

SR-57-2003

国立環境研究所特別研究報告

Report of Special Research from the National Institute for Environmental Studies, Japan

SR-57-2003

生物多様性の減少機構の解明と保全プロジェクト

生物多様性の減少機構の解明と  
保全プロジェクト  
(中間報告)

Biodiversity Conservation Research Project

平成13~14年度  
FY 2001 ~ 2002

平成  
13  
~  
14  
年度

NIES



独立行政法人 国立環境研究所  
NATIONAL INSTITUTE FOR ENVIRONMENTAL STUDIES  
<http://www.nies.go.jp/index.j.html>

国立環境研究所特別研究報告

Report of Special Research from the National Institute for Environmental Studies, Japan

SR - 57 - 2003

生物多様性の減少機構の解明と  
保全プロジェクト  
(中間報告)

Biodiversity Conservation Research Project

平成 13 ~ 14 年度

FY 2001 ~ 2002

重点特別研究プロジェクト「生物多様性の減少機構の解明と保全」  
(期間 平成13～14年度)

プロジェクト責任者：椿 宜高  
プロジェクト幹事：椿 宜高  
報告書編集担当：椿 宜高

## 序

本報告書は、平成13～17年度の5カ年の予定で実施されている重点特別研究プロジェクト『生物多様性の減少機構の解明と保全』の平成13～14年度、前期2年間の研究成果を取りまとめたものです。研究半ばではありますが、中間報告としてこれまでの研究過程とその成果を公表することで、今後の研究を展開するための貴重なご意見が各方面よりいただけることを期待しています。

このプロジェクトでは、この報告書で述べているように、前期2年間は5つのサブテーマのもとに研究を推進しました。これらのサブテーマは近年の生物多様性の主要問題のほとんどをとり上げています。ただし、さまざまな問題を別々の視点や方法で研究しようとするのではなく、ある程度の絞り込みを行っています。我々は生物多様性減少のさまざまな要因を、生物分布の空間的構造へのインパクトとしてとらえるという視点で研究をスタートさせました。2年間の研究の進展と、外部評価が契機となって行われた研究者間の議論によって、さらに次のようなことが整理されてきました。

生物多様性は遺伝子、種、生態系の3つのレベルで保全すべきであることが、生物多様性条約にも新・生物多様性国家戦略にも謳われています。生物多様性は、ある一定の空間の中に生息する生物の遺伝子、種、生態系の種類の多さを意味するだけではありません。空間ごとに（大きさは数平方メートルから地球全体まで様々）、それぞれ固有な遺伝子、種、群集が存在することも意味しています。また、このような固有性は地域間での生物の行き来のしかたなどの影響を受けて変化します。こうしたことが、生物多様性の厳密な定義を難しくしています。いずれにせよ、生物多様性の評価では、少なくとも地域内の種多様性と地域固有な生物種の存在を区別すべきです。生態系のさまざまな機能は生態系を構成する種の豊富さに依存していますが、それだけが種多様性の価値ではありません。特定の場所に生息する固有な種の存在が、地域ごとの生態系機能の特色をもたらしています。これも種多様性の重要な側面で、同様のことが遺伝子にも生態系にも言えます。

このような考え方のもとに、今後のプロジェクトは、地域内の多様性と地域固有性を評価することを通して、人間活動によって生じる生物多様性の減少機構を探り、その成果を保全に役立てるという方向づけを予定しています。

平成15年11月

独立行政法人 国立環境研究所  
理事長 合 志 陽 一



## 目 次

1	研究の目的と経緯	1
2	研究の成果	2
2.1	地理的スケールにおける生物多様性の動態と保全に関する研究	2
2.1.1	地域固有性を評価し、保全に必要な地理区分を認識する手法の開発	2
2.1.2	置換不能度 (irreplaceability) の計算アルゴリズムの開発	3
2.1.3	イトヨ地域個体群のヘテロ接合度と類縁関係ー遺伝的情報の保全への活用可能性	4
2.2	流域ランドスケープにおける生物多様性の維持機構に関する研究	6
2.2.1	ハビタットの好適性評価と広域地図化	6
2.2.2	利根川下流域のヨシ原の分布とオオヨシキリの分布の関連性解析	11
2.2.3	ため池の生物多様性が成立している要因と減少機構の解明	13
2.2.4	ダムによる生息環境分断と淡水魚類の多様性低下についての定量的評価	16
2.3	侵入生物における生物多様性影響機構に関する研究	20
2.3.1	侵入生物データベースの作成	20
2.3.2	輸入昆虫の生態影響評価研究	22
2.4	遺伝子組換え生物の生態系影響評価手法に関する研究	27
2.4.1	遺伝子組換え植物の挙動調査用マーカーの開発とそれを用いた挙動調査	27
2.4.2	新たな組換え体解析手法 (DNA アレイの使用) の検討	28
2.4.3	既存の組換え植物 (ダイズ) から野生種 (ソルマメ) への遺伝子移行の可能性の検討	28
2.4.4	微生物の生態系での生残性に関する研究	30
2.4.5	組換え微生物の挙動調査用マーカーの開発および PCR 法による検出・定量法の開発	32
2.4.6	組換え微生物細胞内のマーカー遺伝子の挙動	33
2.5	生物群集の多様性を支配するメカニズムの解明に関する研究	34
2.5.1	森林の樹木の多種共存メカニズムの解明	34
2.5.2	遺伝子地図と個体ベースモデルにもとづくサクラソウの保全に関する研究	37
2.5.3	進化的時間スケールの仮想生態系モデルの開発	38
2.6	まとめ	41

引用文献.....42

[資料]

I 研究の組織と研究課題の構成.....47

1 研究の組織.....47

2 研究課題と担当者.....47

II 研究成果発表一覧.....48

1 誌上発表.....48

2 口頭発表.....52

# 1 研究の目的と経緯

2000年にナイロビで開催された第5回生物多様性条約締約国会議において、生物的多様性の保全に向けての「生態系アプローチの原則」が合意され、生物多様性の保全と持続的な利用のために、次のような目標が掲げられた。

1. 長い進化的歴史の中で育まれた、地域に固有の動植物や生態系などの生物多様性を地域の特性に応じて適切に保全する。
2. 現存の種や地域個体群に新たな絶滅の恐れが生じないようにするとともに、絶滅の危機に瀕している種の回復をはかる。
3. 将来世代による利用も見据えて、生物多様性の減少をもたらさない持続可能な方法により土地や自然資源を利用する。

このような背景のもと、このプロジェクトでは、生物多様性減少の多くの原因のなかで、特に主要な要因とされている生息地の破壊・分断化と侵入生物・遺伝子組換え生物に着目し、生物多様性減少のパターン解析とモデルによる演繹的解析により、その機構の解明を行うとともに、その防止策並びに適切な生態系管理方策を講じるための定性的、定量的な科学的知見を得ることを目的とする。そのために当初2年は次の5つのサブテーマを設定して研究を推進した。これらのサブテーマは今後の研究の進展などに応じて、再構成も視野に入れている。

## (1) 地理的スケールにおける生物多様性の動態と保全に関する研究

人為的な環境変化の影響が大きいと思われる野生生物の地理的分布の文献・フィールド調査を行い、地図情報化するとともに、分布を規定する要因を解析する。これをもとにアジア地域スケールでの生物多様性の変動を予

測する二次元空間モデルの開発を行う。

## (2) 流域ランドスケープにおける生物多様性の維持機構に関する研究

人間と野生生物が共存する流域は、さまざまな単位（ほぼ均一な局所生態系）によってモザイク状に構成される。それぞれの単位の成立要因や種多様性との関係を解明し、水生生物の種多様性や生息状況を予測する手法を開発する。土地変化や気候変動の歴史的情報から野生生物の分布変化を把握する手法を開発する。

## (3) 侵入生物における生物多様性影響機構に関する研究

侵入生物の侵入経路、現在の分布、在来生物へのインパクトなどの情報のデータベース化と地図情報化を行い、分布拡大の原因を分析する。また、遺伝的攪乱の実態調査を行う。

## (4) 遺伝子組換え生物の生態系影響評価手法に関する研究

遺伝子組換え生物の生態系影響評価手法を開発するため、分子生物学的手法による安全性検査手法の開発、モデル実験生態系の設計、並びに組換え遺伝子の自然界への侵入拡大の調査を行う。

## (5) 生物群集の多様性を支配するメカニズムの解明に関する研究

森林生態系をイメージした個体ベースモデルを用いて、多種生物競争系の解析を行う。生息地の分断縮小の影響や遺伝子伝搬を解析して、生物多様性の動態に影響する要因とプロセスを評価する。

## 2 研究の成果

### 2.1 地理的スケールにおける生物多様性の動態と保全に関する研究

#### 2.1.1 地域固有性を評価し、保全に必要な地理区分を認識する手法の開発

##### (1) はじめに

生物多様性は遺伝的多様性、種多様性、生態系多様性の3つのレベルで考えることができるが、さらに、それぞれのレベルの多様性は地域に固有な性格を持っている。たとえば、ひとつの種が遺伝的に異なる地域集団で構成されていたり、似たような森林生態系が地域によって異なる樹種で構成されていたりする。このような地域ごとに固有な遺伝変異、種構成、生態系モザイクは生物多様性の重要な要素である。このサブテーマでは、日本・アジアの地理的スケールで、重点的に生物多様性を保全すべき地域を設定する手法を開発する。そのため、当初2年は種構成の地域固有性を重視した地理区分の設定手法を検討した。同時に環境省による自然環境保全基礎調査の結果が、この目的のためにどの程度利用できるかを検討した。ここでは海鳥を除く繁殖鳥、チョウ、トンボの3分類群の調査データを利用した。約40kmのメッシュを単位に種多様性の高い地域を選んだところ、分類群ごとに全く異なる地域が選ばれることが分かり、単純に種多様性を尺度に保全地域を設定することが難しいことが示された。次に種構成に基づくクラスター分析を行って、地域ごとの類似性を計算したところ、すべての分類群にほぼ共通な6つの地理区に分類できることが分かった。地理区ごとに、保全地域を設定すべき場所が特徴的に存在することが示唆された。

##### (2) 利用した生物分布情報

使った資料は環境省が行った自然環境保全基礎調査（緑の国勢調査）報告である。平成5年に公表された海鳥を除く繁殖鳥、チョウ、トンボのデータをもとに計算した。このデータは環境省の生物多様性センターのHPからダウンロードすることができる。種の分布は国土地理院の地形図を基準に記録されている。国土地理院の1/25000地形図の大きさが約80km×80kmで、この大きさのメッシュを1次メッシュと呼ぶ。2次メッシュは1次メッシュの両辺を8つに細分した、約10km×10km

の大きさ。3次メッシュは2次メッシュの両辺をさらに10に細分した、約1kmのメッシュとなる。生物種ごとに、棲んでいるかいないかの記録が3次メッシュ単位で集積されているが、公表されているのは3次メッシュではなく2次メッシュでの生物分布情報である。しかし、それでも種数の記録のないメッシュが多く調査の濃淡が大きいことが明らかであったので、16個（4×4）の2次メッシュをひとつにまとめた。これを「40kmメッシュ」と呼ぶことにする。この程度の解像度であれば、それほど間違いを犯さずに分布を記述できる。

##### (3) 地域を指定するいくつかの方法

最も単純な基準は、種密度である。仮に、種密度の高い地域から順に国土の約5%を保全地域に指定した場合、選ばれる地域（黄色で示した）は図1のようになる。繁殖鳥、チョウ、トンボの場合を比較すると分かるように、種密度を基準に決めた保全地域は動物の分類群によって全く異なっている。しかも、沖縄県や北海道等、そこにしか分布しない種をたくさん擁する地域は選ばれないという結果になっている。これは、種構成の地域固有性を無視したことに原因がある。

そこで、40kmメッシュ単位に種構成を整理して各メッシュの類似性を計算し、クラスター分析を行った。ここでは、メッシュごとの種構成をもとにクラスター分析を行っているが、その結果を図2に示した。ここでは、大きく6つの地域に分類したとき、すべての分類群にほぼ共通な地理区分分類になることが分かった。どの程度の類似性でグループ分けするかは現状ではかなり恣意的なもので、大きくも小さくも分類可能である。もっと細かく地理区分を設定すると、分類群間の共通性は小さくなる傾向が見られている。グルーピングを数値的に行うための手法を現在開発中（次節参照）で、これが完成すれば、種構成の地域固有性を考慮した客観的な地理区分が完成することになるだろう。以上の結果は、なるべく多くの種をカバーできる保全地域を選ぶには、生物地理的な情報（地域固有性）が重要であることが分かる。そして、適切な地理区分を行った後に、その中で保全地域を設定するという手順が必要だと思われる。



図1 種密度の高い地域から順に国土の約5%を保全地域に指定しようとした場合選ばれる地域(黒色で示した)地域単位は国土地理院の1次メッシュを4等分したもので約40km平方。種密度を基準にすると選ばれる場所は動物の分類群によって全く異なる。



図2 クラスタ分析によって分類した地理区分は、北海道、東北・関東、近畿・中国・四国、九州、南西諸島、小笠原に分けられる。このような地理区分ごとに保全地域を設定する必要があると思われる。

## 2.1.2 置換不能度(irreplaceability)の計算アルゴリズムの開発

### (1) はじめに

ある地域が小領域(サイト)に区分けされていて、サイトごとに存在する種が記述されているとする。どのサイトを保全すべきか優先度を定める指標の一つに、置換不能度がある。この指標は、1993年にPresseyら<sup>1)</sup>のグループにより考案されているが、当初より、計算時間がかかりすぎることが指摘されていた。彼らは、2000年に新たな計算アルゴリズムを考案した<sup>2)</sup>が、それは統計的な仮定を必要としている。また、これら2つの計算アルゴリズムにおいては、何個のサイトで全種表現組み合わせ(representative combination)を実現した場合の置換不能度なのかははっきりしない。全種表現組み合わせとは、任意のサイトを $n$ 個選んだときに、その選んだ組み合わせが、地域にいるすべての種を含んでいる組み合わせを言い、最小の $n$ が存在する。置換不能度は、全種表現組み合わせによって計算されるので、当然 $n$ に依存するはずである。

我々は、これまでのこの二つの欠点、統計的仮定と

全種表現組み合わせのサイズの不明瞭性、を克服しながら、短時間のうちに計算できるアルゴリズムを、ある条件の下で開発した。その条件とは、データが在・不在の二値データであることと、選び出すサイトの数が最小であることである。この限定条件により、計算時間の短縮が実現される。

### (2) 開発した3つのアルゴリズム

我々は、次の3つのアルゴリズムを提案する。まずは、希少種に注目する、希少種アルゴリズム(rare species algorithm)。なるべく多くのサイトに含まれる種に注目する、種密度アルゴリズム(species richness algorithm)。それと両者の混合アルゴリズム(combined algorithm)である。その種を含むサイトが一つしかない場合は(最希少種)、そのサイトは必ず、全種表現組み合わせの一つにならなければならないので、計算対象から外すことができる。残りのサイトの中で、ある種が二つのサイトに含まれるならば(第二希少種)、どちらかが全種表現の組み合わせに入らなければならない。片方が選ばれたとして(分岐)、さらに残りのサイトの中で、ある種が三つのサイトに含まれると(第三希少種)その内の一つを選らばねばならない。これを続けてゆくと、全種表現組み合わせを見つけることができる。希少種に注目しているので、このアルゴリズムを希少種アルゴリズムと呼ぼう。この方法において、最少のサイトによる全種表現組み合わせの条件を課することによって、分岐の数を最小にすることができる。この方法は正確にすべての全種表現組み合わせを求めることができるが、サイト数が増えると、分岐の数も増えて、すべての全種表現組み合わせを求めるには大変時間がかかる。

そこで、最希少種に注目することまでは同じであるが、それ以降のステップでは、最も種を含むサイトに注目する。これを種密度アルゴリズムと呼ぶ。こうすることにより、分岐の数を減らすことができる。これにより、計算時間の大幅な短縮が期待できるが、当然すべての全種表現組み合わせを求めることはできない。

また、両者を組み合わせた混合アルゴリズムを提案する。分岐の際に、0から1までの一様乱数を発生させ、事前に決めたある値 $p$ よりも小さければ、希少種アルゴリズムを、大きければ種密度アルゴリズムを採用する。これにより、種密度アルゴリズムのみで拾いきれない全種表現組み合わせをなるべく多く拾い出すことが期待で

きる。さらに、この混合アルゴリズムを繰り返すことにより、拾い損なう全種表現組み合わせを少なくすることが期待できる。これらのアルゴリズムを、関東地区322個のサイトの実際のチョウのデータに適用した。このようにサイト数が多い場合は、混合アルゴリズムが最も優れた結果を得た。

### 2.1.3 イトヨ地域個体群のヘテロ接合度と類縁関係

#### ー 遺伝的情報の保全への活用可能性

##### (1) はじめに

イトヨ *Gasterosteus aculeatus* L. はヨーロッパから北米東・西岸、そして日本列島北半部周辺までに生息している淡水魚であるが、成長期を沿岸で過ごし淡水域で繁殖する遡河回遊型(遡河型)と全生活史を淡水で過ごす陸封型とが存在する。後者の陸封型は日本列島では湧水域に生息することが多く、湧水域の減少とともに絶滅の危機にさらされている。本研究では、日本列島各地の10地域個体群から個体標本を採集し、マイクロサテライト遺伝子の対立遺伝子型頻度解析を行い、個体群の遺伝的多様性を評価するためのヘテロ接合度測定と個体群間類縁関係を推定するための系統解析を行った。

##### (2) 材料と方法

遺伝子解析に用いたマイクロサテライト遺伝子座(以下、STR (short tandem repeats) と言う。)は、Taylor<sup>3)</sup>とRico *et al.*<sup>4)</sup>が開発した合計8座を用いた。これらの遺伝マーカーを、北海道ハルトリ川・同ニシキタツ川・十和田湖・青森県奥入瀬川・岩手県大槌川・会津白山沼・栃木県栗山村池・新潟県信濃川・福井県大野市池・岐阜県山除川の10カ所から採集した12個体群標本に適用した。解析作業にはApplied BiosystemsのABI310シーケンサーを用いた。解析によって得られた対立遺伝子頻度は集団遺伝学解析ソフトウェアGenepop 3.3<sup>5)</sup>を用いて、頻度集計とヘテロ接合度に関するHardy-Weinberg検定に付した。また、頻度分布を材料として、系統解析ソフトウェアパッケージPhylyp 3.5<sup>6)</sup>を用いて個体群間の類縁関係を求めた。関係推定には、Nei's genetic distance<sup>7)</sup>に基づいた頻度変化に遺伝的浮動と突然変異を考慮した近隣結合法と遺伝的浮動のみを考慮した最尤法を適用した。それぞれの手法ではブートストラップ法を用いて系統分岐点の信頼度を求めた。

##### (3) 結果

STRマーカーの対立遺伝子はDNA塩基対数 (base pair number) を尺度とした長さによって区別したが、その数は個体群によって、またマーカーによって大きく変化した。特に個体群による違いが顕著で、最も対立遺伝子数の多かった信濃川個体群は1つのマーカーを除いて数が16個以上あり、最も多いものは46個に達した。これに比して、他の個体群はマーカーごとの数がほぼ1桁であり、明確な対照を成していた。ただし、ハルトリの個体群だけはマーカーごとの対立遺伝子数が20前後であり、信濃川に近い傾向を示した。

これらの対立遺伝子の群内における遺伝子型頻度を用いて、ヘテロ接合度が対立遺伝子頻度から期待される程度に見合っているかどうか、および任意交配によって期待されるHardy-Weinberg平衡が成立しているかどうかを調べた。その結果、ヘテロ接合度の期待値と観察値との差、Hardy-Weinberg検定の統計値ともに、ほとんどすべての個体群についてヘテロ接合度が期待されるほどに高くない、すなわち群内個体間の任意交配が認められず、Hardy-Weinberg平衡が成立しないことを支持する結果となった。ただし、十和田湖の個体群だけは、ヘテロ接合度の期待値と観察値とに差があるとは結論できず、さらにHardy-Weinberg平衡が成立するという仮説を棄却するにはいたらないということで、他の個体群とは異なった傾向を示すことがはっきりした。

対立遺伝子頻度組成の違いによる個体群間の類縁関係推定は2つの方法を用いたが、両者の結果に大きな違いは無く、共通の類縁群 (clade) が検出された(図3)。これらの類縁群のうち1つは、十和田湖と奥入瀬川から成る。もう1つは、会津白山沼・栃木県栗山村池・福井県大野市池から成り、前群よりも広い地理的範囲に分布している。それ以外の個体群は特定の結びつきが認められず、極めて広範囲に分布している群を含むにも関わらず、顕著な違いが認められないことが分かった。

ところで、検出された類縁群はそれぞれ、元々自然分布していたのではない移入群を1群ずつ含んでいる。十和田湖個体群と栗山村池個体群がそれである。これらの移入群はどこから由来したかが不明であったが、今回の類縁関係推定の結果、十和田湖の群は奥入瀬川から、栗山村池の群は会津地方から人為的に由来したものと推察された。また、会津白山沼と大野市池の群は地理的には極めて離れているが、その類縁関係の近さから推定する

と、日本海を介して比較的現代に近い時期まで直接的ではなくとも遺伝的な交流を保っていたものと考えられ、遺伝的多様性保全の上で配慮すべき単位を成していると考えられる。

#### (4) 議論

以上の結果から、地域個体群の絶滅危険性および個体群間の遺伝子交流の可能性について重要な示唆が得られる。まず、絶滅危険性であるが、個体群が生息地の面積縮小や環境悪化によって減少させられると、個体数の低下に起因する十分な繁殖機会の喪失により近親個体間の交配による近交劣化の発現にいたり、個体群の存続可能性を低下させることが予想される。STRマーカーによるヘテロ接合度解析は、このような過程の中での遺伝的多様度の低下の検出に有効であると考えられる。今回の結果では、十和田湖を除く個体群で多様度の低下が認められて、これらの個体群の絶滅のおそれが高くないことを示唆しており、これは絶滅のおそれを助長する要因を各個体群に枚挙してみた結果とも矛盾しない(表1)。

環境省のレッドデータブックでは絶滅のおそれがあるものとして、福島県以南のイトヨ個体群が挙げられているが、それより以北の東北・北海道の個体群についても絶滅のおそれは無視できないと考えられる。ただし、ヘテロ接合度はレッドデータブックの掲載種の判定基準とはなっておらず、またイトヨに限らずその他の野生生物種に同様の調査を適用した例にならなくても、ヘテロ接合度による判定を確かな基準として採用できるかどうかは明確であるとは言えないので、今後様々な例に適用して行く中でさらに検討することが必要であると考えられる。

遺伝子交流については、類縁関係推定によって検出された類縁群の中で過去のさほど遠くない時点で交流があった可能性が高いが、強い類縁関係の認められなかった個体群間でも遺伝子交流の可能性が指摘できる。

日本列島とその周辺に分布する個体群の間では、アロザイム解析によって遺伝的に異なる2つの系統群が存在することがHiguchi & Goto<sup>9)</sup>によって指摘されている。つまり、日本海沿岸を中心に分布する遼河型個体群からなる日本海型と太平洋沿岸に分布する遼河型個体群と全ての陸封型個体群とからなる太平洋型である。これらの2型は生活史・形態から明確に区別ができる上、Ishikawa & Mori<sup>9)</sup>によれば繁殖行動の上でも明確な違いがあり共

存してもある程度の繁殖阻害が働くと考えられている。

今回の結果では、信濃川個体群が唯一の日本海型にあたるが、この個体群は前記の2類縁群以外の個体群と明確に異なる類縁群に識別されることはなかった。すなわち、系統的には明確に区別される個体群ではないことになり、系統群の違いにもかかわらず遺伝子交流が起きている可能性が否定できない。ところで、対立遺伝子数の多さから言うと、遼河型淡水魚は陸封型のそれよりも数が多いという傾向があり<sup>10)</sup>、信濃川とその他の陸封型個体群の多くはそれぞれこれに合致するが、前述したハルトリ個体群は陸封型であるにもかかわらず遼河型に近い対立遺伝子数を示す。実は、この個体群は太平洋型遼河型個体群、さらには日本海型個体群(遼河型)と共存している。そこで考えられるのは、これらの個体群の間では繁殖阻害の存在にもかかわらず異系統間繁殖が生じており、遺伝子組成に影響する程度の遺伝子交流が起きているということである。つまり、信濃川とハルトリの個体群間で異系統間の遺伝子交流が示唆される。もちろん、信濃川には日本海型の個体群しか存在せず、また最も近い距離に存在する太平洋型の遼河型個体群は北海道のものであるため、共存地域ほどには活発な遺伝子交流が起きていないとは考えられるが、遼河型個体群同士の遺伝子交流を通じて遺伝子組成の類型化が起きているものと考えても良いと思われる。

このことは、Yamada *et al.*<sup>11)</sup>やWatanabe *et al.*<sup>12)</sup>がミトコンドリア遺伝子解析を通じた地域個体群類縁関係推定から、日本海型と太平洋型の個体群の間で明確な区別ができず、2型が日本海域の地理的隔離によって遺伝的に分化したが、その後の隔離消失・共存によって遺伝子浸透が起きている可能性が高いと結論づけていることから裏付けられる。今回の結果を求めたのは核ゲノム遺伝子であり、それはミトコンドリアゲノム遺伝子とは個体群内での消長・変異及び個体群間の伝播などにおいて必ずしも同じ挙動を示さないが、ともに比較的中立で自然選択に関係の薄い遺伝子として交雑による遺伝子交流の機会を反映しやすいと考えられるので、個体群間の遺伝子交流を探る上で有用な情報を提供するものと考えられる。

遺伝的多様性維持あるいは個体群保全の観点から言えば、遺伝子交流の実態が観察されるということは重要であり、今回調査した個体群、例えばハルトリ個体群で言

えば、日本海型の遡河型個体群と遺伝子交流が起きている可能性があり、この遺伝子交流を保障する方向で保全がなされることが重要であると考えられる。

類縁関係推定ではさらに十和田湖と栗山村池の個体群に関して移入元の個体群が推定されたが、十和田湖に関してはヘテロ接合度から見れば健全な状態にあり、一方で移入元の奥入瀬川個体群は絶滅のおそれが見られる。栗山村池にも見られるように、生息条件さえ保障

