹介する英文の年次報告書です。今回の報告書は、第4期中長期計画（平成28～令和2年度）の第3年次にあたる平成30年度の活動状況を中心にとりまとめたものです。

○<http://www.nies.go.jp/kanko/annual/ae25.pdf>



## 編集後記

今号では生物センターから環境DNAを中心に7本もの記事が集まりました。秘境での調査行から *in silico*（コンピュータを用いた生命情報の解析、すなわちバイオインフォマティクス）まで、環境DNAを追うシーンの高熱量ぶりを示しているのではないのでしょうか？DNAの配列は生物の設計図ですが、生物

は常に設計図の断片を環境中に散らかしながら生きており、だれの設計図か科学者たちが一生懸命調べていると考えると、なんだか可笑しみを感ずります。その設計図に何が書いてあるか（遺伝情報解析）、そしてどのように使われているのか（機能解析）についても、熱く研究を進めて行きたいものです。（M.A）

国立環境研究所ニュース Vol. 38 No. 5（令和元年12月発行）

編集 国立環境研究所 編集分科会  
ニュース編集小委員会

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

問合せ先 国立環境研究所情報企画室 [pub@nies.go.jp](mailto:pub@nies.go.jp)

●バックナンバーは、ホームページからご覧になれます。  
<http://www.nies.go.jp/kanko/news/>

無断転載を禁じます



この印刷物は、印刷用の紙へ  
リサイクルできます。