されれば、十和田湖に限らず移植によって比較的容易に個体群を定着させることが可能であることが明らかである。十和田湖のように元々生息地でなかった場所への移植や栗山村池のように阿賀野川水系から鬼怒川水系へと他水系への移植は生物多様性保全上問題であるが、類縁群の地理的分布に配慮した移植は、個体群維持や復元のために活用可能な手段となりうることを示している。

表1 個体群の絶滅を助長する要因とヘテロ接合度検定

	ハルトリ	ニシキタツ	奥入瀬	十和田湖	大槌	会津	栗山	信濃川	山除	大野
小生息域		○	○		○	○	○		○	○
生息域縮小		○			○	○			○	○
水質悪化	○									
漁獲圧				△				○		
ヘテロ接合	<0.001	<0.001	<0.001	=0.37	=0.016	<0.001	<0.001	<0.001	<0.001	<0.001

○:要因が強い, △:やや強い, 空欄:顕著でない, ヘテロ接合の欄は, Hardy-Weinberg 平衡成立時に当該ヘテロ接合度が観察される確率を示す。



図3 イトヨ地域個体群のヘテロ接合度と類縁関係

## 2.2 流域ランドスケープにおける生物多様性の維持機構に関する研究

### 2.2.1 ハビタットの好適性評価と広域地図化

(1) はじめに

野生動植物の保全にとって、個々の種の分布地図は最も基本的で不可欠な情報源である。しかし、分布の情報はほとんど常に不完全で、調査の濃淡が原因で生じる偏りも大きい。つまり、野生生物の分布地図の作成には膨大な時間と労力を要することを意味している。個々の種の分布情報を長い年月をかけてコツコツ集め、分布地図を作成しても十分なものができる可能性は低い。しかも、その時には自然環境の開発、修復、攪乱などのために大きな分布変化が起きているに違いない。

近年の自然環境の急激な変動に伴う生物種の分布変化を刻々と（せめて10年ごとに）フォローできるような分布地図を作成すべきではあるが、分布の点情報を蓄積して行く方法では限界があることは明らかである。そこで、この報告では分布地図の代わりにハビタット地図を情報として使うことを提案する。その理由は次のように整理できる。

- 我々が保全すべきは個々の生物であるというよりも、その棲息場所である。
- 問題にしている生物種が発見できなかった場所は、棲息に不向きな場所であるとは限らない。開発が進みほとんどの種のハビタットが分断化している現在、多くのハビタットで独立に侵入や絶滅を起こしながら、全体として存続している種が増加している可能性が高い。
- 植生、土地利用パターン、標高、地形などの情報は生物分布情報に比べて緻密であり、これらの情報から間接的にハビタットを推定する方法（モデル）を構築することはある程度可能である。
- これらの情報は日本全域をカバーでき、少なくとも10年ごとにアップデートすることが可能であるので、ハビタットの分布変化をフォローする要求はかなり満たされることになる。

## （2）ハビタットとしてのエコトーン

エコトーンとは二種類以上の景観要素（たとえば森林、湿地、河川などのことで、生態系と呼ばれることもある）が接する場所で、全く異なる環境が移行する場所をさす。たとえば陸域と水域の境界、農地と森林の境界などである。多くの動物は生活史ステージによって、異なった場所を利用したり、時間によって生活場所を変えたりする。そのため、多くの動物が、エコトーン周辺を複数の生活条件を満足する場所として利用し、その結果として種多様性も個体数も大きいことが知られている。したがって、優れたエコトーンを探索して保護の対象にしたり、失われたエコトーンの修復をはかることは生物多様性の保全にとってきわめて有効であると考えられる。

この研究では、森林/河川エコトーンに棲息する典型的な種であるカワトンボについて、ハビタットの把握手法の提案とその棲息好適性の評価を行い、生息確率の空間分布を広域に地図化した。カワトンボは幼虫期は溪流の水中で生活し、流速、溶存酸素、隠れ場、餌供給量などがその生存を決定する条件であると考えられる。一方成虫期は陸上/空中生活者となり、とまり場、餌探索空間、雌雄の配偶行動を展開する空間が重要な棲息条件である。このような幼虫と成虫の両方の要求を満足するのが森林/河川エコトーン近くの空間である。

しかし、森林と河川の境界は重要ではあるが、ハビタットが線だけで構成されえているはずはなく、ある

程度の厚さの森林が必要だということは容易に想像できる。カワトンボの場合は流路のまわりにどれだけの森林が必要かということになる。そのために、まずバッファ解析を用いて、河川の周りにどれだけの幅の森林を必要とするかを推定した。その後、バッファ内の森林面積比率をハビタットの好適性を左右するパラメータと見なし、カワトンボの棲息データ（1/0データ）を用いて個々のハビタットの好適性評価を行った。

## （3）利用した情報

この研究で用いた地理情報、生物分布情報は下記の方法で取得、または既存情報を加工した。

### ●ランドカバー図

茨城県と栃木県を流れる那珂川流域の国土地理院の航空写真を利用。1960年代と1990年代に撮られた写真、それぞれ約4,000枚を読み取って、ランドカバーのラスターデータを作成した。航空写真から区別したランドカバータイプは、落葉広葉樹林、常緑広葉樹林、落葉針葉樹林、常緑針葉樹林、スギ・ヒノキ植林、二次林、伐採後植生、自然草地、二次草地、ゴルフ場、水田、畑地、竹林、桑畑、湿地植生（ヨシ原、ヤナギ群落など）、人工構造物（市街地、工場など）、裸地、開放水域である。

類似の植生図（自然環境保全基礎調査データベース）が環境省生物多様性センターから公表されているが、県ごとに精度が異なること、植生の境界を区分する基準が一定でないなど、この研究で行おうとする解析には適さないことが分かったので、全域の精度もそろえたランドカバー図を作成した。ただし、ランドカバーのタイプが写真から判読しにくい場合は、当該地点の基礎調査データベース情報を参考にした。

### ●標高図

国土地理院発行の数値地図50mメッシュ（標高）データ。

### ●河川図

国土地理院発行の数値地図25000（地図画像ラスターデータ）をもとに北海道地図（株）がベクトル情報化した河川データを利用した。ただし、この河川データには一次水流（源流近くの細い河川）のほとんどが含まれていないので、数値地図から一次水流を読み取ってラインデータ化し、河川データに追加した。

### ●カワトンボの分布地点図

2001年カワトンボ成虫出現期（那珂川では5月下旬から6月下旬）に那珂川流域内のできるだけ広域にわたって生息状況の野外調査を行った。全部で74地点。調査地点の選択にあたっては三次メッシュを書き込んだ1/50000地形図と道路地図を用いて、全域からランダムに三次メッシュを選択するようにつとめた。道路事情、時間（季節）の制約などから、結果的にはアプローチの容易な地点が多く選択された。河川が存在しないメッシュはカワトンボが棲息している可能性がないので、調査対象としなかった。

選択された各々のメッシュの中では、河川と道路が隣接する地点を探し、その地点を出発点として上流または下流方向へ50mの流程を歩き、目視によってカワトンボが棲息しているかどうかを調査した。発見できなかった場合は、さらに歩行距離を100から200m延長して目視を続けた。これによって、棲息しているにもかかわらず「非棲息」と判定してしまう過誤の可能性を減らした。

#### （4）バッファー解析

生物の棲息環境の評価にはしばしばバッファー解析が用いられる。これは生物の棲息状況を調査した地点の周囲の植生、地形、気象条件などを総合的に解析し、どのような要因が棲息/非棲息を決めているかを判定するための方法である。この解析がここで提案するハビタットモデルの出発点になる。バッファー解析では、特定の点の評価を周囲のランドカバー面積比率によって行うが、その後これをランドカバーの絶対面積による評価手法に変換する。

##### ●リングバッファー解析

まず、通常のリングバッファー解析を使った調査地点の評価を行う。現地調査では50mの流程を目視調査しているが、大きな地図上では点と見なせる大きさである。データ処理の手順は次のとおり。

1) 調査地点の周りに、50, 100, 150, 200, 400, 600, 800, 1,000mの円を描いた。

2) 次に各々の円にはさまれたドーナツ状の領域内のランドカバータイプの構成比を集計した。

3) ドーナツ領域の各ランドカバータイプの比率をアークサイン変換してこれを独立変数とし、調査地点の棲息/非棲息を従属変数としてロジスティック重回帰分析を行った。

4) ロジスティック重回帰分析の結果から、使用すべき有意なパラメータを選択・統合した。試行錯誤の結果、カワトンボの場合は、落葉広葉樹林、常緑広葉樹林、落葉針葉樹林、常緑針葉樹林、スギ・ヒノキ植林、二次林、伐採後植生をまとめて森林と考えた場合が最も説明力が高く、他のランドカバータイプはほとんど無関係だったので、以後は森林面積だけを使って解析を進めた。

5) 回帰分析によって得られる相関係数 ( $R^2$ ) をバッファーサイズに対してプロットすると、最も説明力の高いバッファーサイズを選ぶことができる。相関係数は50~100mの範囲のドーナツ域の森林比率が最も説明力が高く、調査地点から遠くなる程説明力が低下することが分かった。

6) 次にドーナツ域の森林面積を中心点から積算し、円内の森林比率と中心地点の棲息/非棲息との関係についてロジスティック回帰分析を行った。この場合は400mでピークがみられた。以上の結果から、カワトンボの棲息には河川の近くの森林が必要であること、調査地点の直近の森林ほど影響が大きく、距離が離れるほど影響は小さくなるが、約400mの範囲の森林面積が棲息/非棲息に関与していることが分かった。

##### ●リング内ラインバッファー解析

前節で行ったリングバッファー解析は、中心点からの全方位に対して行うもので、特定の方向に環境の傾斜がある場合には問題が生じる。ここでは河川と森林の境界線からどれだけの幅の森林が必要かを議論しているのであるから、河川の流程方向と河川から離れる方向では当然環境の傾斜が異なるはずである。言い換えると、400mのバッファー内の森林比率が有効であるという結果が得られたが、河川にそっての400mが有効なのか、河川から離れる方向の400mが有効なのかは区別できていない。そこで、次のような方法を考案した。

1) 前節で描いた400mのリングバッファーの中に、河川の中央ラインの両側に50, 100, 150, 200, 250, 300mのラインバッファーを描いた。この方法は400mまでが限度である。

2) 次にリングバッファー内でかつラインバッファーに挟まれた領域内の森林面積比を集計した。

3) 森林面積比をアークサイン変換して独立変数、調査地点の棲息/非棲息を従属変数としてロジスティック

ク回帰分析を行った。

4) 得られた相関係数 ( $R^2$ ) をラインバッファサイズに対してプロットすると、同様に最も説明力の高いバッファサイズを選ぶことができる。その結果、約200mにピークがあることが分かった。

以上のリングバッファとラインバッファを組み合わせさせた方法から、河川のラインから約200m幅の中に存在する森林（必ずしも川に接している訳ではないが、ここでは河畔林と呼ぶ）の面積がカワトンボの棲息/非棲息を左右していることが推定できた。

#### (5) ハビタット解析

これまでのバッファ解析ではセンサス地点の周囲の環境を解析してきた。これはあくまでも特定のポイントの質を周囲の環境によって評価する手法であり、ハビタットを面としてとらえているわけではない。しかし、前節で求めた河川から200mのラインバッファ内に存在する連続した森林の大きさをハビタットの質に影響する河畔林面積とみなせば、その影響を地図上に描くことが可能となる。図4はその一部を拡大したものである。この図から分かるように、川のある支流では大きな河畔森林が帯状に存在する。一方、別の支流では細かく分断化されていることが分かる。この節では、河畔林面積がハビタット好適性に及ぼす影響評価を、そのサイズとの関連において行う。

これまでは、計算が複雑になるのを避けるために考慮しなかったが、カワトンボの棲息に影響する重要な変数として標高（もしくは気候条件）があり、高標高（寒冷地）ほど個体数が少なくなる傾向がある。河畔林面積と標高という全く尺度の異なる変数を1つのモデルに組み



図4 カワトンボの潜在的ハビタットと河畔林の分布。繋がった河畔林と細片化した河畔林を示す。

込むために、ここで「河畔林面積当量」という概念を導入する。

河畔林面積は非常に小さいもの（約4 m<sup>2</sup>）から大きなもの（約1,300km<sup>2</sup>）まで9桁のレンジがあること、対数変換後に頻度分布が正規化されることを考え、面積を対数変換した値を用いた。標高ゼロの河畔林面積の対数をXとした時、カワトンボの生息確率Pは次のロジスティック式で表わされる。

$$P = \text{Exp}(A+B*X)/(1 + \text{Exp}(A+B*X)) \quad (1)$$

河畔林面積Xの生息確率Pに与える効果は、標高Eによって、次の式に従って変化すると仮定する。

$$X = X' (1 - E/E^*) \quad (0 < E < E^* \text{ のとき } E = E, E \geq E^* \text{ のとき } E = E^*) \quad (2)$$

ここで、X' は標高Eに存在する河畔林の面積、E\*は生息限界の標高。これらの関係を用いれば、標高の高い河畔林面積は標高ゼロの河畔林面積に換算して生息確率を評価することができる。また、最も相関係数の高いロジスティック回帰式を与えるE\*を推定することで、標高が生息確率に及ぼす影響を独立に評価できることになる。カワトンボの場合、E\* = 1100 m、A = -3.805、B = 2.697という結果がえられた。E\*が1100mの場合、たとえば標高500mの地点にある183haの河畔林は、標高ゼロmにある100haの河畔林と等価であると解釈される。

この式をグラフにしたものが図5である。モデルの棲息確率予測と実際の棲息状況を比較してみると、モデルで棲息確率が0.8以上と予測されたハビタットではほぼ

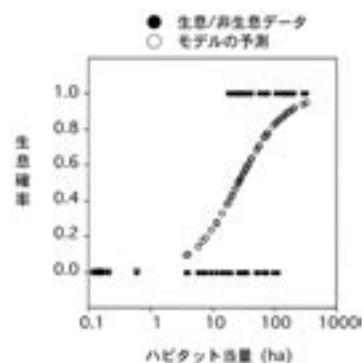


図5 河畔林面積をその標高に基づいて河畔林面積当量に換算し、生息/非生息データとロジスティック回帰した結果

確実に棲息しており、0.4以下と予測されたハビタットには全く棲息していないことが分かる。また、標高ゼロmに換算した河畔林面積が10ha以下のハビタットではほとんど生息しないのに対して、100ha以上のハビタットにはほぼ確実に生息することが分かる。次にモデルの予測値を利用して、流域全体のハビタット評価を試みることにする。

#### (6) 好適生息地の地図化

棲息確率が0.8以上と評価されるハビタットを黒、0.4～0.8の範囲にあるハビタットを灰色で示したのが、**図6**である。この図から、中流域の低山地を流れる支流の一部に好適なハビタットが分布し、中程度のハビタットはその周りや東側の低山地の支流に分布していることが分かる。また、西側の標高の高い山地には、標高条件のために分布が制限されていることが分かる。平坦な氾濫原には河川/森林エコトーンを形成すべき森林がほとんど残っていないことも分かる。

#### (7) 好適ハビタットの年代による変化

1990年代のランドカバー地図と棲息/非棲息データをもとにロジスティック回帰モデルを作成し、さらにカワトンボのハビタット好適性を那珂川流域全体に関して地図上に表現することができた。この節では、過去（1960年代）のランドカバー地図を利用して、現在と全く同じロジスティック回帰モデルのパラメータが有効であるという仮定のもとに、約30年間で生じたハビタットの変化を推測した。



図6 ハビタットの分布と生息確率を示した地図

このようにして推定された那珂川流域のハビタット好適性を地図上に描き、異なる2つの時代を比較すれば30年間の変化の様子が面的に把握できることになる。まず、流域全域での河畔林面積を好適性のグレードごとに集計してみた結果、この30年間ではほとんど変化がないことが分かった。しかし、狭い地域をクローズアップしてみると、河畔林の消失、新しい河畔林の発生など、場所によって増減のパターンが異なることがしばしば観察された。そこで、流域全体を1kmメッシュで区切り、グリッドごとの河畔林の面積を1960年代と1990年代について計算した。その増減の割合を計算した結果が**図7**である。グリッド面積に対して3%以上の河畔林面積の増加があったグリッドを白で、3%以上の減少が見られた河畔林を黒で表示している。背景には鳥瞰図を示したので、傾斜の大きさと河畔林の増減との関係を視覚的にとらえることができる。急峻な北西部は標高も高く、もともと棲息に不向きな地域である。河畔林の増加が見られる場所は、低山地に多いことが分かる。一方、河畔林の減少は平野部に目立っている。

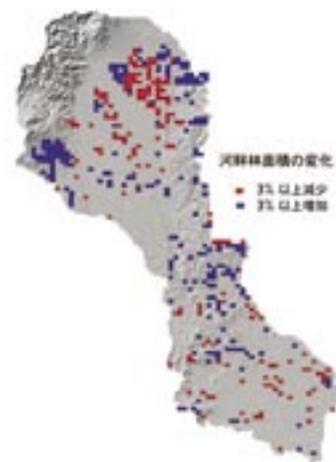


図7 1960年代から1990年代への河畔林面積の変化  
1kmメッシュ単位に集計。平野部で河畔林が減少し、山地で増加していることが分かる。

#### (8) 議論

ハビタットモデルから得られた好適ハビタットの地図をみると、低山地の支流/細流域がカワトンボのおもなハビタットであることが分かる。河川/森林エコトーンの近くをハビタットとする生物は流水性のトンボだけではない。鳥類、両生類、は虫類にも川辺、それも細流の周辺の森林や草原を利用する種が多い。一般には草原性と考えられている蝶類でもおよそ半数の種は溪流の近く

で生活している。河川/森林エコトーン周辺のハビタット評価は多くの野生生物保全に共通の問題を含んでいると言える。

ハビタットの面積と生物の棲息確率の間には一般に非直線的な関係が期待される。つまり、面積が極めて小さい場合には面積が少々増加しても棲息確率は上がらないが、ハビタット面積がある値を越えると面積の増加とともに急速に確率が上がる。また、面積がかなり大きい場合はそれ以上面積が増えても棲息確率はたいして上昇しない。このことは、棲息確率が0から1までの範囲しかとらないこととも関係している。

ここで提案したハビタットモデルは地理情報のデータ加工に多くの労力を必要とするが、いったん情報を整備すれば様々な生物のハビタット評価が可能となる。また、ロジスティック回帰モデル(1)では、河畔林面積は対数変換して用いているので、これだけでも非線形な影響を仮定していることになる。

この研究のもう1つの論点は、河川と森林の境界近くハビタットを線ではなく、面としてとらえることにある。堤防に一列に植えられた柳の並木と川の境界線と、深い森林と溪流との境界線とでは生物の棲みやすさは全く違うはずである。川からの森林の深さが野生生物の棲息可能性とどのような関係があるのかは多くの研究者が重要性を指摘しながらも、ほとんど検討されてこなかった。ここでは、ロジスティック回帰において最も相関の高くなる距離を森林の深さの影響範囲と考えることで、ハビタットに影響する変数として河畔林サイズを定義した。簡単な方法ではあるが、その結果、河畔林サイズの影響を解析することが可能となった。

ここで提案したモデルは、手法としてはかなり応用範囲が広いと考えられる。すでに示したように、過去のランドカバー図と地形、標高、河川などの地理情報が入手できれば、過去のハビタット推測地図を描くことは容易にできる。また、那珂川で得られたパラメータはほとんどそのまま、関東一円の河川流域に棲息するカワトンボに使えるだろう。また、北海道や九州など、気候条件が異なる地域への適応もパラメータを少し変更または換算するだけで使えるだろうと考えている。たとえば、ここでは、標高データを変数として用いたが、その代わりに積算温量を使えば、全国的なハビタット評価をできる可能性がある。

## 2.2.2 利根川下流域のヨシ原の分布とオオヨシキリの分布の関連性解析

### (1) ヨシ原の分布の変化

1960年代および1990年代に撮影された空中写真をもとに、それぞれの年代の植生図を作成した。オオヨシキリにとって必須の生息地はヨシ原であるため、植生図から生息地としてヨシ原を抽出し、霞ヶ浦周辺のおよそ2,000km<sup>2</sup>の地域のヨシ原の分布・構造の変化を解析した。ヨシ原は、この地域の総面積の約1%を占めるにすぎないが、過去30年間に霞ヶ浦周辺におけるヨシ原の総面積は27.8km<sup>2</sup>から25.3km<sup>2</sup>に減少した。しかし、ヨシ原の分布を詳細に見てみると、1960年代には霞ヶ浦湖岸に広がっていた423haのヨシ原が1990年代には半分以下の183haに減少し、霞ヶ浦と利根川をはさむ水田地域でヨシ原の増加が認められた。ひとつのヨシ原の平均面積は、30年前には4.9 ± 0.48ha(平均 ± SE, N=562)であったものが、現在では3.1 ± 0.32 ha (N=857)へと減少していた(Mann-Whitney U-test, P<0.01: 図8)。また、30ha以上の大きなヨシ原の数は21から12へと減少していた。

1960年代から1990年代にかけての水田面積の増減と湿地植生の増減の間に負の相関がみられることから、水田から湿地植生へと変化していることがみてとれる。このことは、霞ヶ浦湖岸や利根川河川敷に広がっていたまとまった面積の大きいヨシ原が縮小、消滅したのに対して、放棄水田が変化したヨシ原が増加したため、個々のヨシ原サイズが小さくなり、生息地の消失・断片化が進んでいることを示している。

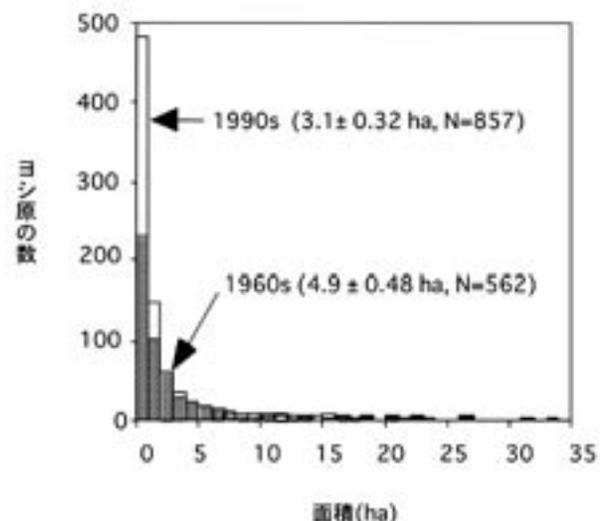


図8 ヨシ原サイズの頻度分布

(2) オオヨシキリの分布を決める要因

オオヨシキリの生息に適しているヨシ原の特性を明らかにするために、1990年代植生図から湿地植生を抽出して、霞ヶ浦周辺の2次メッシュ10個（およそ1,000km<sup>2</sup>）の地域のヨシ原をすべて踏査して、オオヨシキリの生息状況を調べた。その結果、オオヨシキリが実際に生息していたヨシ原は全体の42%に過ぎなかった。この調査結果を用いて、ヨシ原の形状、ヨシ原の周囲の植生カバー面積、地形、ヨシ原間の距離などとオオヨシキリの分布との関係を解析した。その結果、オオヨシキリは水辺に近い標高20m以下にあるヨシ原に生息している傾向があった。変数増減法のロジスティック回帰モデルを使って、オオヨシキリの生息に影響を及ぼしている要因を求めたところ、ヨシ原の標高と0.5ha以上の大きいヨシ原からの距離の2つ変数が選ばれた（式1）。

$$\text{Logit}(p) = 0.530 - 0.233 \times \text{標高} - 0.353 \times \text{距離} \quad (\text{式} 1),$$

$$R^2 = 0.253$$

ヨシ原にオオヨシキリが生息する確率は、図9の面グラフで表される。オオヨシキリの生息確率は、ヨシ原の標高が低いほど高くなるが、面積が0.5ha以上ある大きいヨシ原から距離が離れるにつれて低くなることが明らかになった（図9）。霞ヶ浦では、オオヨシキリの繁殖成功率はヨシ原の大きさに依存し、0.5 ha以下の小さいヨシ原では繁殖成功率が低いことが分かっている。そのため、面積の大きいヨシ原が次世代個体の供給源ハビタットとなっていて、周囲のヨシ原に個体を供給する、いわゆるソース・シンク (source-sink) 型の個体群構造をしていると考え、大きいヨシ原から離れるにしたがって生息確率が減少するという現象をうまく説明できる。オオヨシキリの生息確率モデルを用いて、霞ヶ浦周

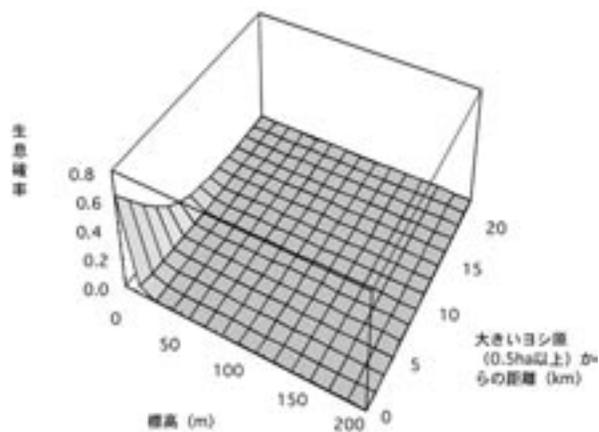


図9 オオヨシキリのヨシ原への生息確率

辺のオオヨシキリの分布を推定したところ、生息確率モデルは70%の正確さでオオヨシキリの分布を再現することができた。ヨシ原の特性を抽出する基礎とした空中写真の撮影された年と現地調査を行った年の間に少なくとも4年の時間差があること、航空写真からはヨシ原の細かい質まで読みとれないこと、および、オオヨシキリが好適と考えられるヨシ原を完全に利用できないことが生息確率モデルの精度を低下させていると考えられる。また、ヨシ原ごとのオオヨシキリの生息個体数は、ヨシ原の大きさに比例するが、前述の標高およびソースハビタットからの距離とは負の相関が認められた。そこでオオヨシキリの生息個体数を推定する重回帰モデルを作成し、霞ヶ浦周辺のオオヨシキリの生息個体数を推定し、実際のセンサス結果と比較したところ、推定値は実測値の5%の誤差範囲内にあった。

次に、1960年代の植生図に1990年代の分布から得られたロジスティック回帰モデル（式1）と密度推定の重回帰モデルから30年前の霞ヶ浦周辺のオオヨシキリの分布と生息数を推定した（表2）。オオヨシキリの行動範囲が巣場所から1 km以内であるため、1 km以内にあるヨシ原は連続したサブ個体群を形成していると仮定して、オオヨシキリのサブ個体群を推定した。

その結果、30年前には、霞ヶ浦湖岸と利根川河川敷に大面積のヨシ原が多かったため、存在するほとんどのヨシ原がオオヨシキリにとって好適な生息地であったと推定された。また、ヨシ原の分布より推定されたサブ個体群数も現在の2倍以上あり、霞ヶ浦周辺を含む利根川下流域総生息個体数は現在の5倍以上であったと推定された。過去30年間で、ヨシ原の縮小・断片化が進行して、好適なヨシ原が減少したため、オオヨシキリの繁殖個体群が縮小したと考えられる。

(3) オオセッカの生息状況の把握

河口から16~33kmの区間の利根川河川敷で、希少動

表2 ロジスティック回帰より推定されたオオヨシキリの個体群構造

	1960s	1990s
ヨシ原総面積	2,783 ha	2,532 ha
生息適地 (生息確率10%以上)	2,772 ha	497 ha
推定個体数	110,920 ± 6,162	19,868 ± 2,400
サブ個体数	45 ± 3.0	21 ± 2.5

植物種に指定されているオオセッカの生息状況を調べた。センサスの結果、利根川右岸16.0～33.0km区間、利根川左岸22.3～32.5km区間、高浜地区休耕田において、合計375羽のさえずっているオオセッカが確認された。河川敷形状と各植生の面積を使ってロジスティック重回帰モデルを構築した結果、オオセッカの分布は湿潤なスゲ・ヨシ原の広さと高密度地域からの距離で決まることが明らかになった。また、河川敷の幅が広く全域を見渡せないため、オオセッカの個体総数を推定するための重回帰モデルを作成した。植生面積や個体群密度の分布を用いた重回帰モデルでは559羽のオオセッカ雄が生息していると推定された。利根川下流域のオオセッカの生息域は拡大していて、8年前の3倍強にまで個体数が増加して、1,000羽以上の個体が利根川下流域に生息していると推定され、日本国内の最大の個体群となったと考えられる。

### 2.2.3 ため池の生物多様性が成立している要因と減少機構の解明

#### (1) はじめに

兵庫県南部（三木市、小野市、神戸市、明石市、加古川市、稲美町、社町）にある35のため池を対象に、ため池の生物群集とその多様性がどのような環境要素により規定されているかを調べた。調査対象生物としては、幼虫期は水の中、羽化後は周辺の林や草むらを利用し、ため池とその周辺をよく利用するトンボを指標生物と考えた。高崎<sup>13)</sup>によると、日本に定着しているトンボ種は180種と極めて多いが、その約半数の80種ほどがため池を主な生息場所としている。

#### (2) 方法

調査を行ったため池は、池周辺が樹林、水田、あるいは市街地である池を1/3ずつ選んだ。さらに、おのおの景観特性のため池について、植生が全くない池、沿岸付近に抽水植物群落が発達している池、浮葉植物群落が池面積の半分以上を被う池を各々1/3となるように選んだ。トンボ成虫の調査は年間計6回行った。池沼周辺の土地利用に関しては、広域的土地利用と詳細土地利用の2つに区分し、広域は池周辺1kmから10kmの範囲を対象として、環境省自然環境保全基礎調査結果を用いた。詳細は、小型ヘリコプターによる空撮写真を用いた。池周辺の各土地利用の占有率は、それぞれ半径

10m, 100m, 200m, 500m, 1,000m, 2,000m, 5,000m, 10,000mのバッファを発生させ、各種土地利用が占める割合を計算した。池の護岸および自然堰堤の長さ、池面積は1/2500の土地利用地図（各市町村保有）から読み取った。池沼内の植物群落の被度については、上記と同様に空撮写真を用いて、目視にて各群落の面積を算出した。また、現地において群落の構成種の分布と出現頻度の調査を行った。池沼周辺の地形特性の指標を作成するために、30m間隔メッシュのDEM（digital elevation map）と数値地図50mメッシュ標高（日本地図センター、東京）を用いて、標高の平均、標高の高度差、標準偏差を求めた。さらに、DEMを用いて各池ごとの日射量を求めた。池の水深と池底層の溶存酸素濃度、pH、アルカリ度、全リン濃度、全窒素濃度、 $PO_4\text{-P}$ 、 $NO_2\text{-N}$ 、 $NO_3\text{-N}$ 、 $NH_4\text{-N}$ 、クロロフィルa量、溶存有機炭素濃度、イオン濃度( $Na^+$ 、 $Ca^{2+}$ 、 $Mg^+$ 、 $K^+$ 、 $Cl^-$ 、 $SO_4^{2-}$ )、SiおよびFeを測定した。農業流入の程度は、池への流入水が水田由来の場合は2、一部水田由来が1、水田由来の流入水がない場合を0とした。魚類およびその他の水棲動物の捕獲には定置網を使用し、袋に入ったすべての水生動物のサイズと湿重を計測した。統計処理：各池のトンボ成虫のセンサス法によるデータの個体数は、各季節調査で観察されたトンボ種の最大個体数を用いた。トンボ種と池の除歪対応分析（DCA）は、CANOCO4（Ter Braak<sup>14)</sup>）を用いて計算した。ただし、ひとつの池でのみ出現した種類は解析から省いた。

#### (3) 結果

##### 1) トンボ成虫群集構造の特徴と関係する環境要素

観察された成虫種の中からひとつの池にしか出現しなかった7種類を除く45種35池を用いて除歪対応分析（DCA）を行った（図10）。第1軸から第4軸までの寄与率は合計で40.3%であった。

成虫DCA第1軸の寄与率は23.1%であった。化性（昆虫が一年間に繰り返す世代の数）推定値が高く、出現池数の多い種が右に、森林要求度の高い種が左に位置する傾向を示した（表3）。化性推定値に種間変異がある幼虫越冬種だけに着目した場合、化性推定値が高く、成虫の出現期間が長く、遅くまで出現し、森林要求度の低い種が右に位置する傾向を示す。また、すべて年一化の卵越冬種だけに着目すると、移動性が高く遅くまで出現する種が右に位置する傾向があった。さらに、これらの種

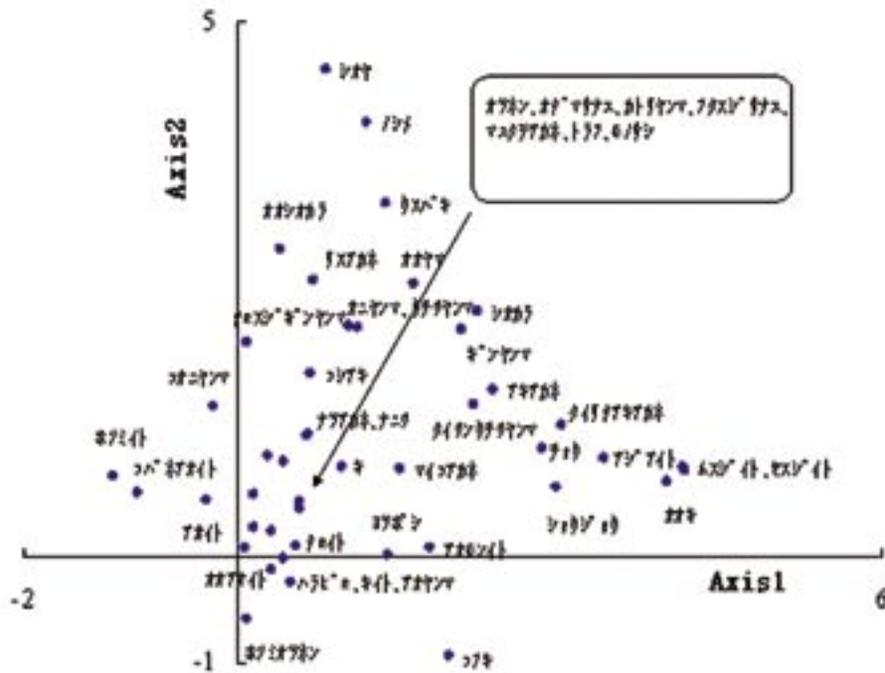


図10 ため池のトンボ成虫種の除歪対応分析結果

は生殖弁を持ち水生植物組織内に産卵しなくて幼虫が底生生活をするタイプであった。

成虫 DCA 第 1 軸と正の相関を示した景観要素 (表 4) は、沈水植物面積、池の周囲長、日射量指標 (最低値, 平均値)、池周囲200m以内の水田面積、浮葉植物面積、池周囲200m以内の河川敷植生面積、池面積、池周囲10m以内の草地、池周囲10m以内の水域であった。反対に負の相関を示した景観要素は、池周囲200m以内の森林面積であった。したがって、正の向きには、周囲200m以内に平地の水田地帯があり、常に日当たりが良

く、沈水・浮葉植物が広がり、面積が大きく周囲長が長い上に堰堤に草が茂っているような池が位置した。また、負の向きは、周囲200m以内に森林があり、日当たりが悪いような池が位置した。水質については、 $Ca^{2+}$ 、アルカリ度、 $Mg^{+}$ 、DOC、 $Na^{+}$ と正の、Siと負の相関が得られたが、これらは景観要素に付随した因子と考えられた。

成虫 DCA 第 2 軸の寄与率は 8.50% であった。DCA 第 2 軸は明らかに池の植生に関連する軸と考えられた。DCA 第 2 軸に沿って上方 (図 10) には、生殖弁を持ち、水生植物組織内に産卵しないタイプで、移動性が高く、

表 3 トンボの属性とトンボ成虫各種の各 DCA 軸スコアとの関係  
+and-p<0.1; ++and-p<0.05; +++and-p<0.01

	卵越冬	幼虫越冬	成虫越冬	森林要求度	成虫の移動度	化生	卵期間 (日)	幼虫期間 (日)	成虫の出現中央日	成虫の出現期間	産卵管	生殖弁	産卵気質・植物内	産卵気質・植物以外	幼虫は植物内・付着生活	幼虫は底生生活	出現した池の数
成虫 DCA 1 軸のスコア																	
全種		++	---	--		++											+
卵越冬種のみ					+++			++		---	+++	---	+++	---	+++		
幼虫越冬種のみ				-		+++		++	++								
成虫 DCA 2 軸のスコア																	
全種											---	++	---	++	---	++	
卵越冬種のみ							---	+++			---	++	---	++	---	++	
幼虫越冬種のみ																	-

表4 成虫DCA 1-4軸の各地のスコアと各環境要素との相関関係

A. トンボが視覚で判別するであろう環境要素				B. 付随する環境因子					
軸	項目	パラメタ	相関係数	危険率	項目	パラメタ	相関係数	危険率	
第1軸	池形状	周囲長	0.550	<0.001	水質	Ca <sup>2+</sup>	0.505	<0.005	
		面積	0.395	<0.02		Mg <sup>+</sup>	0.431	<0.01	
	土地利用	草地(10m)	0.394	<0.02		Na <sup>+</sup>	0.342	<0.05	
		水域(10m)	0.378	<0.05		アルカリ度	0.481	<0.005	
		水田(200m)	0.462	<0.005		DOC	0.355	<0.05	
		河川敷植生(200m)	0.415	<0.02		Si	-0.328	<0.05	
	日射指標	森林面積(200m)	-0.454	<0.005					
		最小値	0.506	<0.005					
	植生	平均値	0.471	<0.005					
		沈水植物面積	0.533	<0.001					
		浮葉植物面積	0.424	<0.01					
第2軸	土地利用	河川敷植生(5km)	0.480	<0.005	池形状	平均水深	0.401	<0.002	
		森林面積(5km)	-0.439	<0.01	水質	pH	0.465	<0.005	
	植生	開水面積(%)	0.506	<0.005	植生	Shannon Index	-0.441	<0.01	
		抽水面積(%)	-0.603	<0.001		浮葉植物種数	-0.429	<0.01	
						抽水植物種数	-0.443	<0.01	
						全種数	-0.492	<0.005	
						群落タイプの数	-0.667	<0.001	

幼虫が底生生活をする種が位置した。一方、下方には、産卵管を持ち、水生植物組織内に産卵し、幼虫が植物内で生活する種が位置する傾向を示した(表3)。また、卵越冬種に限れば、DCA第2軸は上記と同様の傾向に加えて、幼虫期の長いものが上に、卵期の長いものが下に位置する傾向を示した。

成虫DCA第2軸は池の植生要素の多くと高い負の相関を示した(表4)。すなわち、抽水植物面積、抽水植物種数、浮葉植物種数、全種数、水草群落の多様性指数(Shannon index)、水生植物群落のタイプ数(沈水植物、抽水植物、浮葉植物が幾つ揃っているか)である。反対に正の相関を示した要素は開水面積であった。pHと池の平均水深は、こうした水草の豊富さに付随した環境因子と考えて矛盾しない。また、池周囲5km以内の森林面積や池周囲5km以内の河川敷植生面積は有意な相関のあった水草が付随して選ばれた因子と考えるのが妥当であろう。

成虫DCA第3軸と第4軸の寄与率はおのおの5.20%、3.50%であった。これらの軸上のトンボ種の並びには顕著な特性は見いだせなかった。ただし、成虫DCA第3軸と最も高い負の相関を示した景観要素は、市街化に伴う人為的な景観要素で、反対に、有意な正の相関を示した要素は、浮葉植物面積の割合と水草群落の多様性指数であった。また、成虫DCA第4軸は農薬流入、pH、全窒素量、クロロフィルa量など富栄養化の指標となる水質項目と正の相関を示した。反対に負の相関を示したFeとSiの

濃度でこれは山間の池で濃度が高いために考えられた。この軸は富栄養化に伴う影響を表わすと考えられた。

#### 2) トンボ成虫種数の決定要因

調査した35池ではトンボ成虫が52種観察された。各池で見つかったトンボの種類数を従属変数として重回帰分析を行ったところ、ため池に出現するトンボ成虫の種数は、1)池の中の水生植物総種類数、2)池周辺200mの森林面積、3)ため池の自然堰堤の長さ(コンクリート護岸された部分を除いた長さ)および、4)池水的全窒素量という4つの互いに相関が低い独立変数でその変動の約81%が説明された(図11)。

#### (4) 議論：トンボ群集から見たため池の生物多様性の保全

現在の兵庫県南部のため池に出現するトンボ群集の構造を最も大きく規定しているのは、トンボの化性、森林要求度、成虫の移動性および産卵形質であった。これらに対応する環境要素は幾つか考えられるが、水生植物群落と池周辺200m付近の森林面積の他に、第1軸と相関の高かった池周辺200m付近の水田面積、沈水植物群落および池の周囲長などは、トンボの生活史戦略と関係のある環境要素であり、トンボの種数を維持することとは違った評価軸で保全の対象とすべき環境要素であると考えられた。図12に第1軸と第2軸の池の位置にその池で観察されたトンボ成虫の種数を表示した。図では示さないが、第3軸では正の方向、第4軸では負の方向に種

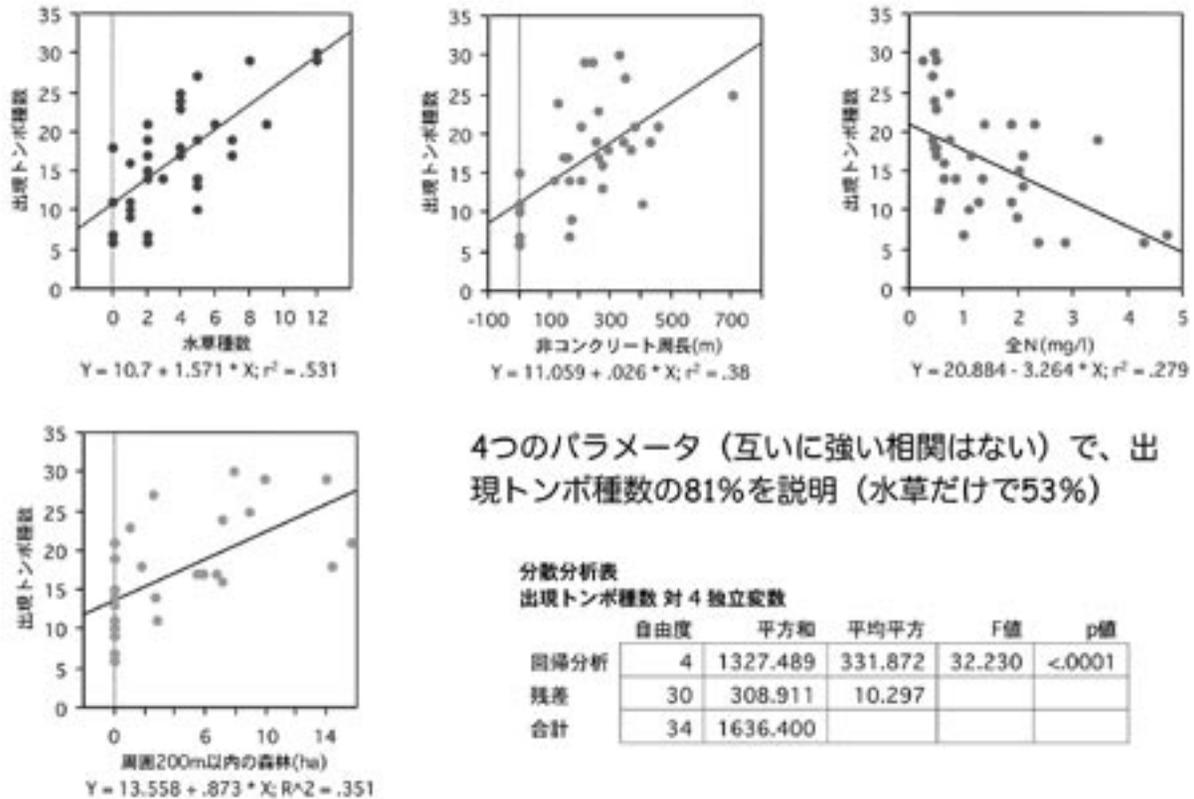


図11 ため池に出現するトンボ成虫の種数を決定する要因

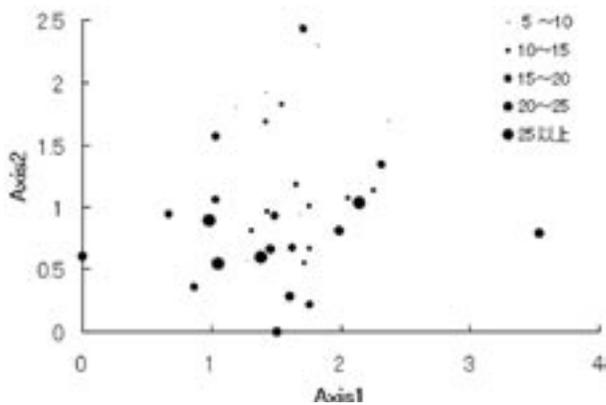


図12 除歪対応分析による池の座標に示したトンボ成虫種数

数の高い池が位置し、他方で低くなる傾向がある。したがって、市街化や富栄養化によりトンボの種数が減ると同時に、トンボの種類構成が変化するというような関係が出ています。ところが、第1軸の両端に位置した池の出現種類数はさほど大きくないのが分かる。したがって、重回帰分析で得られた4つの独立変数だけで、例えば保全の対象とする池を選んでいくと、第1軸の右端に位置したムスジイトトンボ、セスジイトトンボ、オオキトンボ、左端に位置したコバネアオイトトンボ、ホソミイトトンボは消えてしまう危険がある。また、今回第2軸で最も下端に位置したコフキトンボは、最も普通種とされ

ていたが、最近急速にみられなくなり、沖縄県では絶滅が危惧されている。こうした除歪対応分析結果を用いて環境指標種を決めることも可能である。

ため池のトンボ群集が市街化や富栄養化によっても影響を受けていることが示された。ただし、今回の除歪対応分析では、第3軸と第4軸の寄与率が低かった。これは、座標付けに用いた種類の中に、コオニヤンマ、オニヤンマ、ウスバキトンボ、タイリクアキアカネなど本来流水性などため池を主たる生活場所として利用していない種も含めて解析をしたためと考え、今後このような種は別に扱う形で検討する。

## 2.2.4 ダムによる生息環境分断と淡水魚類の多様性低下についての定量的評価

(1) はじめに

生物多様性減少の要因として生息環境の分断は、哺乳類、鳥類、魚類など多くの野生動物の生息を脅かす自然改変である。これ以上の生息環境の分断を回避し、場合によっては問題の分断箇所を再度結合していくような自然再生が、これからの生物多様性保全施策として重要な課題となるであろう。しかしその前に、今現在の分断の

現状をしっかりと把握し、それにより野生生物がどの程度の影響を被ってきたのかを定量的に評価しておく必要がある。なぜなら将来、自然再生の達成度を評価するためには、再生以前の状態を知っておくことは最低限求められるからである。

淡水魚類の生息環境はこれまでに無数の河川横断工作物（以後、単にダムと呼ぶ）によって分断されつづけてきた。ダムができてアユやマスなどを対象にした内水面漁業が日本各地で大きな打撃を受けてきたことは言うまでもない。しかし生物多様性の観点から見れば、ダムによって減少し生息域を狭めた魚類は漁業対象の淡水魚に限らないはずである。

## (2) 方法

平成13～14年の2カ年にわたって、北海道日高十勝地方の36水系に130地点の調査地点を設けて魚類相を調べた。この地域は地形が急峻なことから数多くの砂防ダムと発電用ダムが建設され、いたるところで河川が分断されている。これらダムによる流域分断がここに生息する淡水魚類の種多様性をどの程度低下させてきたかを推定するのが調査の目的である。また、北海道全域で過去に様々な個人や団体によって行われた魚類調査から、960編の報告書と論文を整理して淡水魚類の生息状況をデータベース化した。そしてそのデータを基に全道的にダムによる分断の影響を地理情報システム（GIS）を活用して解析した。これら2つの空間スケールでの解析を通して、北海道のダムによる流域分断の現状を把握し、その種多様性への影響を定量的に評価した。

## (3) 日高十勝地方での淡水魚類の多様性低下の解析

北海道日高十勝地方の36河川に設けた計130地点において、各地点約200～300mほどの区間で投網とエレクトロショッカーを用いて淡水魚類相を調べた（図13）。また調査地点の中心地ではDGPSによって正確な位置を記録した。調査地域は砂防ダムと発電用ダムによって河川がいたるところで分断されており、130の調査地点もダムの上流に位置するものと、調査地点の下流にダムが1つもないものとに分別される。

ダムによる淡水魚類多様性への影響を調べるために、まず淡水魚の種多様度（地点あたりの採捕種数）を調査地点の標高によって説明する回帰モデルを考えたと（図14）。河口付近の地点で採捕された淡水魚は10種

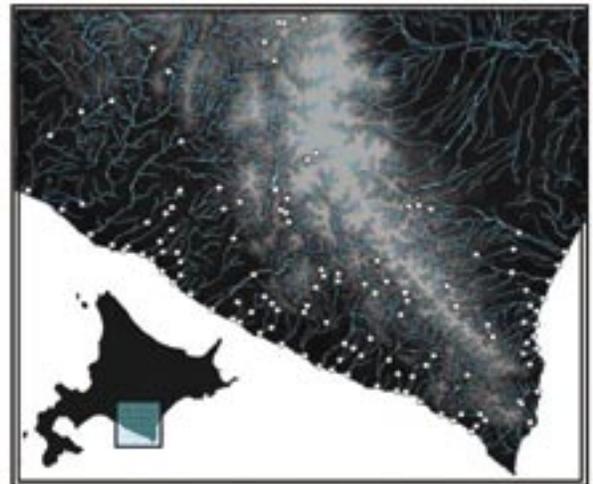


図13 日高十勝地方の調査地点

前後にのぼるが、標高とともに種数は急速に減少し、400mを越える山間部ではわずか2種以下の貧弱な魚類相となる。この回帰モデルによると種多様性のばらつきは、各地点の標高のみによって約47%説明される。

問題は標高によって説明できなかった残りのばらつきがダムによる分断の有無によって説明できるのかどうかにある。図14の中で、調査地点の下流側（河口にいたるまで）が1基以上のダム（砂防ダムと発電用ダムのどちらか）で分断されている地点を黒丸で、また1つもダムが無く魚が海から自由に行き来できる地点を白丸で表示した。この図のx y 両軸を変数変換して直線回帰式

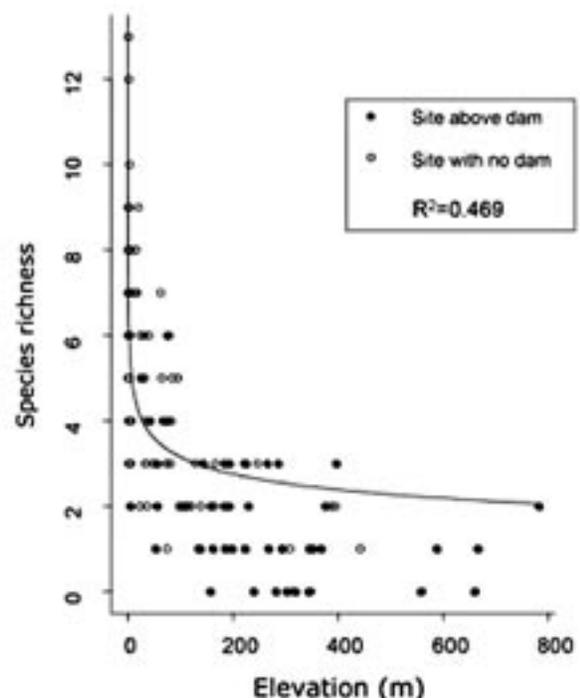


図14 標高と種数の関係

をあてはめ、ダムありの地点 (Dam) とダムなしの地点 (No dam) とが完全に重複する標高帯に位置する調査地点だけを対象に回帰式からの残差を計算してボックスプロットに表したものが図15である。砂防ダムによって分断されたDam地点では、分断されていないNo dam地点に比べ有意に残差が小さく ( $p < 0.001$ )、標高によって説明される以上に種多様度が小さい傾向のあることを意味している。種数の期待値ではNo dam地点に対してDam地点の値が平均で2.2小さく、2種以上の水生生物 (主に魚類) が砂防ダム上流側で絶滅していることが明らかとなった。一方、砂防ダムでなく発電用ダムの場合、ダムに分断された地点と分断されていない地点に有意な差はない。これは検定に用いたサンプル数、特に発電用ダム上流の地点数が十分でないことと、ダム湖にしばしば地元の漁協によって放流されるサクラマス幼魚が本調査時にも何地点かで採捕されているためだと考えられる (魚道のあるダムの場合、降海性の生活史を持つサクラマスがダム上流側で捕獲されてもそれが天然物が放流物かを知る手立てはない)。

ダム分断の有無のみでなく、「何基のダムによって分断されているか」ということによっても種多様度の低下量が異なることが分かった。下流に設けられた砂防ダムの数が1基から3基と数を増すにしたがって、回帰直線からの残差の値が小さくなる ( $P < 0.000$ , 図16)。つまり海洋との往来を遮断するダムの数が多いほど、その上流

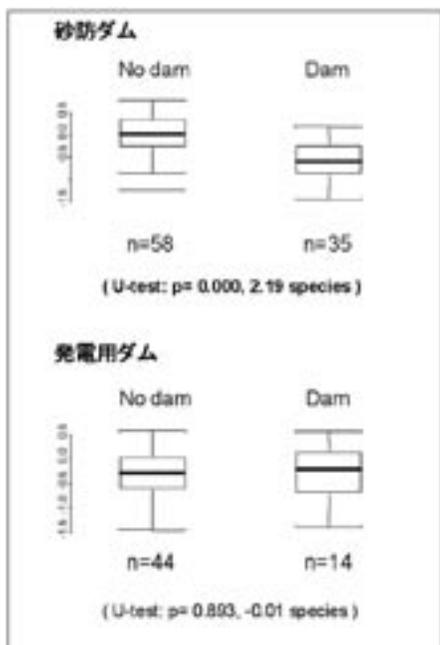


図15 残差の比較 (ダムの分断ありVSなし)

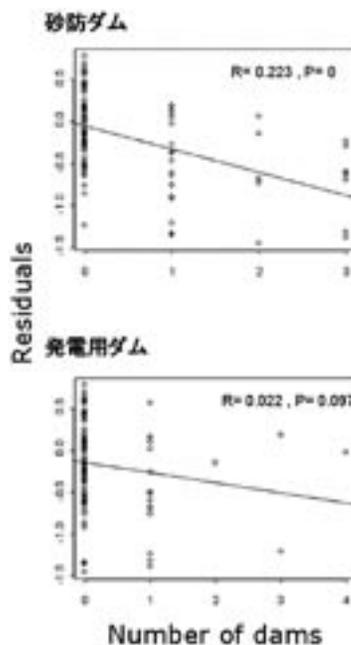


図16 残差とダムの数との関係

に生息する淡水魚の種数は少なくなる傾向がある。しかし発電用ダムの場合、その傾向は有意でない ( $P > 0.05$ )。

砂防ダムで分断されることで、その上流側で採捕数が著しく低下した、あるいは全く採捕されなかった淡水魚類はウグイ属、ウキゴリ、シマウキゴリ、スナヤツメなどがあり、また魚類ではないがスジエビが砂防ダムの上では1匹も採捕されなかった。これらダムに影響を受けやすい水生生物に共通することは、河川と汽水、あるいは河川内を上下流に回遊する生活史を持つことである。日高十勝地方の砂防ダムには魚道が設置されたものも多く、サクラマスやアメマスなど比較的大型の回遊魚は魚道を通り得るために砂防ダムで分断されても採捕数は変わらなかった。しかし、著しく採捕数の減少した前記の水生生物は、回遊性があると同時にいずれも小型で遊泳力に乏しいという特徴をもつ。北海道の魚道は一般に水産資源として価値の高いサクラマスの遡上を想定して設計されている。そのため、サクラマスより遊泳力に乏しいその他多くの淡水魚の遡上は保障されておらず、結果として淡水魚類群集の多様性は魚道を設置するだけでは確保されず低下することになる。

#### (4) データベースを利用した北海道全域の淡水魚類種多様性へのダムの影響

日高十勝地方を対象に現地調査を行ったダムによる生息環境分断の影響評価を北海道全域に広げて展開するこ

とを目的に、北海道で過去に行われた魚類調査データを地理情報システム（GIS）で解析できるような形でデータベース化した。平成15年3月現在、960の魚類調査報告書と論文とから全道の淡水魚類の生息データ（調査地点、調査年月日、体サイズなど）を種ごとに61,272件収録し、調査地点数では7,076地点での魚類相を明らかにした（同一地点で複数回調査が行われている場合もあるので、調査件数では9,884件ある）。調査年代は古くは1960年代に遡る。

これら過去の調査で採捕された淡水魚類の種数、すなわち種多様度は地点ごとに0から20くらいの値を示す（図17）。日高十勝地方と同じように、河口周辺で出現種数は最も多く、標高が高くなるにしたがって減少する。また、地域的には石狩低地帯と呼ばれる石狩川下流域から南方へ太平洋沿岸にかけての魚類相が豊かである。しかし高緯度に位置する北海道では大半の地点で種多様度が10以下の貧弱な魚類相をもつ。

北海道には1,000基以上の砂防ダムが、また約160基あまりの貯水ダム（発電用を含む）が建設されている。したがって7,000以上もの魚類調査地点が（その下流側を）ダムに分断されているかどうかを調べることは容易ではない。しかも、現在のダムの分断状況ではなく、魚類調査された時点での分断状況を知る必要がある。この問題は以下に述べる手順で解決することができた。まず調査地点と共にすべての砂防ダムと貯水ダムの建設地点をGISでポイント入力した。そして調査年代とダム建設年代をそれぞれポイントの属性として与えた。国土地理院提供による国土数値情報に“流域界・非集水域界位置



図17 北海道の淡水魚類の種多様度

(KS-273)”という単位流域ポリゴンにIDがふられた数値地図がある（単位流域とは河川のある支流との合流点の上流域からそのひとつ上流の別の支流との合流点の上流域を除いた流域）。このデータを基に国立環境研究所・環境情報センターがすべての単位流域間の上下流関係をデータベース化した。これを利用して各ダムが位置する単位流域を基点として、そのダムによって分断された上流側のすべての単位流域を検索し、それらにそのダムの建設年代を与えた。そして北海道のすべての砂防ダムと貯水ダムについて、それらが分断している流域と分断年を明らかにした（ある単位流域がその下流にある複数のダムによって分断されている場合、最古の分断年を与えた）。そのうえでGISによって魚類調査地点がどの単位流域上に位置するかを知ることによって（調査年<分断年）であればその地点での調査時にはダムに分断されておらず魚類は海と自由に行き来できていたことが、また（調査年>分断年）であれば調査時にはすでにダムで分断されていたことが分かる。調査地点が分断流域上に位置していなければ当然、現在でもダムに分断されていないことになる。

北海道の淡水魚類の種多様度に対する1) 調査年代 Period, 2) 標高 Elevation, 3) ダム Damによる分断の3つの影響を同時に表したのが図18である。標高の増加とともに種数が減少することは前述のとおりであるが、時代間で比較してみても種多様度に違いがあるように見受けられる。事実、平均種多様度（±SD）はNo dam地点において70年代の2.86±2.21種、80年代の2.94±2.34種に対して90年代の4.69±3.45種と90年代になってから突然増加している。より定量的に評価するために

$$\text{Richness} = \beta_0 + \beta_1 \text{Period} + \beta_2 \text{Elevation} + \beta_3 \text{Dam}$$

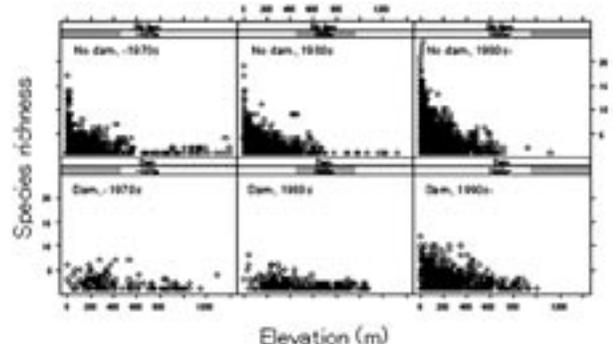


図18 淡水魚類の種多様度と調査年代、標高、ダムの有無との関係

という多重回帰式を当てはめてパラメーター推定を行うと以下の推定値を得る（表5）。

表5 淡水魚類の種多様度を説明する回帰式のパラメーター推定値

	Coef.	SE	t value	P
$\beta_0$ (Intercept)	3.306	0.084	39.345	0.000
$\beta_1$ (Period 1980s)	0.113	0.088	1.285	0.199
$\beta_1$ (Period 1990s)	1.463	0.078	18.749	0.000
$\beta_2$ (Elevation)	-0.005	0.000	-28.079	0.000
$\beta_3$ (Dam)	-0.376	0.056	-6.726	0.000

推定値のうちPeriodは70年代と比較した80年代と90年代の多様度のパラメーター推定値とその有意性を表している。70年代と80年代の多様度に変化は認められないが、90年代に入って（70年代と比べて）1.463種増加していることが分かる（ $P<0.000$ ）。90年代に種多様度が増加していることの説明として最も納得がいくのは、この頃を境に魚類調査の手法が投網を中心とした魚網から電気ショッカーに移行していることである。つまり電気を使うことで、それまで網では十分に捕獲できなかった魚類（底生魚や小魚など）の採捕効率が上がり、全体として採捕魚種が増えたことに起因すると考えられる。

さて、問題はダムの有無にかかるパラメーターの推定値とその有意性である。ここで推定された値は調査年代と標高の影響を差し引いた後のダムの影響を意味するものであるが、分断地点の種多様度が非分断地点のものとは比べて0.376だけ低下していることが分かった（ $P<0.000$ ）。

ダムによる生息環境分断の淡水魚類への影響を北海道の日高十勝地方と全道という2つの空間スケールで解析した。日高十勝地方での解析では回遊性の淡水魚類を中心に砂防ダムの上流側で2種以上も魚類が減っていることを明らかにした。また北海道全域では0.376種だけ多様度がダムによって低下しているが、この値も恐らく回遊性魚類の移動阻害による地域個体群の絶滅を反映しているものと考えられる。北海道のように高緯度に位置する地域の場合、通し回遊魚（海と淡水を行き来するもの）の種数の割合は高くなり、ダムの影響はより深刻になる。しかし気をつけなければならないのは、今回のデータ解析があくまでダムによって分断され取り残された“上流側”の淡水魚類にだけ注目しており、ダム“下流側”の魚類への影響については全く評価していないことである。ダム下流側は上流からの細粒土砂の供給がた

たれてアーサー化が促進され大きな礫だけが残されることが知られている。またダム湖が流量を過剰にコントロールするためにダム下流の河川流況は安定し、氾濫原を持たない異質な河川環境が作られる。さらに発電用のダムなどでは、より落差を大きくして発電量を増やすためにダムサイト直下に放水せずに、何キロメートルも下流に（時には分水嶺を越えて隣接する別の水系に）導水管に水を流して放水するということが普通に行われている。このためダムサイト下流にはほとんど水が流れない河川が延々と続くことになる。これらの大規模な自然変化が淡水魚をはじめ水生生物に影響を及ぼさないはずがなく、ダム下流域での自然環境への影響評価も早急に進めていく必要がある。

## 2.3 侵入生物における生物多様性影響機構に関する研究

### 2.3.1 侵入生物データベースの作成

（1）はじめに

日本における侵入種の生物学的特性把握は、農林業・水産業・自然保護分野を中心にそれぞれの分野で多くの調査検討が実施され、その成果も公表されて侵入種の増殖・影響防止に活用されてきた。しかし、これらの活動が個々の侵入種の影響防止に役立っている場合もあるが、侵入種全般の日本国内での定着・増殖は後を絶たず、その進入経路も多岐に渡るようになってきている。この状況は世界的にも同じであり、生物多様性条約締約国会議でも生物学的侵入による生物多様性の減少が重要な議題となっている。ここにいたって包括的な侵入種防止対策の確立が求められるようになり、またその必要性も社会的に広く認知されるようになってきている。有効な対策を確立するには、侵入種の生物学的特徴から影響までの特性を生物学的にできる限り定量的に把握し、そこから侵入種の侵入・定着の鍵となる特性の抽出を行ってデータベース化し、侵入種の侵入・定着の危険度についてあらかじめ予測しておくことが重要である。

（2）研究目的

日本国内に移入した侵入種のうち主要な種類について、形態・分類・分布・侵入特性・生態的特性・影響・情報源などの情報を網羅し、危険度を判定する上で重要な情報を抽出した上で、総合的・体系的な情報検索が可能な形式でデータベース化することを目指した。データベース化にあたっては、これまでに整備された侵入種

情報源を参考にして、それらの内容を継承することを念頭に置いて、生物名・用語の統一あるいは適正化を目指した。侵入種問題においては国外を含めた情報収集および情報共有が大事であるため、IUCN（国際自然保護連合）の保有する侵入種データベースとの将来的な結合に備えることが望ましいが、そのためにふさわしいデータ構造の検討も行うこととした。さらに、侵入種の侵入・定着の危険度を判定するための手法を検討し、その基準を提唱することを目指した。

### （3）研究方法

侵入種データベース化の対象とすべき生物種を選定するために文献調査を行い、ほ乳類・鳥類・は虫類・両生類・昆虫・維管束植物について、移入種の一覧を作成した。

データベースの適正な構造を設定するために、IUCNのGISP（世界侵入種プログラム）が運用している侵入種データベース（以下、GISPデータベースと呼ぶ）の構造解析を行った。その際に、蓄積情報の項目と属性を整理した。また、GISPデータベースの運用目的を把握し、それらをもとに侵入種データベースを作成・運用する際の方針を検討した。同時に、GISPデータベースの問題点も検討した。

以上の移入種一覧とGISPデータベースの解析をもとに、侵入種データベースの試作を始めた。比較的文献情報の多い種を掲載するとともに、データベース表示の妥当性を検討した。データベース作成にはファイルメーカーPro5（(株)ファイルメーカー）を用いた。

侵入種の危険度判定基準を検討するために、絶滅危険性を評価するレッドデータブック（RDB）種判定要件を参考にして、基準作成の方針を吟味した。

### （4）結果および考察

移入種に関する文献調査の結果、ほ乳類26種・鳥類27種・は虫類14種・両生類3種・魚類32種・昆虫246種・維管束植物1,336種を移入種一覧にまとめた。これらの種一覧は国外移入種だけを含み、分類単位としては亜種をも含んでいる。

次に、GISPデータベースの構成は、各侵入種について1）生態、2）分布、3）生息適地、4）情報源、5）照会先の5項目からなっている。生態の項目は、種名・形態から分散・栄養摂取・繁殖の様式、生活史・侵入影響・進入経路等をまとめている。分布の項

目は、生息地・自生地・移入地を地図上に標示、地域ごとの生息地文献情報に連結している。生息適地の項目は生息場所の例を地域ごとにまとめ、その情報をもとに侵入可能な生息適地が世界地図上に表示している。情報源の項目は、侵入種管理に関する情報と一般的情報とを区分して一覧している。照会先の項目は、その侵入種の調査・対策にかかわった関係者の連絡先をまとめている。

以上の構成を見ると、侵入種の予防・制御に役立つ事項が重視されていることが分かる。このデータベースは早期警戒システム(GISP Early Warning System)の一環でもあり、その面では生息適地予測地図は重要な試みである。本研究の侵入種データベースもこのような予測を可能とする情報の収集と提示を目指す必要がある。

この他にも、侵入種データベース作成にあたって参考にすべき点として、用語のISO準拠がある。また、GISPデータベースとの将来的な連携も可能なように掲載項目の共通化を図った上で、収集した情報のデータベース化を開始し、いくつかの種について試作した。現状では各項目とも記載的な内容が多いが、予測に使う項目についてはできる限り定量的な内容に切り替えていく必要がある。

RDB種判定は個体数・分布が減少・消滅する可能性を評価するものであるから、侵入種判定とは逆の事象に関わるものであるが、判定材料とする項目には共通のものがあると考えて参考とした。RDB種判定基準は、1）個体数減少、2）生息地悪化、3）狩猟採集圧、4）別種との交雑、が主要な項目である。これに例えば、1）個体数増大、2）生息適地普遍性、3）捕食・利用圧、4）別種との交雑、が項目として挙げられる。近年、侵入種への議論・調査は生態学・遺伝学・分類学の分野でも急速に増えており、そこでも侵入される生物群集の成熟度、侵入種に対する捕食圧の大きさ、侵入地における人為攪乱の有無などが侵入定着の成否の鍵となることが指摘されているが、これらは上記項目におおむね当てはまるものである。これ以外にも、貿易・交易に伴う移入頻度も判定基準として重要である。項目の検討は今後さらに深める予定であるが、さらに重要なのはRDB種判定基準のように定量的な基準、例えば個体数増加率が100%以上といった数値基準を適正に設定することである。

## 2.3.2 輸入昆虫の生態影響評価研究

### (1) はじめに

昆虫類は世代期間も短く、繁殖力が強いので、ひとたび侵入種となった場合、極めて深刻な影響をもたらす恐れがある。我が国においても、これまで様々な侵入害虫による農林作物等への経済被害を被ってきた。しかし、これらの「害虫」はいわば農耕地、植林地、市街地、家屋といった、自然界にはない人為攪乱環境にたまたま適応し繁殖した集団であり、自然生態に及ぼす影響は重大なものではなかった。近年、我が国では、こうした偶発的侵入とは異なる意図的な昆虫の輸入が活発となっている。すなわち、産業目的で様々な国から様々な昆虫の生体輸入が推し進められている。その内訳は天敵農薬やセイヨウミツバチなどの農業用資材、クワガタをはじめとするペット用甲虫類、魚の餌用のアカムシ（ユスリカ幼虫）等、実に目的・種類とも多岐に渡るが、そのほとんどが輸入実態すら世に知られぬまま膨大な量で輸入されている（財務省データ）。

農林作物に被害をもたらす害虫の侵入に対しては植物防疫法という法的規制があるが、こうした産業用昆虫類については、何ら法的規制は受けない。しかし、農林作物を加害しない種でも野生化した場合、自然生態系に影響を及ぼす可能性は十分に考えられる。導入昆虫の原産地と日本の野外環境が大きく異なることからその野生化の可能性を否定する意見がよく聞かれるが、昆虫類の年間世代数や豊富な変異を考慮に入れば導入昆虫の新天地への適応可能性は完全否定できない。リスク管理の原点に立って産業用輸入昆虫に対しても様々な角度からの環境影響評価は必要と思われる。本研究では、近年より輸入が始まり、生態学者の間でも特に問題視されている昆虫類として農業用のセイヨウオオマルハナバチとペット用の輸入クワガタについて生態影響評価を試みた。

ヨーロッパ産のセイヨウオオマルハナバチは1970年にベルギーで大量増殖法が開発されて以来、農作物の花粉媒介用に商品化され、世界中で利用されるようになった（Ruijiter<sup>15)</sup>）。我が国でも1991年よりハウストマトの授粉用に輸入が始まり、現在オランダやベルギーから大量のコロニーが輸入・販売されている。本種の導入により農家は授粉作業から解放され、さらに生物資材の利用という枠組みで省農薬も促進され、安全で質の高いトマトが提供できるようになった。しかし、これら外国産コロニーの輸入における検疫は一切行われておらず、使用

現場においてもハチの逃亡に対する対策も何も講じられておらず、野生化・分布拡大による生態影響が強く懸念されている。

外国産クワガタムシは1999年11月に植物防疫法による輸入規制が解除されて以来、ペット用に大量に輸入・販売されている。大部分の輸入が個人レベルあるいは販売店レベルで行われており、輸入ルートおよび数量は不明な点が多い。すでに野外より投棄・放飼されたと考えられる外国産個体がかかりの数で回収されており、今後野生化・分布拡大による生態影響が懸念される。

### (2) 研究目的

セイヨウオオマルハナバチおよび外国産クワガタムシともにその輸入実態に関するデータが不足しており、まず本研究では輸入ルートおよび輸入数量の把握を目指した。また、外国産種と在来種の間で種間交雑が生じる場合、外国産種の野生化に伴い、在来種個体群の遺伝子組成に外国産種の遺伝子が浸透していく恐れがある。また、マルハナバチおよびクワガタムシともに外国産輸入固体のみならず、日本在来種そのものも商品化が進められており、国内の地域個体群レベルの遺伝的固有性の攪乱も懸念されている。本研究では国外侵入種（外国より輸入された生物が侵入種と化す現象）および国内侵入種（日本国内の地域系統が他の地域に侵入する現象）による遺伝子浸透のリスク評価を行うための基礎データとして、まず在来種個体群の遺伝的変異の実態把握を目指すとともに、外国産種と在来種の種間差をとらえるための遺伝子マーカーを確立し、野外での遺伝子浸透のモニタリングを試みた。次に侵入種による最も深刻な生態影響の一つである外来寄生生物の持ち込みのリスク評価を行うために、輸入商品における寄生生物の寄生状況の把握を目指した。

### (3) 研究方法

#### 1) 輸入実態の把握

セイヨウオオマルハナバチの輸入ルートおよび輸入数量については、マルハナバチの輸入販売を行っている企業の合同組織であるマルハナバチ普及会の協力を得て、各社の輸入元および1992年から2002年にかけての年ごとおよび月ごとの輸入数量データを提出してもらい、本研究室で集計を行った。クワガタムシの輸入実態については、WWFトラフィックアーツジャパンの協力を得

て、横浜、神戸、名古屋、門司、および那覇の植物防疫所に2000年から2001年にかけて輸入申請のあった個体数データの集計を行った。また実際に代表的な販売店に赴き、販売されている種類や産地、販売価格などのデータの収集を行った。

## 2) 遺伝的攪乱のリスク評価

セイヨウオオマルハナバチと在来マルハナバチの遺伝的差異を識別できるマーカーとしてアロザイムマーカーの開発を行った。また在来マルハナバチの地理的変異を把握するためにPCR法によるマイクロサテライト遺伝子マーカーおよびミトコンドリアDNA（チトクロムオキシダーゼ遺伝子、チトクロムb遺伝子）マーカーの開発を行った。商品コロニーおよび日本各地の野外よりマルハナバチ個体を採集し、実際にこれらのマーカー変異の解析を行い、地域個体群の遺伝的変異の実態を明らかにするとともに、遺伝的浸透が起こっていないかを調べた。それと同時に、室内レベルで種間交雑実験を行い、交尾の成立、精子の受け渡し、授精、胚発育、雑種個体の羽化のどの段階まで進行するかを確認した。

クワガタムシは特に商品市場の大きいヒラタクワガタ種群およびオオクワガタ種群について、日本全域およびアジア域全域における遺伝的変異の実態を把握しデータベースとして記録・保存するため、各地よりクワガタムシ個体を採集し、ミトコンドリアDNAチトクロムオキシダーゼ遺伝子領域の塩基配列解析を行った。また、室内レベルで種間交雑実験を行い、雑種形成の可能性を検証した。

## 3) 寄生物の持ち込みのリスク評価

セイヨウオオマルハナバチおよび輸入クワガタムシともに輸入商品に寄生しているダニ類の検査を行い、発見されたダニについては同定を行うとともに、ミトコンドリアDNA分析により感染ルートを追跡した。

## (4) 結果および考察

### 1) セイヨウオオマルハナバチの生態リスク評価

#### ●輸入実態把握

輸入企業各社より提出された輸入・販売量データを集計した結果、いずれの会社もオランダ・Koppert社およびベルギーBIP社より輸入しており、輸入数量は1992年の輸入開始より毎年増加しており、2002年の輸入数量は60000コロニーを越えることが示された（図19）。ま

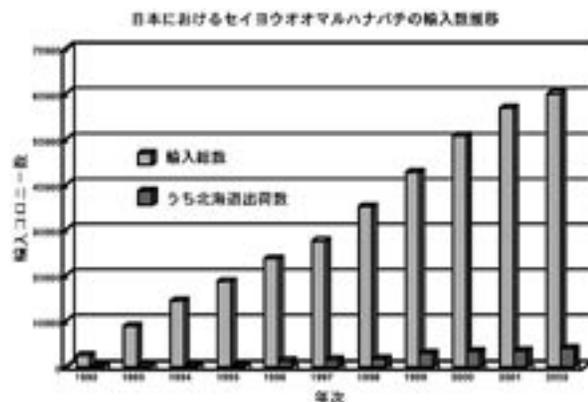


図19 セイヨウオオマルハナバチの輸入数

た、月別の輸入数量を見た場合、いずれの年も本州では2～4月および9～10月に使用量のピークがあり、トマト生産のピークと一致することが示唆された。またこれらの時期の直後に新女王や雄バチが大量に逃亡する可能性が高いことが考えられた。

#### ●遺伝的攪乱のリスク評価

セイヨウオオマルハナバチおよび在来マルハナバチ各種について、アロザイム変異を調査した結果、16遺伝子座中一つの遺伝子座であるPGM（フォスフォグルコイソメラーゼ）酵素遺伝子座において対立遺伝子変異が検出された。またマイクロサテライトDNA6遺伝子座において変異が認められ、うち一つの遺伝子座（B121）について外来種と在来種の間で種特異的な対立遺伝子の存在が確認された。さらにミトコンドリアDNAのチトクロムオキシダーゼ遺伝子領域（600塩基）およびチトクロムb遺伝子領域（500塩基）の塩基配列にも変異が認められた。

これらのマーカーを用いて、まず輸入商品コロニーから抜き取りを行ったセイヨウオオマルハナバチ個体および野外より採集した在来マルハナバチ個体の遺伝子分析を行った結果、輸入されたセイヨウオオマルハナバチおよび在来マルハナバチはいずれも種特異的な遺伝子組成を示し、野外においてセイヨウオオマルハナバチによる遺伝的浸透が拡大しているというデータは得られなかった。一方、商品化が進む在来種のオオマルハナバチおよびクロマルハナバチについて地域個体群間の遺伝的変異を調べた結果、地域間に遺伝子組成の差が認められ、在来種の国内における地域固有性が示された（図20）。

特に、すでに商品の販売が開始されているクロマルハナバチは、国内で採集された女王バチがオランダに輸出されてオランダ国内の工場の商品化されたものが輸入されていることから、商品コロニーの遺伝子組成が野生集

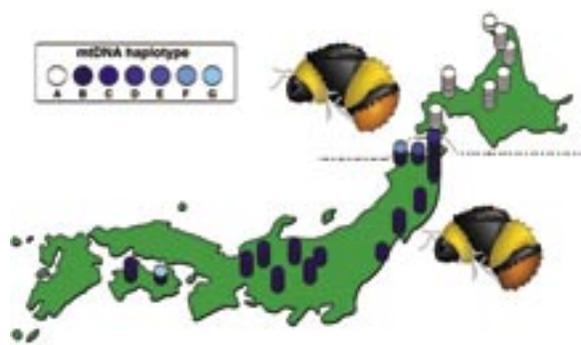


図20 オオマルハナバチのミトコンドリアDNAにおける地理的変異  
北海道の個体群と本州以南の個体群ではハプロタイプが異なることが示された。

団とは異なっていることが予想されたため、野外集団と商品コロニーの間でマイクロサテライトDNA変異を比較した結果、明らかに商品コロニーでは平均対立遺伝子数が減少していることが示された。

室内レベルでの交雑実験ではセイヨウオオマルハナバチの雄とオオマルハナバチ雌（女王）およびクロマルハナバチ雌（女王）の間で交尾が成立した。これらの交尾は越冬前の新女王のみならず、越冬休眠覚醒後の営巣開始女王に対しても行われ、解剖した結果、貯精嚢にセイヨウオオマルハナバチの精子が挿入されていることが明らかになった。また産出された卵の遺伝子分析を行った結果、セイヨウオオマルハナバチ雄と在来マルハナバチ雌の遺伝子からなるヘテロ遺伝子型が検出され、授精が完了していることも示された。さらにそれらの卵はいずれもふ化しなかった。

以上の結果から、セイヨウオオマルハナバチが野生化した場合、在来種との間で種間交尾が生じ、さらに外来マルハナバチの精子によって胚発育ができない雑種卵が生じることで在来種の繁殖に影響を及ぼす、すなわち交尾攪乱を引き起こす可能性があることが示された。今後、野外の女王バチの貯精嚢を摘出し、精嚢内精子の遺伝子分析を行うことで野外における種間交雑の実態把握を行う必要がある。

また在来種マルハナバチについては日本国内においても地理的分布によって固有の遺伝子組成が存在することが示され、また実際に商品化によってそれらの遺伝的変異に偏りが生じていることが示されたことから、在来種マルハナバチの商品化にあたっては、個体群の地域固有性に留意する必要があると考えられる。

●寄生生物の持ち込みのリスク評価

1997年から1999年にかけて輸入商品コロニーから働きバチの抜き取り調査を行った結果、約20%の商品コロニーから体内寄生性ダニであるマルハナバチポリプダニが検出された。日本の在来マルハナバチ野外個体におけるマルハナバチポリプダニの感染率を調べた結果、北海道のエゾオオマルハナバチで約10%、ノサップマルハナバチで15%、本州のオオマルハナバチで0.5%の個体に感染が認められた。これらのダニのミトコンドリアDNAハプロタイプを調べた結果、海外から輸入されているコロニーより検出されたダニと、国内在来種より検出されたダニのハプロタイプは異なっており、ダニにはヨーロッパ型と日本型が存在することが示された。ところが2000年に在来マルハナバチの野外個体を採集して調べた結果、エゾオオマルハナバチの1個体よりヨーロッパ型のダニが検出され、2001年にはエゾオオマルハナバチ2個体、オオマルハナバチ1個体よりヨーロッパ型ダニが検出された。一方、輸入商品コロニーにおいても2000年の調査では日本型のダニが多数検出され、2001年には全くダニが検出されなくなった（図21）。

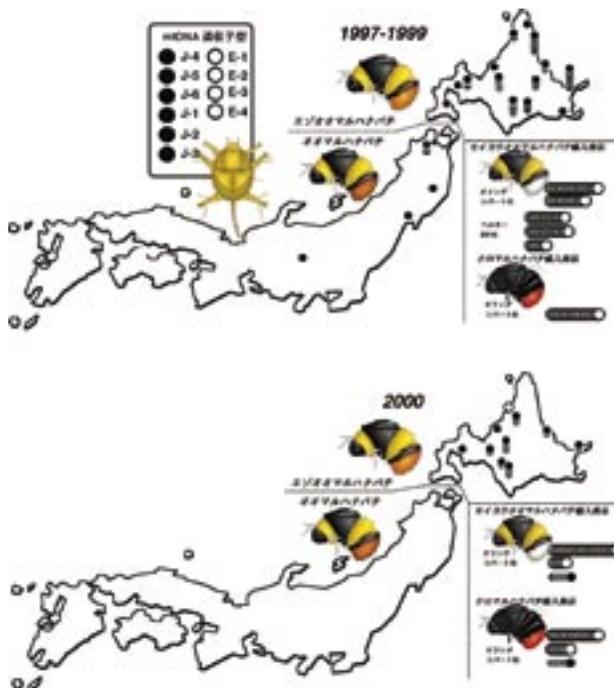


図21 在来マルハナバチ野外個体およびセイヨウオオマルハナバチ・クロマルハナバチ輸入コロニーより発見されたマルハナバチポリプダニのミトコンドリアDNAチトクロムオキシダーゼ・サブユニット1遺伝子ハプロタイプ

これらの結果から、マルハナバチの商品化のためにオランダで大量のコロニーを工場生産する過程でダニの蔓延が起こっており、オランダから輸出されたコロニーとともにヨーロッパ型のダニが日本国内に持ち込まれ、野外の在来マルハナバチの間にも水平感染が始まっていることが示唆された。また逆に商品化のために日本在来のマルハナバチもオランダに輸出されており、日本型ダニがオランダの工場に持ち込まれ蔓延していることが示された。ただし、本研究結果はすでに海外誌に発表されており、それを受けてオランダの工場内では化学農薬による駆除が行われたものと推察され、それ以降ダニが検出されなくなったものと考えられた。本研究結果よりマルハナバチの商品化および大量流通は寄生生物の世界的な蔓延を引き起こす可能性があることが強く示唆された。今後はダニ感染がもたらすハチの適応度コストの評価、およびダニ以外の寄生性微生物の調査を行っていく。

## 2) 外国産クワガタムシの生態リスク評価

### ●輸入実態把握

農林水産省・植物防疫課で輸入が認められている種類は2002年12月で361種類にのぼった。各地の植物防疫所に申請のあった輸入数を集計した結果、2000年では3万匹だったが2001年では364,000匹にもなった。輸入数量が多い国は、インドネシア（輸入数の63.7%）、フィリピン（14.5%）、タイ（10.8%）であった。現行法ではクワガタムシ・カブトムシの輸入検査申請書の提出は任意であるため、これらの数字は輸入数量の一部しか表していない可能性もある。

### ●遺伝的攪乱のリスク評価

日本国内において特に市場規模が大きいと考えられるオオクワガタ種群およびヒラタクワガタ種群について、日本各地および世界各地より成虫個体を採集し、ミトコンドリアDNAチトクロムオキシダーゼ遺伝子領域（2000塩基）の塩基配列変異を解析した結果、日本のオオクワガタは地域個体群間に遺伝的変異がほとんど存在せず、外国産個体との系統解析の結果、中国・朝鮮半島産のオオクワガタがもっとも遺伝的に近いことから、日本のオオクワガタはかつて朝鮮半島と本州が陸続きになっている時代に分布拡大してきた比較的少数の個体から派生して現在にいたっているものと考えられた。また外国産のオオクワガタについても、地域ごとに固有の遺伝子組成を形成しており、特に同一の形態種とされる個体間でも産地が異なると別種ともいえるほどミトコンド

リアDNAは分化していることが示された。

一方、日本のヒラタクワガタはオオクワガタとは異なり、多様な遺伝子組成を持つ集団から形成されており、地理的分布と密接した複数のDNA系統に分化していることが示された。また外国産種も含めた系統解析から、日本のヒラタクワガタ集団は朝鮮半島経由の北方個体群と琉球列島弧から進出した南方個体群から形成されたことが示唆され、ヒラタクワガタ種群の進化プロセスの末裔ともいべき貴重な島国の個体群であることが示された。しかし、この解析過程で日本の各地より国外侵入種および国内侵入種のものと思われるDNAが検出された（図22）。すなわち外国産種のDNAや離島の系統のDNAを持つ個体が本州より発見された。これらの個体の外部形態は一見して国産種とも外国産種とも異なり、雑種である可能性が高いと考えられた。

大アゴの形態にも地理的分化が示唆されるヒラタクワガタであるが、DNA情報によっても本土のヒラタクワガタおよび島嶼域に生息するヒラタクワガタ亜種間に明確な遺伝的分化が生じていることが示された。また本土のヒラタクワガタも北九州・山口周辺に生息する系統と関東～南九州に広く生息する系統に二分され、前者は別亜種とされるツシマヒラタ、イキヒラタおよびゴトウヒラタと同じ系統であることが判明した。外国産種スマトラオオヒラタクワガタと同様に外群に位置するサンプル5および6は佐賀県で店頭販売されていた「国内産表示」ヒラタクワガタ雌雄ペアより得られた子孫。またサンプル80は静岡県の野外で採集された雌雄ペアの子孫。どちらも「国産」のはずなのに、他の国産個体とは遺伝的に大きく隔たれている。

室内レベルでの交雑実験の結果、ヒラタクワガタにおいて外国産種と在来種の間で、また外国産種と外国産種の間で種間交雑が生じ、雑種の雄成虫と雌成虫が得られた。雑種の雄成虫の形態は親種の雄の特徴を複合させた形をしており（図23）、性的二型の典型的形質であるクワガタムシの大アゴの遺伝に雌の染色体も関与していることが示された。また雑種の生存率は飼育条件で見ると高いと考えられた。

以上の結果から、オオクワガタとヒラタクワガタについて日本産種のDNAデータベースを構築することができた。ヒラタクワガタについては既に野外において外国産種のDNAも検出されており、交雑実験においても容易に外国産種と日本在来種の間で雑種が生じることか

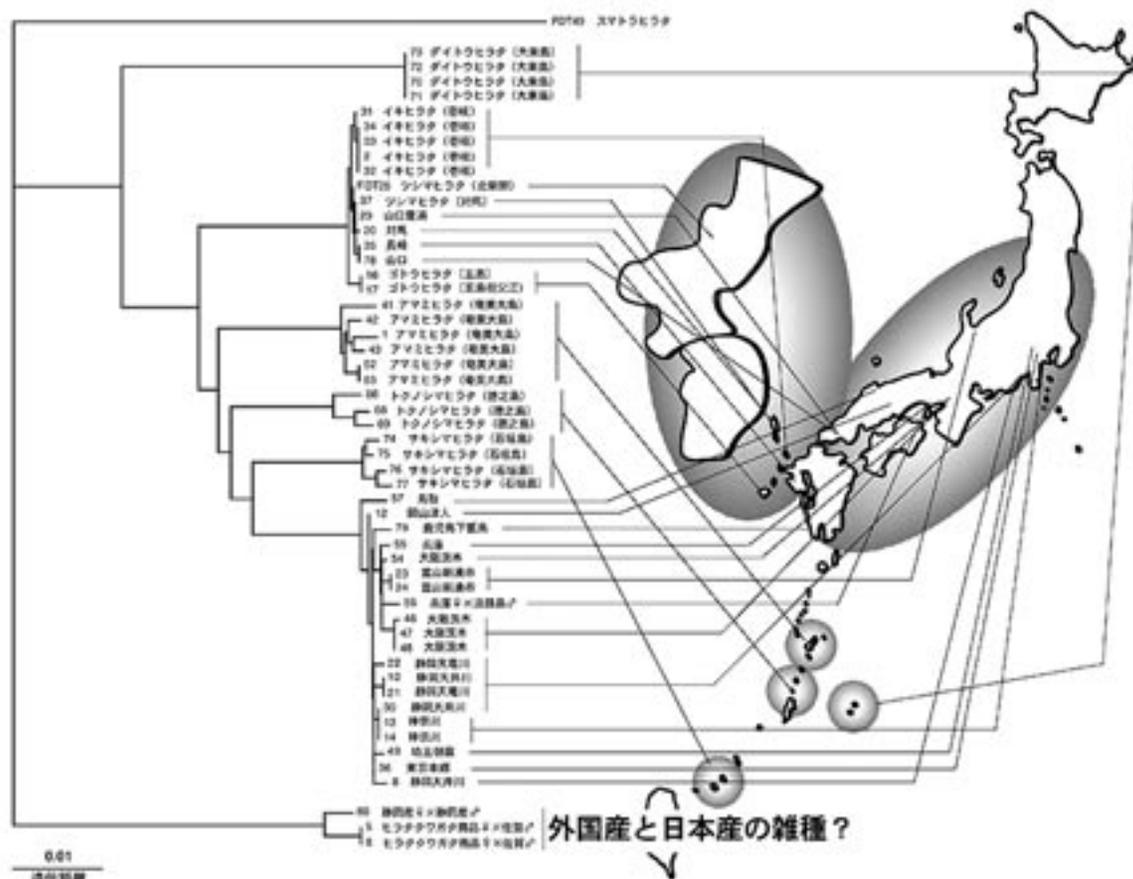


図22 mtDNA-CO遺伝子領域2kbの塩基配列に基づく日本産ヒラタクワガタの系統樹（近隣接合法）

ら、外国産種の野生化の拡大に伴って遺伝的攪乱が進行する可能性が高いと判断された。今後はミトコンドリアDNAの他に核DNAのマーカーも確立し、野外における雑種形成の実態把握を行うとともに種間交雑実験を続行し、雑種の妊娠や形態形質・行動形質の遺伝様式を調べていくことを検討する。



図23 スマトラオオヒラタクワガタ雌（5cm）と日本産ヒラタクワガタ雄（5cm）の交雑より得られたF1雑種雄成虫  
わずか体長5cmのメス親から8cm以上の巨大な子供が誕生した。大アゴを含めた体型は明らかにスマトラオオヒラタクワガタのものも受け継いでいる。

●寄生生物の持ち込みのリスク評価

国内で販売されている商品から抜き取り調査を行った結果、多数の寄生性ダニが検出された。それらの一部は日本に棲息するダニと同一種と考えられたが形態精査の結果、日本のダニとは異なることが示された。また、イトダニの1種と考えられるダニに大量に寄生されたクワガタムシ成虫が1ヵ月以内に病死するという現象も確認された（図24）。イトダニは腐食性で、クワガタへの寄生は移動手段のためと考えられており、病気のメカニズ



図24 種不明のダニに寄生された後、足のふ節が腐り落ち、死亡したヒラタクワガタ

ムは直接的な加害ではないと考えられるが、ダニが病原性の微生物を媒介していることも可能性として考えられた。ダニのほとんどは不明種が多いため現在、分類の専門学者に同定を依頼している。これらの観察結果は生物体の安易な商品化は未知の寄生生物の運搬と蔓延を引き起こす可能性を強く示唆するものと言える。今後はさらに商品の検査を行うとともに、ダニの特定と病原性のメカニズムを解明していく必要がある。

## 2.4 遺伝子組換え生物の生態系影響評価手法に関する研究

近年、遺伝子組換え技術の進歩に伴い、多数の遺伝子組換え生物が作製され、農作物を中心にそれらの利用あるいは栽培が認可されている。現在、組換え体の開放系での利用は農地などの管理が行きとどいた場所に限定されている。一方で研究レベルでは環境浄化や教材としての使用を目的とした組換え体で作製されており、このような目的で開発された組換え体は十分な管理が行われていない場所で利用される可能性がある。このような状態で組換え体を利用した場合、組換え体そのものを持つリスクを評価するだけでは不十分で、生態系へ与える影響、特に組換え体が優占種となって定着するかどうかを評価する必要がある。また、近い将来遺伝子組換え体の、国境を越えての移動に関して輸入国側が輸入する組換え体のリスク評価を行うことを取り決めた「カルタヘナ議定書」が発効する予定である。したがって、輸入される組換え体のリスク評価を迅速に行う手法が必要となる。以上のような背景から本サブテーマでは（１）遺伝子組換え植物の挙動調査用マーカーの開発とそれを用いた挙動調査（２）新たな組換え体解析手法（DNAアレイの使用）の検討（３）既存の組換え植物（ダイズ）から野生種（ツルマメ）への遺伝子移行の可能性の検討（４）微生物の生態系での生残性に関する研究（５）組換え微生物の挙動調査用マーカーの開発およびPCR法による検出・定量法の開発（６）組換え微生物細胞内のマーカー遺伝子の挙動。以上６つの課題について研究を進めた。

### 2.4.1 遺伝子組換え植物の挙動調査用マーカーの開発とそれを用いた挙動調査

#### （１）研究目的

遺伝子組換え作物は、農水省が作成したガイドライン

に則った安全性評価手法、管理手法で開放系における栽培が認可されている。今後、この技術の適用枠の拡大（例；ファイトレメディエーション）に伴い、耕作地以外の場所で生育する非作物の植物種にこの技術が応用されることが予測されるため、これまでのガイドラインの枠内での環境影響評価手法は不十分になることが考えられる。その際、問題になるのは組換え体の作り出す花粉を媒介した組換え遺伝子の拡散である。すなわち、野生の近縁種に非常に低い確率で組換え遺伝子が移る可能性があっても、これまでの手法では組換え遺伝子の検出に莫大な労力がかかるために、十分な個体数の検定が不可能であった。そこで、組換え遺伝子の拡散を簡便に見るための新しいマーカー遺伝子の開発を行った。その際用いるマーカーとして、①葉の形態異常を引き起こす遺伝子、②体色変化を引き起こす遺伝子を候補に挙げ、それらの植物への導入と導入による生育特性の変化を調べた。

#### （２）研究の成果

①葉の形態異常を引き起こすホメオボックス遺伝子をマーカーとして用いる

タバコより単離したホメオボックス遺伝子（葉の形態を制御している遺伝子）をタバコで過剰発現するように導入した結果以下のことが明らかになった。

６種類のホメオボックス遺伝子をそれぞれ導入することにより、大きく４つの表現型（変化の弱い順に Normal, Curved, Wrinkle, Dwarf）が見られることが分かった。またこれらの形態異常が生じる割合は、各ホメオボックスで異なることが明らかになった。それぞれの表現型を用いて、栄養生長、生殖生長の指標となるいくつかの形質を調べたところ、Curvedの形態異常を示すものでは種子の数を除く全ての形質で Wild type とほぼ同程度であることが示された。この表現型における種子数の減少は雄蕊の伸長に原因があると考えられることから、花粉供給源としてこの植物を使用するならば大きな問題はないと考えられた。以上の結果から、ホメオボックス遺伝子のタバコへの導入による形態異常の表現型のうち、Curvedを示すものは組換え遺伝子の拡散マーカー植物として使用可能ではないかと結論づけた。次に、シロイヌナズナにタバコホメオボックス遺伝子の導入を行った、タバコより単離したホメオボックス遺伝子（NTH15）の導入により、葉の形態異常を示すシロイヌナズナの組換え系統がいくつか得られた。これらの生育

特性を調べたところ、野生型に対して組換え体で若干の栄養成長の減少が見られたが、種子の発芽率、開花期に違いは見られなかった。

②体色変化を引き起こす遺伝子をマーカーとして用いる  
ホメオボックス遺伝子をマーカーとして使用する際の大きな問題点として、生育特性が野生型と大きく異なることがある。この生育特性の変化が最終的に環境中への拡散を調べた時の結果に大きな影響を残す可能性がある。そこで、比較的植物の生育に影響の出にくいと考えられる、体色を変化させる遺伝子を導入した組換え体の作成を行った。クラゲより単離された、GFP (Green Fluorescent Protein) 遺伝子をシロイヌナズナで過剰発現させた組換え体を作製した。その結果、暗所で野生型とははっきりと区別することができる組換え体を得ることができた。この植物の生育特性を調べた結果、種子の発芽率が野生型に比べて20%程度減少していた。その他の特性には違いは見られなかった。今後はこの組換え体の生育特性についてさらに検討した後に、挙動調査実験を繰り返す予定である。

#### 2.4.2 新たな組換え体解析手法 (DNAアレイの使用) の検討

##### (1) 研究目的

今後高付加価値を付与した作物 (例えば低アレルゲン米) や環境改善にむけた遺伝子組換え植物などの組換え体の利用が増加することが予想される。これらの遺伝子組換え体のうち環境改善を目的とした植物は人間の管理が行き届いている圃場ではなく、主に他の植物が混在する生態系で使用されると考えられる。したがって、このような遺伝子組換え植物が利用されるようになると、これらの植物の生態系への影響が無視できなくなると考えられる。

しかしながら、これまでに行われた圃場における虫媒などによる遺伝子組換え植物からの遺伝子流動・組換え体の雑草化をみるための模擬的環境実験では、野外におけるこれらの環境影響に対するリスク評価を正確かつ短期間で行うことは困難であると考えられる。そこで本研究では分子生物学的手法を用いた新しい遺伝子組換え植物の環境影響評価技術の開発を提案する。

本研究ではモデル植物のシロイヌナズナのESTクローンを用いたDNAマイクロアレイ法による遺伝子組換え植物が内包する環境影響リスクの評価手法の確立を目指す。具体的にはシロイヌナズナ野生型、いくつかの遺伝

子組換えシロイヌナズナからmRNAを単離し、これを用いて数千種類のシロイヌナズナESTクローンが網羅してあるDNAマイクロアレイにより組換え遺伝子の導入による他の遺伝子の発現が変化するかあるいはしないのかを調査する。また、遺伝子導入によりいくつかの遺伝子の発現が変化した場合には、変動する遺伝子に何らかの共通性があるかどうかを検証する。

##### (2) 研究の成果

シロイヌナズナのESTクローン2,303個が載せられているDNAマイクロアレイを用いて非遺伝子組換え体どうしの遺伝子発現量の相関係数をとったところ $R=0.96$ の相関があった。一方、本サブテーマ4.1で作製した35S::GFP遺伝子を導入した植物と非遺伝子組換え体との相関係数は $R=0.90$ また、35S::NTH遺伝子を導入した遺伝子組換え体と非遺伝子組換え体は $R=0.85$ であった。以上の結果から外来遺伝子の導入により、他の遺伝子の発現に影響が出ることが示唆された (図25)。

今後はどのような遺伝子がどれくらいの頻度で発現変化するかを解析する予定である。今後の課題としてはまず各実験とも一度しか行っていないので、この結果が正しいかどうかの追試実験を行う。また、同じ遺伝子を導入した別系統でも同様な実験を行い同じような結果が得られるかどうかを調べる。さらに、遺伝子導入による他の遺伝子の発現変化が導入した遺伝子が過剰に発現した結果なのか、それとも導入遺伝子の挿入位置による位置効果なのかを検証する実験を行いたい。

#### 2.4.3 既存の組換え植物 (ダイズ) から野生種 (ツルマメ) への遺伝子移行の可能性の検討

##### (1) 研究目的

平成15年2月現在、遺伝子組換え作物で開放系における栽培が認可されているものは14種、66系統あるがこのうち少なくとも4種については日本国内に交配可能な近縁種が存在する。しかしながら、現在のガイドラインの下では遺伝子組換え植物の環境に与える影響評価、特に導入遺伝子の他の植物への伝搬確率の解析は、複雑な手順を必要とする方法で行われているため必ずしも十分な検体数に対して行われていない。実際に農地以外の場所で組換え体を栽培する場合、組換え体と在来種とが交雑して組換えた遺伝子が他の種へ拡散することが懸念される。本研究では野外のあまり管理されていない栽培

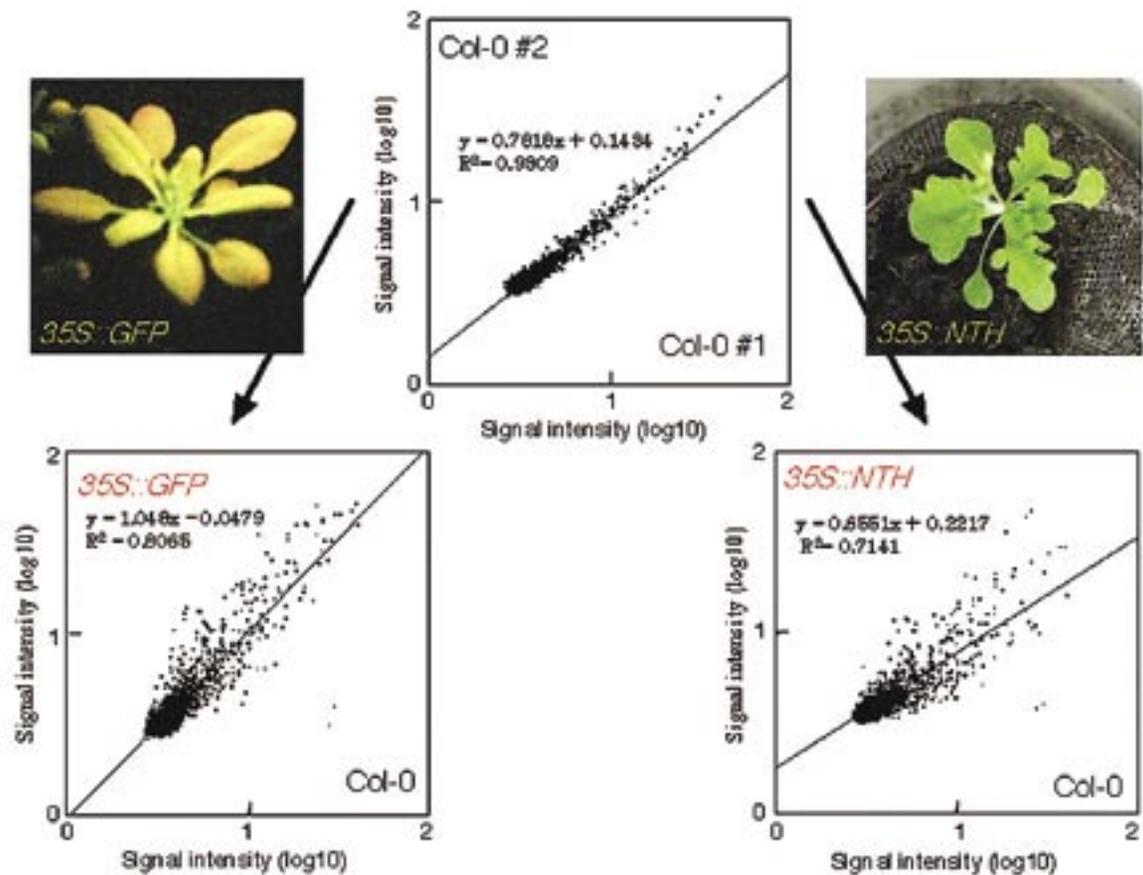


図25 組換え体と野生型のマイクロアレイによる遺伝子発現パターンの比較

条件で野生種ほどの程度組換え遺伝子が拡散するかを検討するため、日本国内ですでに栽培が認可されている遺伝子組換えダイズ（GMダイズ）と日本の農地でよく見られ、ダイズと交配可能近縁種であるツルマメの雑種を作製した。また、GMダイズの持つ除草剤耐性遺伝子を高感度に検出する方法の開発を行った。

## (2) 研究の成果

GMダイズとツルマメの開花期の調査を行うため国立環境研究所別圃地圃場で、栽培を行った。その結果、在来のツルマメのうち少なくとも3系統の開花期が遺伝子組換えダイズの開花期と重なる時期があることを明らかにした。次に、GMダイズと最もよく開花期が重なるツルマメの系統（Nasu 5）とGMダイズを並列して小規模栽培を行い、約3,000粒のツルマメの種子を採取した。さらに、除草剤耐性遺伝子（EPSPS）を高感度で検出するPCRプライマーを設計して、PCR反応を行った結果、種子100個に1個の割合で組換え体が混入している状態でも組換え遺伝子を検出できることが分かった（図26）。また、ツルマメ特異的に検出されるRPIDマーカーを作

製した。

EPSPSを持つGMダイズとツルマメ（Nasu 5）を人工的に交配して、F1 雑種を5系統作製した。これらの雑種の第1葉からDNAを抽出して、前述のEPSPSを検出するためのPCR反応を行ったところ、ツルマメから抽出したDNAをテンプレートとしたときは、PCR産物が増幅されなかったが、5系統のF1雑種から抽出したDNAを用

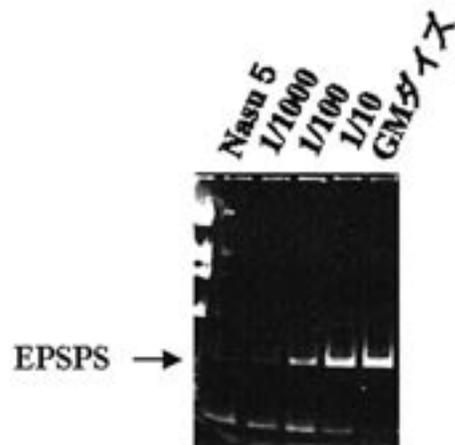


図26 GMダイズのEPSPSをPCR法での検出

いた時にはどれもPCR産物が確認された。5系統のF1雑種の種子はツルマメの特徴である黒色であり（ダイズは黄色）、ツルマメ特異的なRAPIDマーカーも確認された（図27, 28）。以上の結果から、本研究で作製されたF1雑種はすべてGMダイズとツルマメの両者の性質を持つハイブリッドであることが確認された。

#### 2.4.4 微生物の生態系での生残性に関する研究

##### (1) 研究目的

自然環境中に導入された遺伝子組換え微生物の生態系への影響を評価する際には、導入された微生物の挙動を把握することが有効であり、これまで環境中での挙動の基盤となる生残性の判定は平板寒天培地を用いた培養を伴う手法により行われてきた。しかし近年、生きてはいるが培養できない新たな生残状態（VNC; viable but non-culturable）の存在が示唆され、コレラ菌や大腸菌O157などヒト病原菌の環境中での挙動を論じる際に



図27 F1雑種の種子と植物体の形状



図28 F1雑種でのEPSPSの検出

は重要視されている。VNC状態とは、本来培養可能な細菌が環境中で生残する過程において、平板寒天培地上にコロニーを形成できないが酵素活性やタンパク質合成機能などの生命反応が蛍光染色法やDVC（Direct Viable Count）法などにより検出され、「生きている」ことが確認される新たに提案された概念である（図29）。上記のように、従来は、微生物の生死判定には平板寒天培地上でのコロニー形成の有無が用いられ、コロニーが認められない場合には死菌と判定された。したがって、この新たに提案されたVNCの概念は、微生物の安全性を評価する上で配慮すべきものであり、これにより従来の評価手法の再検討が表面化し、とりわけ遺伝子組換え微生物の環境中での挙動を解析する際には、無視し得ない重要な観点と考えられた。したがって本研究では、モデル微生物を用いてストレスによるVNC状態への移行および再増殖の可能性について検討した。

##### (2) 研究の成果

まず、環境中に放出（導入）されるモデル微生物として、排水処理場の排水中に存在する細菌に着目し、各種細菌を単離して実験に用いた。環境中において微生物は様々なストレスを受け、生育に際して重大な影響を受けるが、本研究では微生物にとって最も過酷なストレスとして殺菌処理に用いられる塩素に着目し、これによる影響を検討した。細菌の生残性の確認は、CFDA（carboxylfluorescein diacetate）を基質に用いたエステラーゼ活性の測定、およびLIVE/DEAD® BacLight kitを用いた膜透過活性の測定で行った。

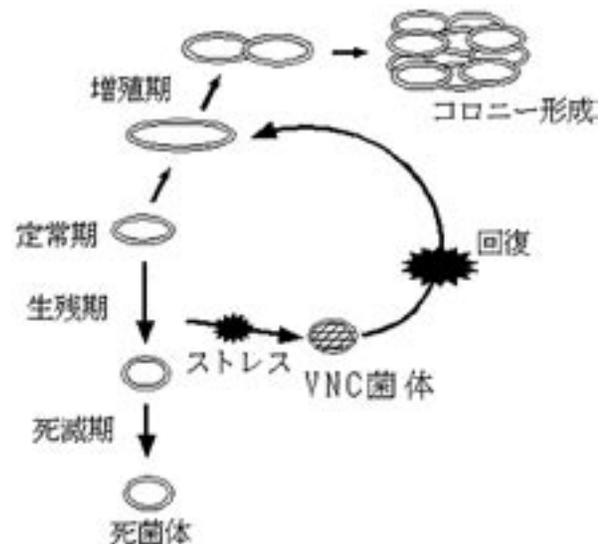


図29 VNCの概念図

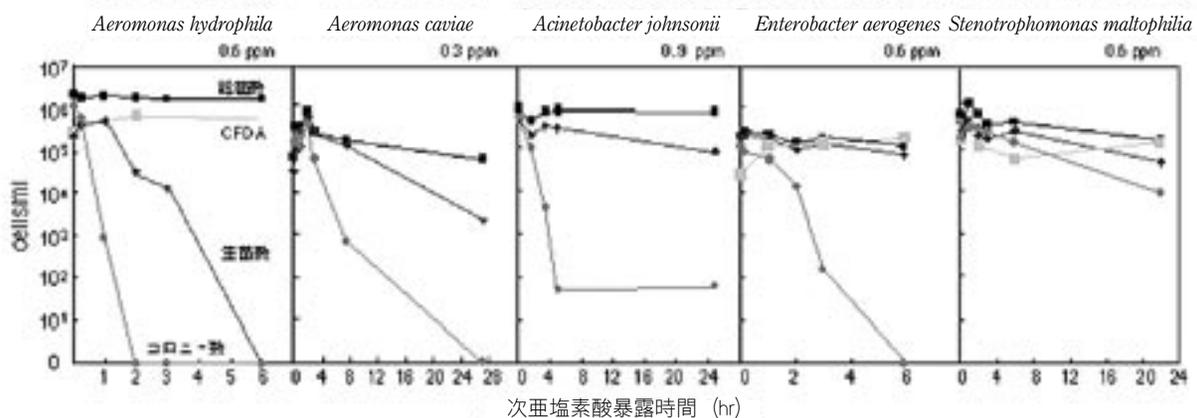


図30 単離した各種細菌のVNCへの移行

CFDAは細胞内にあるエステラーゼにより加水分解されて緑色蛍光を発するが、蛍光物質は細胞膜が損なわれていない場合のみ細胞内に保持されるため、生きている細胞が識別できる。一方、LIVE/DEAD® BacLight kitは2種類の核酸染色剤を含んでおり、これらにより無傷の細胞膜を有する生菌（緑色蛍光を放つ）と細胞膜の壊れた死菌（赤色蛍光を放つ）とを識別することができる。排水中より単離した *Aeromonas hydrophila*, *Aeromonas caviae*, *Acinetobacter johnsonii*, *Enterobacter aerogenes*, *Stenotrophomonas maltophilia* のいずれの菌株においても、次亜塩素酸の暴露によって全菌数、活性保持菌数にはほとんど変化が見られなかったが、コロニーの形成は全く認められなくなり、VNC状態に移行したことが示された（図30）。また、VNC移行に必要な次亜塩素酸ナトリウム添加量はそれぞれ菌株の培養状態の微妙な変化によって若干変動したが、VNC状態への移行現象には再現性があり、したがって、VNCは細菌に普遍的に起き得る現象であることが明らかとなり、改めて生残性評価法を再検討する必要があると示された。

近年、病原性細菌を用いたVNC研究において、VNC細胞が何らかの刺激によって増殖能を再獲得し、その結果、病原性も復活することが報告されている。環境中に導入してVNC化した微生物の再増殖は、その安全性評価において重要と考えられたため、いったんVNC状態に陥った上記細菌が環境中において再増殖する可能性について検討した。*Aeromonas hydrophila*, *Enterobacter aerogenes*, *Stenotrophomonas maltophilia* のいずれの菌株においても、NB平板寒天培地でコロニーを形成しないVNC状態時に、カタラーゼまたはピルビン酸ナトリウムを添加することによりコロニー形成の

回復が認められた。また、*Aeromonas hydrophila* を用いてそれら試薬の各種添加濃度による影響を検討した結果、添加量が多いほど回復効果が上昇し、カタラーゼ 1,000-10,000U/plate、ピルビン酸ナトリウム 1%で最も効果的であった。これら試薬成分は環境中においても存在し、特に生体に顕著に存在することから、生体由来成分によるVNCからの回復条件を検討した。

*Aeromonas hydrophila* を用いて溶血液、血清、鰓内臓抽出液等の生体由来成分による回復条件の検討を行った結果、溶血液をNB平板培地に添加した場合に最も高い回復が見られ、VNC菌体の約3%においてコロニー形成能が回復した（図31）。また、用いた生体由来成分のカタラーゼ活性を測定したところ、VNCからの回復が確認された生体由来成分中にはカタラーゼが含まれていることが明らかになった。さらに、カタラーゼ活性とコロニー形成能の回復菌数の関係について検討した結果、カタラーゼを用いた場合では活性と回復菌数の間に正の相

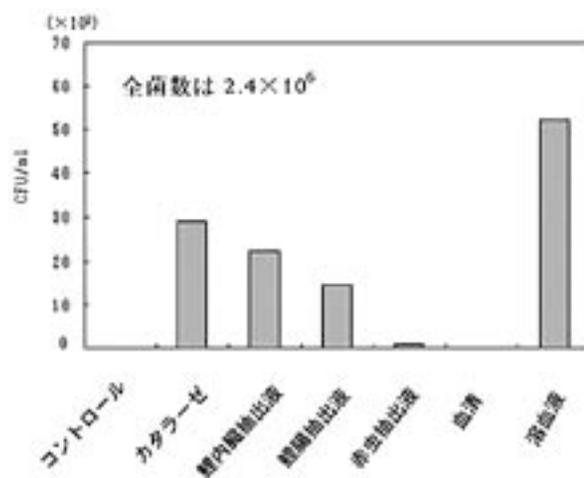


図31 生体由来成分によるVNC状態からの回復

関がみられた。しかし、血清、鯉腸抽出液、鯉内臓（腸以外）抽出液については、相関が見られたものの、溶血液ではカタラーゼ活性から想定された回復数よりも高い回復が見られ、カタラーゼ以外にも回復を促進する成分の存在が示唆された。以上より、VNC状態は特定の微生物に観察される特殊現象ではなく、多くの微生物がとり得る存在状態の一つであることが示された。また、塩素ストレスによりVNC状態に陥った菌体の一部は、生体由来成分と接触することによりコロニー形成能を回復することが示され、VNC菌体が生体内に侵入した場合に回復が起こる可能性が示唆された。今後、VNC状態に導く因子およびVNC菌体を再増殖せしめる因子として塩素やカタラーゼ等の抗酸化剤以外にどのようなものがあるのか、検討する必要がある。いずれにせよ、環境中に導入された遺伝子組換え微生物の挙動を解析する際には、培養を伴った従来法では不相当であることが明らかとなり、また、その生残性を評価する際には、環境中に生活する生物の体内を通過することにより増殖能が変化する点も考慮に入れる必要があると考えられる。

#### 2.4.5 組換え微生物の挙動調査用マーカーの開発およびPCR法による検出・定量法の開発

##### (1) 研究目的

微生物は肉眼で観察することが不可能であり、また顕微鏡による形態観察によっても識別することはほとんどできない。さらに自然環境中には非常に多くの微生物が生息しており、例えば土壌 1 g には 1 億匹以上の細菌が存在するといわれている。したがって、環境中での組換え微生物の安全性あるいは影響を評価する上で、その検出手法の開発は非常に重要である。環境中からの特定微生物の検出方法には、一般に直接検出法、培養法、DNAプローブ法やPCRを応用したDNAレベルでの検出法の3つが挙げられる。直接検出法は菌体の直接検鏡による計数で、培地が特定できない等培養が困難な菌体も検出が可能である。しかしながら、土壌等の環境試料中では菌体の判別が困難であり、特異性および感度が低い。培養法は操作が簡便で大量のサンプルを処理できるため、広く用いられてきた方法であるが、同属の微生物との判別は比較的困難であり、適当なマーカーを開発することが必要である。DNAプローブ法やPCR法を応用したDNAレベルでの検出法は特異性が高く、対象微生物の遺伝学的な情報が分かっているならば、非常に近縁な微生物間でも区別して検出できる。しかし環境中のすべてのDNAを回収できるわけではないこと、たとえDNAを検出できたとしても、そのDNAの由来が活着している微生物のものか死んでいる微生物のものか分からない等の問題点がある。環境中から菌体を検出し、モニタリングするには、このように各手法の長所・短所を踏まえ、その菌体の特性に応じた手法を用いることが重要である。そこで本研究では、比較的簡便な培養法による検出用マーカーの開発及び培養が困難な微生物の挙動を解析するためにPCR法による検出・定量法の開発を試みた。

物間でも区別して検出できる。しかし環境中のすべてのDNAを回収できるわけではないこと、たとえDNAを検出できたとしても、そのDNAの由来が活着している微生物のものか死んでいる微生物のものか分からない等の問題点がある。環境中から菌体を検出し、モニタリングするには、このように各手法の長所・短所を踏まえ、その菌体の特性に応じた手法を用いることが重要である。そこで本研究では、比較的簡便な培養法による検出用マーカーの開発及び培養が困難な微生物の挙動を解析するためにPCR法による検出・定量法の開発を試みた。

##### (2) 研究の成果

培養法による検出用マーカーとして重金属耐性に着目し、水銀還元酵素遺伝子群 (*mer* オペロン) をマーカーとした (図32)。水銀は広く地球上に存在するため、本遺伝子を有する水銀耐性菌は環境中に広く見いだされており、組換え微生物のモニタリング用マーカーとしての安全性は高いと考えられる。まず、*mer* オペロン (水銀マーカー) を効率よく微生物に導入するために、土壌細菌の一種である *Pseudomonas putida* PpY101 株への最適導入条件を求めた。次いで、得られた条件を適用して水銀マーカーを組み込んだ組換えプラスミド pSR134 を広く土壌に生息する各種シュードモナス属細菌 *P. putida* PpY101, *P. putida* PRS2000, *P. aeruginosa* PAO1, *P. fluorescens* LB303, さらに大腸菌 *E. coli* HB101, および窒素固定細菌 *K. oxytoca* R16 に導入した。これら水銀マーカーを導入した微生物の基礎的な性質を調べるために、世代時間、プラスミドの安定性等について検討した。世代時間について検討した結果、水銀マーカーを導入

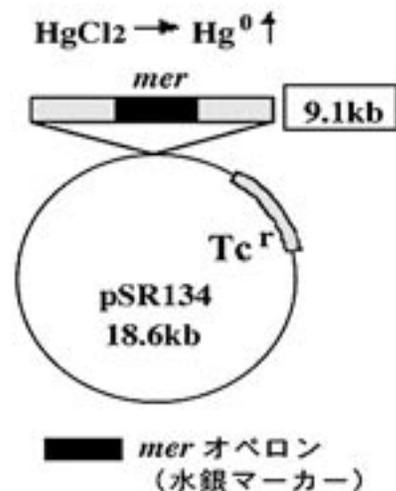


図32 水銀耐性マーカープラスミドの構造

入した微生物の方が若干長くなる傾向が認められた。これは導入したプラスミドを複製するために宿主よりも多くのエネルギーを必要とするためであると考えられる。水銀マーカを組み込んだプラスミド pSR134 は、同じシュードモナス属細菌を宿主としても、*P. putida* PpY101 では植え継ぎ7回目までは保持率80%以上で安定していることが示されたが、*P. aeruginosa* PAO1, *P. putida* PRS2000では植え継ぎ初回から保持率が60%と安定性は悪く、このように宿主によってプラスミドの安定性はかなり異なることが観察された。プラスミドはその宿主細胞にとって寄生増殖因子であるため、その増殖機構の一部、あるいはかなりの部分が宿主の機能に依存していることなどから、こうした宿主による安定性の差が現れたと考えられる。さらに環境試料からの水銀マーカ付き組換え微生物の定量法を検討した。土壌粒子から組換え微生物細胞を分離・回収するために3分間振とう法を、また効率の良い組換え微生物の定量法として軟寒天重層法を開発し、実際の環境中において、水銀マーカを導入した組換え微生物のモニタリングが可能であることを確認した。

次に、培養が困難な微生物を迅速に検出・定量するためにトリクロロエチレン (TCE) を分解可能なメタン酸化細菌 *Methylocystis* sp. M株をモデルとしてPCR法を応用したDNAレベルでの検出法の開発を試みた。これまでM株の定量は、そのメタン酸化性能を利用した培養法によって行われてきていたが、培養法では1ヵ月以上の日数と大きな労力を必要とし、またメタン酸化性能を有するすべての菌が増殖するためM株に特異的な計数ではなかった。そこでDNA塩基配列の違いを利用したPCR法による特定微生物の検出手法に着目した。定量的PCR法としては、競合的PCR法、MPN-PCR法などの反応後のPCR産物を評価する方法、またPCR反応の定量域で解析する方法などが考案されている。本研究では、より簡便に正確な定量を行うためにPCR反応の酵素化学的動態解析による計数法を検討した。メタン酸化細菌M株の有するメタンモノオキシゲナーゼは、膜結合型 (pMMO) および可溶性 (sMMO) の2種類が存在する。このうちsMMOは、基質特異性が低くTCEの分解に大きく関与している。sMMO遺伝子の全塩基配列は、M株を含めて *Methylococcus capsulatus* Bath株、*Methylosinus trichosporium* OB3b株等、6株のメタン酸化細菌で報告されている。またsMMO遺伝子は *mmoX*, *mmoY*, *mmoB*,

*mmoZ*, *orfY*, *mmoC* の6つのオープンリーディングフレームからなるクラスターを形成している。これまで知られている各種メタン酸化細菌のsMMOはいずれも高いホモロジーを有することが確認されているが、これらsMMOの塩基配列を詳細に比較しM株のみを検出できるようなPCR用の各種プライマーを設計した。次いで6株のメタン酸化細菌を対象として各プライマーの特異性を検討した。SF-1とSR-3のプライマーセットでは、M株以外のメタン酸化細菌では増幅が検出されず、M株に特異的なプライマーであることが示され、非常に近縁の微生物集団の中からも検出・定量できることが示唆された。

#### 2.4.6 組換え微生物細胞内のマーカ遺伝子の挙動

##### (1) 研究目的

組換え微生物とその宿主である非組換え微生物との性質の違いは、組換え操作及び組換え遺伝子の有無に起因するものと考えられる。したがって、生態系への組換え微生物の影響を正しく評価する上で、組換え遺伝子の挙動を把握することが重要な課題である。そこで、水銀マーカを組み込んだ組換えプラスミドが微生物細胞内でどのように維持され、また発現しているかを解明することが重要であると考え、組換え微生物 *P. putida* PpY101 の細胞内における水銀マーカを組み込んだ組換えプラスミド pSR134 の挙動の解析を試みた。

##### (2) 研究の成果

まず、水銀マーカを導入した組換え微生物 *P. putida* PpY101株の環境水中における組換えプラスミド pSR134 の安定性について、手賀沼湖水中において検討した。環境水中における急激な菌数の減少は、原生動物による捕食が大きな原因であると考えられる。菌数の減少に伴い水銀添加平板培地に生育するコロニー数の割合が減少する傾向が示されたことから、環境水中において組換え微生物の水銀マーカ発現率の低下が認められた。この原因として、環境水という栄養増殖培地とは異なる貧栄養条件下において菌体が飢餓ストレスを受け、宿主の生存に必要な組換えプラスミドが複製されずに脱落した、あるいは組換えプラスミドは保持するが水銀マーカが発現していないこと等が考えられた。

次いで、蒸留水中において光の影響を検討した結果、暗所においては、水銀マーカ発現の低下は全く認められなかった。しかし、光の照射により生残性の低下

に伴って、水銀マーカー発現すなわち水銀耐性能が低下することが認められた。これらの現象を解析するために組換え微生物細胞内のプラスミドの立体構造および含量の評価法を開発した。通常のプラスミド抽出法では同時に開環状プラスミドが生じてしまうため、実験操作による立体構造の変化が生じると考えられる。そこで抽出操作による立体構造の変化をなくすために、組換え微生物をアガロースゲルに固定した後、ゲルプラグから組換えプラスミドの回収および透析による精製を行った結果、電気泳動により閉環状、開環状および直鎖状と立体構造の異なるプラスミドの分離が可能となった。本研究で開発したプラスミド抽出法では、閉環状プラスミドのまま抽出が可能であり、また通常のプラスミド抽出法と同程度のDNA量を回収することができた。次いで、開発した手法を用いて、組換え微生物 *P. putida* PpY101 細胞内の水銀マーカー付きプラスミドの立体構造解析およびDNA量の変化に及ぼす光照射の影響を解析した。顕微鏡観察による直接計数の結果、暗所および光照射系いずれもほぼ実験開始時の菌数を維持したことから、光による溶菌は生じていないと考えられる。また、水銀無添加平板培地で計数すると、暗所では試験開始時の菌数を維持し、光照射系では試験開始時の1/100以下に生菌数が減少した。以上より、光の照射により生存しているが培養不能な状態 (nonculturable) の *P. putida* 細胞が生じたと考えられる。また、光照射系の水銀還元微生物を、水銀を添加した平板培地で計数すると水銀濃度が高いほど低く計数された。つまり、光を照射されたが培養可能である菌株の中には、水銀マーカーの発現、すなわち水銀耐性能を示す菌体と示さない菌体が存在し、さらに菌体により水銀耐性能の強弱があることが認められた。水銀マーカー付きプラスミドの立体構造およびDNA量の変化について検討を行った結果、試験開始時はほとんどが閉環状プラスミドであったが、光の照射により閉環状プラスミドの減少に伴い開環状プラスミドが増加し、その後閉環状および開環状プラスミドともに減少した(図33)。暗所においては、試験開始時の閉環状プラスミドの量をほぼ維持し、試験終了時に開環状と閉環状プラスミドがほぼ等量となった。光の照射により開環状プラスミドが増加した4日目には、水銀添加および無添加平板培地での計数による菌数に差がないことから、開環状プラスミドであっても水銀マーカーの発現能は維持されていると考えられる。また閉環状および開環状プラスミドともに

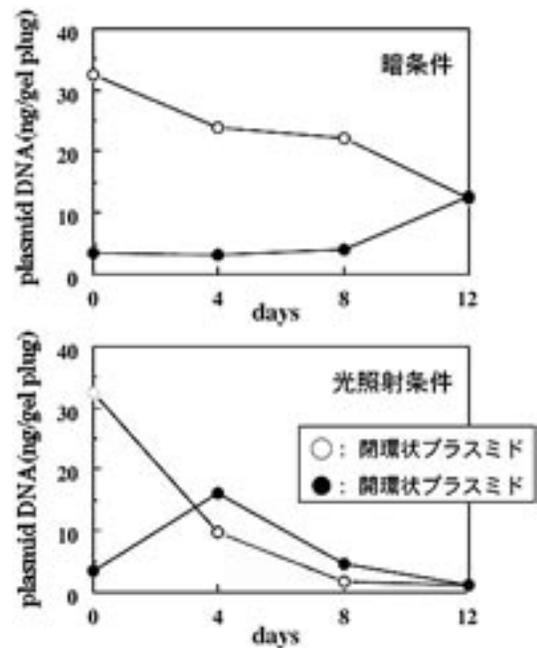


図33 水銀マーカーの立体構造に及ぼす光の影響

減少した8日目以降に、平板培地による計数の結果から水銀耐性能の低下が認められ、水銀が高濃度であるほど耐性を持つ菌数が少なかった。このことから、光により菌体内の組換えプラスミドが閉環状から開環状へと構造が変化することにより不安定化し、さらに光を受け続けるためコピー数が低下し、細胞によるプラスミドコピー数の違いにより、水銀マーカー発現に差が生じたと考えられる。このように環境中において組換え遺伝子がどのような挙動を示すのかを詳細に解析することは、組換え微生物の安全性及び影響評価に重要なデータを提供するだけでなく、環境浄化細菌等の有用な組換え微生物の環境中における効率的な活用システムの開発にも資するものと期待できる。

## 2.5 生物群集の多様性を支配するメカニズムの解明に関する研究

### 2.5.1 森林の樹木の多種共存メカニズムの解明

#### (1) 背景と目的

複数の種類の生物が同じ資源に依存して生きているとき、それらの種のあいだでは資源をめぐる競争が開される。まったく同じ資源を奪い合っているならば、資源の獲得能力が少しでも高い種がやがてひとり勝ちしてしまい、その他の種は消えてゆく運命にあるように思われる。しかし、複数の種がそれぞれなんらかの点で異なる資源を使って生きているならば共存はしやすくなる

だろう。

動物の場合、それぞれが異なった餌の好みを持つことで共存がしやすくなっていると考えられる。しかし、植物の場合には種類にかかわらず光と水と栄養塩を必要とする。これらの資源は、いずれも土壤中に根を張ったり、空中に枝を伸ばして葉を展開したりして空間を占有して獲得するものである。すなわち場所の取り合いがそのまま資源の取り合いとなる。空間というひとつ資源をめぐるすべての植物が競争しているのであれば、最も強い1種がすべての地面を覆ってしまいそうに思われる。しかし、たとえば日本には2万種以上の植物が生存している。種類によって冷涼な環境を好むものと温暖な環境を好むもの、栄養塩が豊富な環境を好むものとそうでないもの、といったように適した生育環境が異なるグループもあり、異なるグループの植物が共存していることはそれほど不思議ではない。しかし、同じような環境のなかで同じような生き方をしている多数の種類の植物を見ることができるのは、じつはたいへん不思議なことであり、古くから生態学者の関心を集めてきた。Hubbell<sup>16)</sup>は、どの樹種も競争力は同じだと考えて、純粋に確率的なプロセスで現実の多様性のパターンは説明できるという理論を提唱した。しかし多くの木々が正確に同じ競争力を持つと考えるのは無理がある。

植物の多様性は、植物を利用している動物の多様性を支えるものである。草食性の動物だけでなく、それらの動物を餌とする食物連鎖の上位に存在する動物や、植物を生育場所として利用する動物の多様性も植物の多様性によって支えられている。植物の多様性は、生態系の多様性の基礎・根幹だと言える。本研究課題では、とくに森林の全体的な骨格を形作っている高木の種多様性の維持メカニズムに注目して研究を進めている。

ChessonとWarner<sup>17)</sup>は、空間をめぐる競争している固着性生物の群集では、繁殖の時間変動が大きければ、繁殖子の生産数に種間差があっても多種の共存が可能になることを理論的に示した。優占種がたまたま繁殖子を作らないときに希少種が繁殖子を作れば、そのときに成体が死亡して形成されたギャップは希少種の子供が埋めることができる、いわば「鬼の居ぬ間」を利用した挽回が可能になるからである。

森林の構成種では、たしかに繁殖に時間変動がある例は多い。上記のメカニズムによって競争力に差がある樹種の共存している可能性は十分考えられる。しかし、種

子の大部分は親木の近くに散布されるし、希少種は森林のすべてのギャップを埋められるほど多くの種子は作れない。それでもこのメカニズムは有効に働くだろうか？ また、ChessonとWarnerは成熟個体が死亡した空隙のみ新しい個体の定着が起こると仮定したが、高木が死亡して形成されてきたすき間（林冠ギャップ）を埋めるのは、そのギャップが形成されてから散布された種子に由来する個体ではなく、それ以前に散布された種子に由来する稚樹であることが多い。高木の下で生育しながらギャップの形成を待っている稚樹の存在は、多種の共存プロセスとどのような関係があるだろうか？

森林での種の共存メカニズムをさぐるには、現実の森林での観察が不可欠なのは当然である。しかし、大きな時空間スケールのなかでの動態をさぐることはそう容易なことではない。効率のよい研究のためには、なんらかの仮説を立て、その仮説の検証のためにはどのようなデータが必要かを十分に検討してから調査を行うことが賢明である。そこで、プロジェクトの最初の2年間では、コンピュータでのシミュレーション実験を行って、繁殖の時間変動が森林での樹木の多種共存を促進し得るのか、また、どのような要因が多種共存の可否に影響するのかを解析した。この結果を踏まえながらフィールドでの調査とデータ解析を行うことを前提としての作業である。

## (2) モデル

空間構造のなかでの局所的な相互作用や、個々の要素の個性が全体の挙動と密接に関わるようなシステムの場合、個々の要素を明示的に区別して取り扱う個体ベースモデルが有効であることが多い。森林を構成するそれぞれの樹種ごとに別の時間変動パターンにしたがって種子を散布すること、散布は親木の近傍に集中することを表現するには、空間構造のある個体ベースが適切である。そこで、2次元平面を格子状に区切ってそのひと区画ごとに一個体だけ木が生育することができるような仮想森林をコンピュータ内に構築してシミュレーション計算を行った（図34）。一年ごとに個々の個体の生死、種子生産、種子散布、空き地での新個体の定着を計算した。

このモデルでは、個々の木は種子からスタートして20年間で成熟して種子の生産を開始する。死亡率は年2%で、どの個体がいつ死ぬかは確率的に決める。生産された種子は親木の周辺に散布される。格子の各区画に

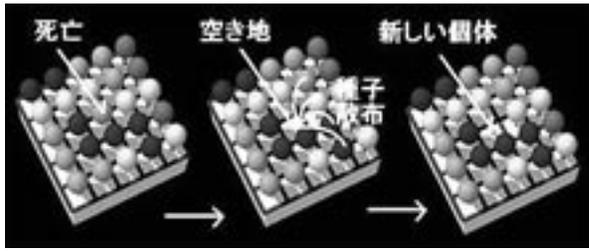


図34 空間構造のある森林の個体ベースモデルの模式図  
格子状に区切られた地面の小区画には一本の木しか生育できない。木が確率的に死亡して空き地ができると、周囲の木からそこに散布された種子のなかからランダムに選ばれたひとつが次世代を担う木を生じる。

散布される種子の量は、親木からの距離に応じて少なくなっていく。繁殖の時間変動を表現するため、種子生産の当たり年の平均的な頻度を決めて、あとは一年ごとに乱数によって種子生産の有無を決めた。

### (3) 結果と考察

初期状態ではすべてひとつの樹種の個体からなる純林とし、外部からごくまれに他の種の種子が飛来するとして毎年種ごとの個体数を追っていくと、確率的に起こる絶滅と外部からの種子供給とのバランスで、3千年ほどで定常状態に達する。このときの、それぞれの樹種ごとの個体数の変動パターンの例を示す(図35)。

一部を矢印で示したが、個体数が断続的に増加しているところがある。これはその種が種子を生産した年に対応する。増加量はそのときどきで大きく異なるように見える。これは、同じ年に種子生産をしている他種の個体がどれだけあるかに依存している。一種だけが種子を生産しているならば、その年に形成された空き地に散布された種子は競争者なくその場所を埋めることができるため、個体数は大きく回復する。一方、同時に多数の他種

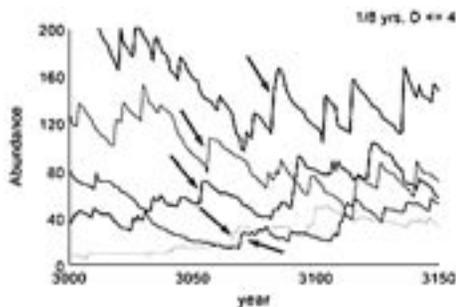


図35 森林の個体ベースモデルでシミュレートした、種個体群ごとの個体数の時間変化の一例  
横軸が時間、縦軸が種ごとの個体数で、それぞれの線が一種の個体数を示す。矢印は個体数が大きく断続的に増加している例を指し示している。

個体が種子を散布する年には、空き地を他種個体由来する種子と奪い合うことになるため、個体数の回復幅は小さくなる。

共存する種の数に影響を与える要因をさぐるため、種子の散布距離と種子生産を行う確率を変えながらシミュレーション計算を行ったところ、種子繁殖の頻度が高い場合よりも低い場合のほうがより多くの種が共存した。これは、Chesson と Warnder のモデルと一致するものである。そして、かれらのモデルと異なって種子の散布が親木の周辺に限られるとしたことで、少数者の挽回はむしろ起こりやすくなった。種子の散布範囲が狭いと空き地の占有能力が落ちてしまうために挽回がむずかしくなるようにも思えるが、そのような予想と逆の結果であった。この現象は、散布距離が短いほどひとつの空き地に種子を供給できる潜在的な親個体の数が減ることにより、個体数が少なくなった樹種が局所的に空き地を独り占めできる確率が高くなるためと考えられる。

また、できた空き地は以前から蓄積していた稚樹のうちどれかが埋める場合を想定して、格子の各小区画には成木1本だけでなく、稚樹が10本まで待機できるとして、同様なシミュレーション計算を行った。その結果、稚樹のあいだで場所とり競争が起きているならば、稚樹のレベルでの空き地の争奪で、高木の場合と同じように繁殖の時間変動が少数者の挽回を促進することが見いだされた。一方、森林のなかで新個体が定着しにくく、個体間の場所とり競争が実質的に起こっていない場合には、共存種数は著しく小さくなった。確率的な場所取り競争が存在しないと、稚樹の種構成はそのまま上層木のそれを反映したものになり、少数者が挽回するメカニズムが働かないためと考えられる。

ところで、樹種によって生産種子数には大きな開きがあり、微小な種子を多数作るものもあれば、大きめの種子を少数作るものもある。このモデルで言う種子生産数とは、最終的な定着確率まで含めて考えての有効な種子数である。どんなに多数の種子を作る樹種であっても個々の種子が微小で定着確率が非常に低いのであれば、有効な種子数は生産された種子の数よりも小さくなるものとして扱う。樹種によって種子の生産数が異なっているとして多種の共存のようすを調べたところ、当然予想されるように、多く種子を作る樹種ほどおおきな個体数をしめした。しかし、種子生産数が少ない樹種であっても、個体数が少ないながら共存できることが多く、か

ならずしも弱者はみな排除されるというわけではなかった。このことは、ある環境のもとでの繁殖力に少々差があっても、弱者がたちまち絶滅するわけではないことを意味しており、現実の森林での多様な樹種の共存を理解するうえでたいへん示唆的である。

仮想森林をつかったシミュレーション実験の結果、樹種ごとの繁殖の時間変動があれば多種が共存しやすくなることが明らかとなった。次の課題は、現実の森林においてどの程度このメカニズムが多種の共存に貢献しているのかを明らかにすることである。そのためには、繁殖成功の変動そのものを長期的なモニタリングで調べるという直接的な手法のほか、現存の森林の構造のなかに、このメカニズムが働いている痕跡をさぐるというアプローチもあり得る。具体的な解析の方法は検討中だが、上層木とその下の稚樹との種組成の関係や、樹種ごとの年齢構成の解析などが有望である。

もし、このメカニズムの重要性が高いとすると、それぞれの樹種でまれに起こる繁殖の成功が、その種の絶滅回避に重要な意味を持っていることになる。このモデルの説明では、繁殖の変動をもっぱら種子生産数の変動として表現したが、実際にはそれだけではなく、病害虫の年変動や発芽時の天候の年変動なども繁殖の成功の年変動を生じる要因である。これらの要因の変動パターンが人間活動によって変化すれば、特定の種の絶滅を促進するといった事態も考えられる。個々の樹種がどのような条件のもとで繁殖に成功しているかを長期的な野外調査によって明らかにすることも、森林の樹種の多様性を将来にわたって維持できるような保全策を立案するための基礎となるだろう。

## 2.5.2 遺伝子地図と個体ベースモデルにもとづくサクラソウの保全に関する研究

### (1) 背景と目的

遺伝子の多様性を考慮しながら生物多様性の保全戦略を考えたり、環境影響を評価したりするうえでは、遺伝子の流動と個体群の空間的な構造との関係にも注目する必要がある。しかし、これまで野生植物を対象とした遺伝子流動や集団の遺伝的変異の評価においては、もっぱら分析の容易な中立遺伝子がマーカーとして用いられてきており、生物の生存と直接かかわるような形質の遺伝子についての研究はきわめて不十分な段階にある。本研究では、日本の野生植物の中でも特に多くの生物学的・

生態学的な研究成果の蓄積がある多年生草本サクラソウをひとつのモデルケースとしてとりあげて、遺伝子的構造と群落の動態との関係を、野外調査、遺伝解析の結果にもとづいたシミュレーションを行って解析する。遺伝子地図と個体ベースモデルを活用して、個体群の存続可能性と深くかかわる量的形質を支配する遺伝子群の動態や、個体群の存続性などを詳細に分析することを目指す。

### (2) サクラソウの個体群動態モデル

サクラソウは地下に作られる芽が伸びることで無性的に株を増やす（クローン成長）とともに、種子による繁殖も行う。このモデルでは、サクラソウの生育地を二次元の格子で表現する（図36）。格子の各小区画にはただか一株のサクラソウが生育可能とする。ただし種子由来の未熟株は複数が生産できる。クローン成長を表現するために、成熟株は隣接する小区画にその複製を配置することができるとした。

このモデルでは、サクラソウの株の集中斑（パッチ）の拡大速度と部分的な死亡、種子の散布、新個体の定着、送粉者による花粉の散布、染色体上の遺伝子地図などが組み込まれている。これらの過程や要素についての具体的なパラメータを与えれば、現実のサクラソウ群落を再現するモデルとなる。

サクラソウの花にはめしべが長いものと短いものの2タイプがあり、そのどちらのタイプの花を作るかは遺伝的に決まっている。種子を作るには、その花とは別タイプの花の花粉が必要である。花粉の運搬はマルハナバチ

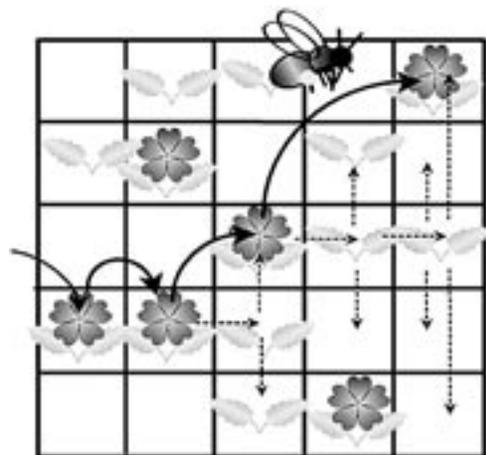


図36 サクラソウの個体群動態モデルの模式図  
格子状に区切られた地面の小区画には一株のサクラソウが生育する。開花した個体を探しながら昆虫が移動していき、花粉を受け渡す。

などの昆虫に依存している。モデルでは、昆虫の訪問を確率過程として明示的に取り扱っている。一日ごとに決められた数の昆虫がサクラソウ個体群に飛来し、ランダムに決められた出発点から、これもランダムに決められた飛行の方向に沿って花を訪れていくとした（図36）。

モデルの中で、すべての株はそれぞれの遺伝子型の情報を持っている。どの遺伝子座にどのタイプの遺伝子が載っているかという情報に基づき、それぞれの株の表現型（どのタイプの花をつけるのか、花の数はいくつか、いつごろから開花するのか、など）が決まる。異なるタイプの花からの花粉を受けとって作られた種子は、種子親と花粉親との遺伝子を組み合わせた新しい遺伝子型を持つ（図37）。

### （3）結果と考察

このモデルが含むさまざまなパラメータにとりあえずの値を与えてシミュレーションを行った。サクラソウ個体群はクローン成長と種子繁殖により拡大する一方で、攪乱による死亡がおこる様子が再現できた。また、送粉昆虫の多寡により集団内の遺伝的な多様性が大きく変化する様子などが見られた。送粉昆虫が少ない場合、種子ができにくく、種子繁殖による新しい遺伝的組成の個体の出現頻度が低くなった。そのため、見かけ上はサクラソウの群落が広がっているものの、遺伝的には少数の個体が大きな面積を覆った状態となった（図38）。

これまでのところ、モデル中のパラメータの値はすべて仮のものである。今後、共同研究者らの研究成果から値を特定できるパラメータについては現実のサクラソウを反映したものを設定する予定である。また、サクラソウ自生地での詳細な分布と遺伝構造のデータを利用して、モデルの正当性の検証を行うことも予定している。

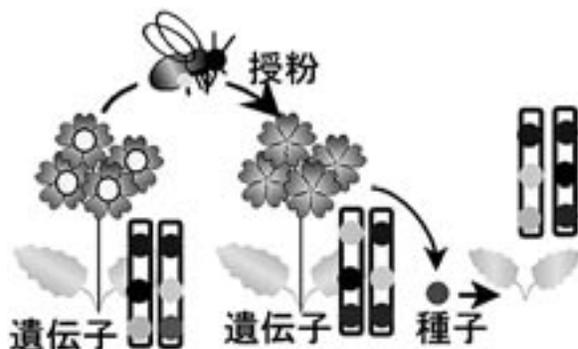


図37 有性繁殖による遺伝子の新しい組み合わせの形成  
送粉者が個体間で花粉を運び、新しい遺伝子の組み合わせをもった種子ができる。

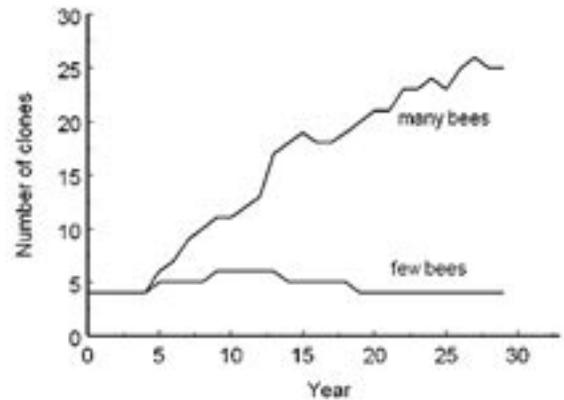


図38 サクラソウの動態モデルでシミュレートした、遺伝的に異なる個体（クローン）の数の時間変化  
送粉昆虫が多い場合（上の線）には時間とともにクローンの数が増加していくが、送粉昆虫が少ない場合（下の線）は、クローン成長で株の数は増えるものの、クローンの種類数はほとんど変化しない。

サクラソウを想定して開発されたこのモデルは、他殖性（遺伝的に異なる個体からの花粉を授粉しないと種子ができない）の多年生草本全般に適用可能である。他殖性で多年生であるという性質を持った植物について一般的な解析を進めるとい方向もあるし、サクラソウ以外の特定の種に特化するように改変して利用するという方向もあるだろう。いずれにせよ、研究終了後はモデルを公開してひろく利用してもらいたいと考えている。

### 2.5.3 進化的時間スケールの仮想生態系モデルの開発

#### （1）背景と目的

現在見られる生物の多様性は、数十億年の時間をかけた生物の進化の結果である。生物の多様性の変動メカニズムを解明するためには進化的な観点からの研究が必要である。そこで、種多様性の変動メカニズム解明に資する進化的時間スケールの仮想生態系モデルの開発を目的とし、「食う－食われる」の関係で結ばれた仮想的な生態系モデルを開発した。

#### （2）モデル

この系は複数の動物と植物によって構成される。植物は一次生産を担い、動物は植物、もしくは他の動物を食べないと生きていけないとする。それぞれの種が固有の性質と餌に対する選好性を持ち、それぞれの種が自分の好みにある種を食う、というルールに基づいて食う－食われるの関係を構築する。それぞれの種の進化に伴って、食う－食われるの関係も変化する。生物

同士の食う—食われるの関係は、以下のような多次元の Lotka-Volterra方程式を用いて表される。

$$\frac{dM_i}{dt} - M_i \left[ r_i + \sum_{j=1}^x a_{ij} M_j \right],$$

ここで $M_i$ は種 $i$ の生物量、 $M_j$ は種 $j$ の生物量、 $r$ は内的自然増加率、 $n$ は系内の種数、 $a_{ij}$ は種 $i$ に対する種 $j$ の影響である。この方程式を利用して、系を構成するそれぞれの種の生物量の増減を計算する。その結果、ある種の生物量がその種1個体分の生物量を下回れば、その種は絶滅する。一定期間ごとに系の中からランダムに1種を選び、その種が2種に種分化することによって新種が出現する。新種の性質（相互作用も含む）は、祖先の性質にランダムな変異を加えることによって決定する。また、一定期間ごとに、外部から全く新しい種が移入する。これによって新しいクレード（共通の祖先を持つ種のグループ）が出現する。このようなコンピューターシミュレーションによって、**図39**のように、複数の植物種が一次生産を担い、その上にそれぞれの植物を捕食する動物、さらにそれらの動物の捕食者、雑食者が積み重なるような仮想的な生態系が構築された。

### （3）結果と考察

現実の世界では、たとえば新生代の始まりなどの大量絶滅事変の直後には、系全体の種多様性は急激に増加し、その後種多様性の増加速度が鈍る現象が起こることが知られているが、本研究のモデルでこの現象を再現するとともに、非常に種多様性の高い系を構築することができた（**図40**）。これまでのモデルでは、このように非常に種多様性の高い系を構築することは非常に困難であった。今後は、現実の世界に普遍的に見られる、種多



図39 仮想生態系の概念図

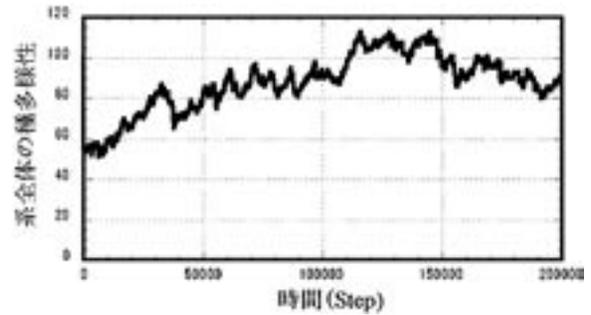


図40 仮想生態系全体の多様性の時間変動

様性の高い系の挙動を研究できる可能性がある。

個別のクレード内での種多様性変動でも、現実の世界に見られるような多様性変動パターンが再現された。その中の一つが、シーラカンスや肺魚類などの生きた化石のように、クレード内の種多様性が低い状態で、非常に長い間存続する（“粘る”）パターンである（**図41**）。

このパターンは、Raup *et al.*<sup>18)</sup>などの、従来の確率的に種数が変動するモデルでは再現されなかったが、本研究のモデルでは再現に成功した。生きた化石のようなパターンを示すモデル中のクレードは、進化速度が遅い種で構成されていた。そのため、このクレードに属する種は種間の違いが小さく、近縁種間で餌の奪い合いを起こす。また、進化速度が遅いため捕食者より早く進化できない。そのため、常に高い捕食圧にさらされる。そして、同じ近縁種間で同じ捕食者に襲われることが多いので、近縁種間で捕食者媒介競争が生じることも多い。その結果、進化速度が遅い種からなるクレードは種多様性を拡大することができない。しかし、種多様性が低くなった結果、餌となるクレードを食べ尽くされずに長期間存続するため（**図42左**）、安定した餌の供給を受け続けることができる。また、生きた化石クレードはクレード内の種多様性が低いため、このクレードの捕食者が餌不足で絶滅しやすくなる（**図42右**）。

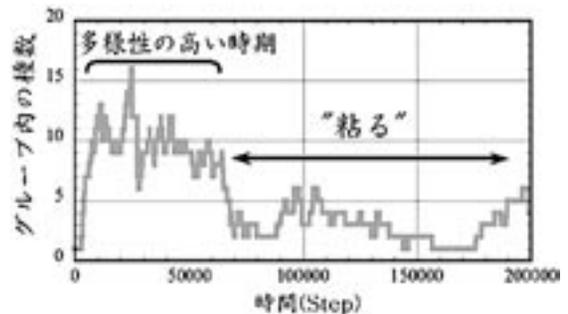


図41 “生きた化石”クレードの例  
クレード内の多様性が低くなった後、  
絶滅せずに長期間存続している

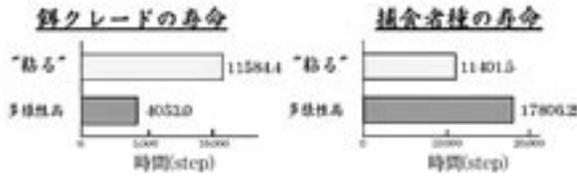


図42 “生きた化石”の餌クレード（左）と捕食者クレード（右）の寿命

生きた化石と呼ばれる生物は形態の進化速度が非常に遅いこと、低い多様性を保ったまま長期間存続すること、という二つの特徴を持つが、本研究の結果は、これらの特徴が密接に関連していることを示している。また、これまでは、生きた化石が生き延びるためにはなんらかの避難場所が必要だと言われていたが、本研究の結果は、生きた化石の生存には、必ずしもそうしたものは必要ではないことを示唆している(Yoshida<sup>19</sup>)。

食う－食われる関係で結ばれた系は、捕食者数と餌種数の影響を受けて変動する。あるクレードの捕食者数が小さく、餌種の数が多ければ、そのクレードは種多様性を増加させることができる。しかし、多様性が増加すると時間の経過と共に捕食者の数が増加し、餌種数が減少する。しかし、クレード内の種多様性が減少したとき、捕食者が1種減り、餌種が1、2種増えれば、そのクレードの多様性は再び増加する（図43、44）。この結果は、ほんのわずかな相互作用の変化がそのクレード

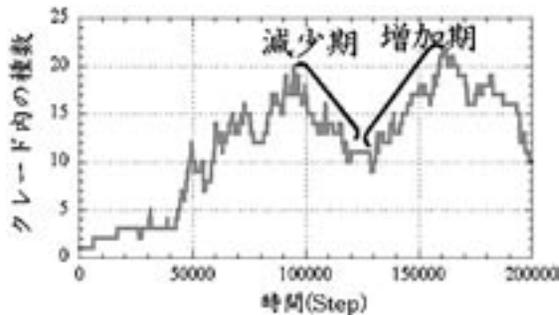


図43 多様性の増加と減少を繰り返すクレードの例

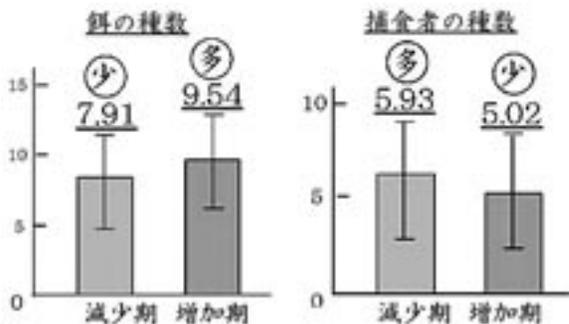


図44 多様性の増加期と減少期における捕食者数と餌種数の比較

の運命を分けることを示唆している。また、あるクレードの変動パターンに大きな変化が見られても、そこには特別な原因がないのかもしれない。

現実の世界の生態系は常に攪乱を受けている。そのような攪乱が多様性変動に与える影響を調べるため、食う－食われるの関係で結ばれた仮想的な生態系に対して確率的な攪乱を加える実験を行った。このシミュレーションでは、攪乱は、一定の確率で系の中で1種をランダムに選び、その種から一定量のバイオマスを引くという形式で加えた。シミュレーションの結果、絶滅に瀕するほどの攪乱を加えられても、攪乱を受けた種のバイオマスは非常に短期間で急速に攪乱前のレベルに回復していた（図45）。また、この攪乱の影響は、食う－食われるの関係を介してほとんど伝播しなかった。そのため、食う－食われるの関係で結ばれた仮想的な生態系に見られる多様性変動パターンは攪乱の影響をほとんど受けないことが明らかとなった。この結果は、進化的に構築された生態系は攪乱に非常に強いいため、多様性変動パターンは、生物同士の食う－食われるの関係の変化が非常に大きな影響を及ぼすことを示唆している。

今後はさらに仮想生態系モデルの高度化を図る予定である。現在のモデルには、食性の特殊化の進化は含まれていないが、今後は食性の特殊化の進化を導入し、肉食、草食、雑食などの性質が進化的に生じるモデルを構築する。その上で環境条件が激しく変動する時期と穏やかな時期とで、どのような食性を持つものが多様性を増加させられるのかを明らかにしたい。また、中生代の終わりに隕石が地球に衝突し、非常に激しく、突発的な環境変動が起こり、恐竜をはじめとする多くの生物が突然絶滅したことが知られているが、このような突発的な非常に激しい環境変動に対して、生態系にどのような変化が起こるのかを明らかにしたい。

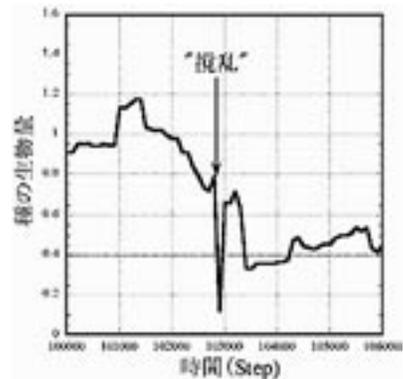


図45 攪乱を受けた種の生物量の時間変化

近年の交通、流通の大規模な発達により、これまで非常に長い間各大陸に隔離されていた生物が、無秩序に混ざり合っている。このような生態系の融合による相互作用の形成は地球の歴史の中で複数回起こったことが知られている。古生代末の超大陸パンゲアの形成（地球上の全ての大陸が一つに融合して一つの大きな大陸をつくった）や、パナマ地峡の接続、ベーリング陸橋の接続などがそれに当たる。これらの事変が起こったとき、どのような変化が生態系に起こったのかを明らかにすることは、このまま世界中の生物の混じり合いが続いたときに、世界がどのように変化していくのかを明らかにすることに資すると思われる。本研究で現在扱っているモデルでは空間構造は全く含まれていないが、より広範囲に及ぶ現象を明らかにするためには、空間構造を導入したモデルを開発することが必要である。具体的には、このような仮想的な生態系を複数同時に扱うことにより空間構造を導入する。そしてそれらの複数の生態系を融合させたときに、どのような変化が起こるのかを明らかにしたい。

## 2.6 まとめ

### （1）地理的スケールにおける生物多様性の動態と保全に関する研究

日本・アジアの地理的スケールで、重点的に生物多様性を保全すべき地域を設定する手法を開発するために、当初2年は野生生物保全の目的にふさわしい地理区分の設定手法を検討した。同時に環境省による自然環境保全基礎調査の結果が、この目的のためにどの程度利用できるかを検討した。ここでは繁殖鳥、チョウ、トンボの3分類群の調査データを利用した。約40kmのメッシュを単位に種多様性の高い地域を選んだところ、分類群ごとに全く異なる地域が選ばれることが分かり、単純に種多様性を尺度に保全地域を設定することが難しいことが示された。次に種構成に基づくクラスター分析を行って、地域ごとの類似性を計算したところ、すべての分類群にほぼ共通な6つの地理区に分類できることが分かった。地理区ごとに、保全地域を設定すべき場所が特徴的に存在することが示唆された。

種内の遺伝的変異を地域スケールで把握するために、マイクロサテライトDNAを用いた手法をイトヨに適用した。また集団内の遺伝変異の大きさを評価し集団の絶滅可能性との関連性を解析すべく、資料を蓄積しつつある。

### （2）流域ランドスケープにおける生物多様性の維持機構に関する研究

当初2年は好適生息場所の評価手法の開発を種レベルと群集レベルで行った。種レベルの生息場所評価の指標種としてカワトンボとオオヨシキリを対象にした。前者は低山地の河畔林に、後者は水辺近くのヨシ原に生息する。詳細な地理情報（標高、ランドカバー、河川など）の上に生物の生息/非生息情報を重ねあわせ、地理情報を用いて、生物の分布を予測できるモデルを開発した。その結果、カワトンボでは細流の両側200m以内の森林面積と標高が重要な説明要因で、オオヨシキリではヨシ原サイズとそこから大きな集団までの距離が重要であった。群集レベルは兵庫県のため池に生息するトンボの種数決定要因を解析した。その結果、ため池内の環境条件（非コンクリート堤の長さ、水草の存在、窒素蓄積量）だけでなく、ため池の外200m以内の森林面積にも依存することが分かった。複数の生態系の組合せがしばしば生物の分布を規定していることを示した。

北海道の日高十勝地方での現地調査（2001～2002）と、北海道全域で過去に行われた魚類調査を基に、ダムによる分断の影響を、地理情報システム（GIS）を活用して解析した。その結果、ダムの分断により回遊魚を中心として淡水魚類の種多様度が0.376ほど低下していることを明らかにした。最もダムの影響を強く受けていたのはサクラマスであった。一方、1990年以降、ダムによる分断とは関係なくトゲウオ科のイトヨとサケ科のイトウが著しく生息確率を低下させていることが判明した。

### （3）侵入生物における生物多様性影響機構に関する研究

重要な侵入種の生態的特性に関する情報が収集され、侵入種リストが完成した。侵入種データベースのための基本骨格が完成した。また、侵入生物種が種多様性に及ぼす影響機構を解明する目的で、昆虫、メジロ、輸入鳥類、アライグマ、カメ・ハブ、イワナ、帰化植物・緑化材料、ブラックバスに関する調査と情報集積を行った。とくに、輸入昆虫（セイヨウマルハナバチ、クワガタムシ）での実態解明が進んだ。セイヨウオオマルハナバチおよび外国産クワガタムシの輸入実態が明らかになった。在来種および外国産種のDNAデータベースが構築され、種間交雑による遺伝的浸透のモニタリングが可能となった。寄生性ダニが国外より持ち込まれていることが明らかとなった。

(4) 遺伝子組換え生物の生態系影響評価手法に関する研究

遺伝子組換え植物の挙動調査用マーカーの開発を行った。その成果として、形態マーカー、体色マーカーを組み込んだ植物を作製することができた。また、遺伝子組換えによる宿主遺伝子システムの攪乱とその評価手法の開発を行った。マイクロアレイ法の適用により、遺伝子導入は宿主の遺伝子発現量を変化させる傾向があることを確認したが、どの遺伝子の発現が変化するかは現時点では予測困難であった。組換え植物から野生種への遺伝子移行の可能性検討のための実験系を確立した。具体的には、組換えダイズとツルマメ雑種の作製に成功し、除草剤耐性遺伝子の高感度検出法を開発した。

微生物生態系への影響評価のための基礎的手法の開発を行った。VNC状態の再現、組換え微生物の挙動調査用マーカーの開発および特定の微生物を高感度で検出・定量する手法（定量用PCRプライマー、リアルタイムPCRプロダクト検出）を開発した。

(5) 生物群集の多様性を支配するメカニズムの解明に関する研究

シミュレーション実験による多種共存メカニズムの解明を行うが、当初2年は(1)森林の樹木の多種共存メカニズム解明のためのモデル開発(2)サクラソウ個体群保全のための遺伝構造の動態モデルの開発(3)種多様性の変動メカニズム解明に資する進化的時間スケールの仮想生態系モデルの開発を行った。(1)これまで、同じような資源(光, 水, 栄養塩)を利用する樹木がなぜ森林の中で共存できるのかは説明が困難で、地理的な隔離, 種ごとの微妙な環境要求の違い, 種分化と絶滅のバランスなどの説があるが、それぞれ弱点を抱えている。ここでは、森林動態の個体ベースモデルを用いて、繁殖の時間変動が種ごとに異なる場合に共存が生じやすいかどうかを検討し、その重要性が示唆された。(2)では、送粉昆虫による遺伝子流動を表現するモデルを開発した。また、(3)では「食う-食われる」系における種数変動機構を進化的時間スケールで把握するモデルを開発した。

引用文献

- 1) Pressey, R. L., *et al.* (1993): Beyond opportunism: Principles for systematic reserve selection, *Trends in Ecology & Evolution.*, **8**, 124-128.
- 2) Ferries, S., R. L. Pressey and T. W. Barrett (2000): A new predictor of the irreplaceability of area for achieving a conservation goal, its application to a real-world planning, and a research agenda for further refinement, *Biol. Conserv.* **93**, 303-325.
- 3) Taylor, E. B. (1998): Microsatellites isolated from the threespine stickleback *Gasterosteus aculeatus*, *Mol. Ecol.*, **7**, 930-931.
- 4) Rico, C., D. Zadworny, U. Kuhnlein and G. J. Fitzgerald (1993): Characterization of hypervariable microsatellite loci in the threespine stickleback *Gasterosteus aculeatus*, *Mol. Ecol.*, **2**, 271-272.
- 5) Raymond, M. and F. Rousset (1995): GENEPOP (version 1.2): population genetics software for exact tests and ecumenicism., *J. Heredity*, **86**, 248-249.
- 6) Felsenstein, J. (1993): PHYPLIP (Phylogeny Inference Package), version 3.5c. Department of Genetics, Univ. Washington, Seattle
- 7) Nei, M. (1972): Genetic distance between populations, *Am. Nat.*, **106**, 283-292.
- 8) Higuchi, M. and A. Goto (1996): Genetic evidence supporting the existence of two distinct species in the genus *Gasterosteus* around Japan., *Environ. Biol. Fish.*, **47**, 1-16.
- 9) Ishikawa, M. and S. Mori (2000): Mating success and male courtship behaviours in three populations of the threespine stickleback, *Behaviour*, **137**, 1065-1080.
- 10) DeWoody, J. A. and J. C. Avise (2000): Microsatellite variation in marine, freshwater and anadromous fishes compared with other animals., *J. Fish Biol.*, **56**, 461-473.
- 11) Yamada, M., M. Higuchi and A. Goto (2001): Extensive introgression of mitochondrial DNA found between two genetically divergent forms of threespine stickleback *Gasterosteus aculeatus*, around Japan., *Environ. Biol. Fish.*, **61**, 269-284.
- 12) Watanabe, K., S. Mori and M. Nishida : Genetic relationships and origin of two geographic groups of

- the freshwater threespine stickleback 'Hariyo'. , Zool. Sci., (in press).
- 13) 高崎保郎 (1994): トンボ, ため池の自然学入門 (ため池の自然談話会編), 合同出版, 62-73.
  - 14) Ter Braak, C.J.F.(Jongman, R.H.G., Ter Braak, C.J.F. and Van Tongeren, O.F.R.) (1995): Ordination, Data analysis in community and landscape ecology, Cambridge Univ. Press,U.K.,Cambridge,91-173.
  - 15) Ruijiter, de A. (1996): Commercial bumblebee rearing and its implications., Acta Hortic.,Belgium **437**, 261-269.
  - 16) Hubbel, S. P. (2001): The Unified Neutral Theory of Biodiversity and Biogeography, Princeton UP, 375p.
  - 17) Chesson, P. L. and Warner, R.R. (1981): Environmental variability promotes coexistence in lottery competitive systems., Amer. Nat., **117**, 923-943.
  - 18) Raup D. M., *et al.* (1973): Stochastic models of phylogeny and the evolution of diversity, J. Geol., **81**, 525-542.
  - 19) Yoshida K. (2002): Long survival of "living fossils" with low taxonomic diversities in an evolving food web, Paleobiol., **28**, 464-473.



[資 料]



## I 研究の組織と研究課題の構成

### 1 研究の組織

#### [A 研究担当者]

生物多様性研究プロジェクトグループ		
プロジェクトグループリーダー	椿 宜高	
生物個体群研究チーム		
総合研究官	高村健二	
	永田尚志	
NIESフェロー	辻 宣行	
侵入生物研究チーム		
総合研究官	五箇公一	
群集動態研究チーム		
総合研究官	竹中明夫	
	吉田勝彦	
多様性機能研究チーム		
総合研究官	高村典子	
	福島路生	
NIESポスドクフェロー	加藤秀男	(平成13～14年度)
分子生態影響評価チーム		
	中嶋信美	
	岩崎一弘	
	玉置雅紀	
	富岡典子 (併)	
	内山裕夫 (併)	

#### [B 客員研究員]

内山裕夫	(筑波大学)	(平成14年度)
角野康郎	(神戸大学)	(平成13～14年度)
田中哲夫	(兵庫県人と自然の博物館)	(平成13～14年度)
三橋弘宗	(兵庫県人と自然の博物館)	(平成14年度)
田淵俊雄	(前東京大学)	(平成14年度)
黒田久雄	(茨城大学)	(平成14年度)
金子正美	(酪農大学)	(平成13～14年度)

### 2 研究課題と担当者

- (1) 地理的スケールにおける生物多様性の動態と保全に関する研究  
椿 宜高・高村健二・辻 宣行
- (2) 流域ランドスケープにおける生物多様性の維持機構に関する研究  
高村典子・椿 宜高・永田尚志・福島路生・加藤秀男
- (3) 侵入生物による生物多様性影響機構に関する研究  
五箇公一・高村健二・永田尚志
- (4) 遺伝子組換え生物の生態系影響評価手法に関する研究  
中嶋信美・玉置雅紀・岩崎一弘・富岡典子・内山裕夫 (平成13年度)
- (5) 生物群集の多様性を支配するメカニズムの解明に関する研究  
竹中明夫・吉田勝彦

## II 研究成果発表一覧

### 1 誌上发表

発表者・題目・掲載誌・巻(号)・頁・刊年

- Hashimoto A., Iwasaki K., Nakajima M., Yagi O. : Quantitative detection of trichloroethylene-degrading *Mycobacterium* sp. TA27 with a real-time PCR product detection system, *Microbes and Environ.*, 16 (2) : 109-116,2001
- Kikuchi T., Iwasaki K., Nishihara H., Takamura Y., Yagi O. : Quantitative and specific detection of a trichloroethylene-degrading methanotroph, *Methylocystis* sp. strain M, by a most probable number-polymerase chain reaction method, *Biosci. Biotechnol. Biochem.*, 65(12) : 673-2681,2001
- Okino S., Iwasaki K., Yagi O., Tanaka H. : Removal of mercuric chloride by immobilized cells of genetically modified *Pseudomonas putida* PpY101/pSR134, *J. Environ. Biotechnol.*, 1 (1) : 41-47,2001
- Hashimoto A., Iwasaki K., Yagi O. : Quantitative measurement of trichloroethylene-degrading *Mycobacterium* sp. TA27 using real time PCR product detection system, 168-171, In T. Imanaka, *et al.*: Proc.5th Int.Symp.Environ. Biotechnol., ISEB2000 office (CD-ROM) : 1094p.,2001
- Iwasaki K., Hashimoto A., Yagi O., Keino F., Hirata T. : Electroporation of trichloroethylene-degrading bacterium *Mycobacterium* sp. TA27, 180-183, In T. Imanaka, *et al.*: Proc.5th Int.Symp.Environ.Biotechnol., ISEB2000 office(CD-ROM) : 1094p.,2001
- Kikuchi T., Iwasaki K., Yagi O., Ito A., Nakajima M. : Determination of mRNA of methane monooxygenase in *Methylocystis* sp. M, 214-217, In T. Imanaka, *et al.*: Proc.5th Int.Symp.Environ.Biotechnol., ISEB2000 office(CD-ROM) : 1094p.,2001
- Iwasaki K., Nishizawa M., Tanaka H., Yagi O. : Isolation of a ,mercury-volatilizing bacterium and characteristics of its mercury removal, 384-387;In T. Imanaka, *et al.*: Proc.5th Int.Symp.Environ.Biotechnol., ISEB2000 office(CD-ROM) : 1094p.,2001
- Okino S., Iwasaki K., Yagi O., Tanaka H. : Removal of mercuric chloride by immobilized cells of genetically engineered mercury-volatilizing bacteria, 408-411;In T. Imanaka, *et al.*: Proc.5th Int.Symp.Environ. Biotechnol., ISEB2000 office(CD-ROM) : 1094p.,2001
- 岩崎一弘・橋本顯子 : バイオオーグメンテーションに向けた環境浄化微生物の開発, 月刊エコインダストリー, 6 (9) : 5-15,2001
- 矢木修身・岩崎一弘・来栖 太 : 原位置バイオレメディエーション技術を用いた揮発性有機塩素化合物汚染土壌・地下水の浄化, *J. Environ. Biotechnol.* 1 (1), 15-24,2001
- Hashimoto A., Iwasaki K., Nakasugi N., Nakajima M., Yagi O. : Degradation Pathways of Trichloroethylene and 1,1,1-Trichloroethane by *Mycobacterium* sp. TA27, *Biosci Biotechnol. Biochem.*, 66(2) : 385-390,2002
- Okino S., Iwasaki K., Yagi O., Tanaka H. : Removal of Mercuric Chloride by a Genetically Engineered Mercury-Volatilizing Bacterium *Pseudomonas putida* PpY101/pSR134, *Bull. Environ. Contam. Toxicol.*, 68(5) : 712-719,2002
- Kikuchi T., Iwasaki K., Nishihara H., Takamura Y., Yagi O. : Quantitative and rapid detection of the trichloroethylene-degrading bacterium *Methylocystis* sp. M in groundwater by real-time PCR, *Appl. Microbiol. Biotechnol.*, 59 : 731-736,2002
- Saitoh S., Iwasaki K., Yagi O. : Development of a New Most-probable-number Method for Enumerating Methanotrophs, Using 48-well Microtiter Plates, *Microbes and Environ.*, 17(4), 191-196,2002
- Goka K., Okabe K., Yoneda M., Niwa S. : Bumblebee commercialization will cause worldwide migration of parasitic mites. *Molecular Ecol.*, 10 : 2095-2099,2001
- 五箇公一 : 寄生生物 ; 外来種ハンドブック (日本生態学会, 編) 地人書館, 東京, 215 : 217-219,2002
- 五箇公一 : 輸入昆虫が投げかけた問題-農業用マルハナバチとペット用クワガタをめぐって-, 昆虫と自然, 37(5) : 8-11,2002

- 五箇公一：クワガタムシ商品化がもたらす遺伝的攪乱の問題？日本産クワガタムシの遺伝的多様性の危機，昆虫と自然，37(11)：27-31, 2002
- 五箇公一，小島啓史：クワガタムシ商品化がまねく種間交雑と遺伝的浸食，昆虫と自然，38(3)：6-12, 2003
- 五箇公一：クワガタムシ商品化がもたらす遺伝的攪乱の問題；生態学から見た野生生物の保護と法律（財）日本自然保護協会，編）講談社サイエンティフィック，東京：（印刷中），2003
- Takamura N., Mikami H., Houki A., Nakagawa M. : How did replacement of the fish community dominant influence on water quality and plankton community structure in an oligotrophic lake in Japan? Verh. Internat. Verein. Limnol., 27 : 3319-3328, 2001
- Havens K.E., Fukushima T., Xie P., Iwakuma T., James R.T., Takamura N., Hanazato T., Yamamoto T. : Nutrient Dynamics and the Eutrophication of Shallow Lakes Kasumigaura (Japan), Donghu (P.R. China), and Okeechobee (USA). Environ. Pollut., 111 : 263-272, 2001
- Makino W., Kato H., Takamura N., Mizutani N., Katano N., Mikami H. : Did chironomid emergence release *Daphnia* from fish predation and lead to a *Daphnia*-driven clear-water phase in lake Towada, Japan? Hydrobiol., 442 : 309-317, 2001
- Ha K., Jang M.H., Joo G.J., Takamura N. : Growth and morphological changes in *Scenedesmus dimorphus* induced by substances released from grazers, *Daphnia magna* and *Moina macrocopa*. Korean J. Limnol., 34 : 285-291, 2001
- Takamura N., Kadono Y., Fukushima M., Nakagawa M., Kim B. : The role of submerged macrophytes and their critical condition of three lakes in Kushiro Moor. The 9th International Conference on the Conservation and Management of lakes. Conf. Proc., session 4 : 163-166, 2001
- 高村典子：湖沼の生物多様性とその保全，海洋と生物，140：197-202, 2002
- 高村典子：ため池の保全を考える，水環境学会誌，26(5)：269-274, 2003
- Takamura N., Kadono Y., Fukushima M., Nakagawa M., Kim B.H. : Effects of aquatic macrophytes on water quality and phytoplankton community in shallow lakes. Ecol. Res., 18 : 381-395, 2003
- Kim B.H., Choi M.K., Takamura N. : Phytoplankton preferences of young silver carp, *Hypophthalmichthys molitrix*, in hypereutrophic mesocosms during a warm season. J. Freshwater Ecol., 18(1) : 69-77, 2003
- Makino W., Mikami H., Katano N., Nakagawa M., Takamura N. : Biological productivity of Lake Towada, a north temperate, oligotrophic kokanee-fishery lake. Limnol., 4 : 79-90, 2003
- Tamaoki M., Mukai F., Asai N., Nakajima N., Kubo A., Aono M., Saji H. : Light-controlled expression of a gene encoding L-galactono- $\gamma$ -lactone dehydrogenase which affect ascorbate pool size in arabidopsis thaliana. Plant Sci. : (in Press), 2003
- Tamaoki M., Toda Y., Nakajima N., Kubo A., Aono M., Saji H. : A novel marker gene for assessment of behavior of transgenic plants in the field. Plant Biotechnol. : (in Press), 2003
- Tamaoki M., Matsuyama T., Kanna M., Nakajima N., Kubo A., Aono M., Saji H. : Differential ozone sensitivity among arabidopsis accessions and its relevance to ethylene synthesis Planta, 216 : 552-560, 2003
- Matsuyama T., Tamaoki M., Nakajima N., Aono M., Kubo A., Moriya S., Ichihara T., Suzuki O., Saji H. : cDNA microarray assessment for ozone-stressed arabidopsis thaliana. Environ. Pollut., 117 : 191-194, 2002
- Plaistow S., Tsubaki Y. : A selective trade-off for territoriality and non-territoriality in the polymorphic damselfly *Mnais costalis*. Proc. R. Soc. Lond. B., 267 : 969-975, 2000
- 椿 宜高：生物多様性の危機と遺伝学，遺伝，54：58-64, 2000
- Siva-Jothy M.T., Tsubaki Y., Hooper R., Plaistow S. : Investment in immune function under chronic and acute immune challenge in an insect. Physiol. Entomol., 26 : 1-5, 2001
- 椿 宜高：動物の活力を対称性で探る，日経サイエンス，31(2)：136-141, 2001
-

椿 宜高：行動生態学・進化生態学の小道具としてみた対称性のゆらぎ (FA) : FAはオネストシグナルか。第19回大会ラウンドテーブル報告,日本動物行動学会ニュースレター,**39** : 17-21,2001

椿 宜高：生物多様性はなぜ必要か：文明による大絶滅時代が始まっている (上、中、下) ,ふれきてる, 環境科学入門 (<http://elekitel.jp/elekitel/index.htm>),2001

Gitay H., Lovera M., Suarez A., Tsubaki Y., Watson R. : Climate change and biodiversity: observed and projected impacts. In: Interlinkages between Biological Diversity and Climate Change and Advice on the Integration of Biodiversity Considerations into the Implementation of the United Nations Framework Convention on Climate Change (UNFCCC) and its Kyoto Protocol. Ad Hoc Technical Expert Group on Biodiversity and Climate Change, Convention on Biological Diversity: (in press), 2003

Tsubaki Y.: A message from a dragonfly: a condition dependent signal and a status dependent response. In: The changing world. Island Press, California: (in press),2003

Nakajima N., Matsuyama T., Tamaoki M., Saji H., Aono M., Kubo A., Kondo N. : 2001 Effects of ozone exposure on the gene expression of ethylene biosynthetic enzymes in tomato leaves. *Plant Physiol. Biochem.*, **39**: 993-998

Nakajima N., Takahashi S., Tamaoki M., Kubo A., Aono M., Saji H. : Effects of UV-B radiation on seedlings of two *Solidago virgaurea* populations from the Mt. Hakusan area of Japan. *J. Jpn., Soc. Atmos. Environ.*, **36**: 301-307, 2001

Ioki M., Nakajima N., Tamaoki M., Takahashi S., Kondo N. : Genomic Structure of the Cucumber CPD Photolyase Gene *OMICS J Interg Biol.*, **7** : (in press),2003

Isoda H., Terence P., Talorete N., Kimura M., Maekawa T., Inamori Y., Nakajima N., Seki H. : Phytoestrogen genistein and daidzin enhance the acetylcholinesterase activity of the rat pheochromocytoma cell line PC12 by binding to the estrogen receptor, *Cytotechnology* : (in Press),2003

Kondo N., Tou S., Takahashi S., Nakajima N. : UV effect on plant growth, *J. Photoscience* , **9** : 158-161,2002

Takahashi T., Nakajima N., Saji H., Kondo N. : Diurnal Change of cucumber CPD photolyase gene (CsPHR) expression and its physiological roles in growth under UV-B irradiation, *Plant Cell Physiol.*, **43** : 342-349,2002

Nakajima N., Ohshima Y., Serizawa S., Kouda T., Edmonds J-S., Shiraishi F., Aono M., Kubo A., Tamaoki M., Saji H., Morita M. : Processing of bisphenol A by plant tissues: glucosylation by cultured tobacco BY-2 cells in suspension and translocation by tobacco plants *nicotiana tabacum*, *Plant Cell Physiol.*, **43** : 1036-1042,2002

Nakajima N., Itoh T., Takikawa S., Asai N., Tamaoki M., Aono M., Kubo A., Azumi Y., Kamada H., Saji H. : Improvement in ozone tolerance of tobacco plants with an antisense DNA for 1-aminocyclopropane-1-carboxylate synthase, *Plant Cell Environ.*, **25**:727-735,2002

Takaki Y., Eguchi K., Nagata H. : The growth bars on tail feathers in the male Styan's Grasshopper Warbler may indicate quality. *J. Avian Biol.*, **32** : 319-325,2001

Dyrz A., Nagata H. : Breeding ecology and effects of human activities on breeding success at the Eastern Great Reed Warbler *acrocephalus arundinaceus orientalis* at Lake Kasumigaura, Central Japan. *Bird Study*, **49**:166-171, 2002

Eguchi K., Yamagishi S., Asai S., Nagata H., Hino T. : Helping does not enhance reproductive success of cooperatively breeding rufous vanga in Madagascar. *J. Animal Ecol.*, **71**:123-130, 2002

永田尚志：いまなぜ保全生物学か, *Birder*,**16**(4):79-81,2002

永田尚志：6番目の大絶滅, *Birder*,**16**(5):77-79,2002

永田尚志：島の鳥が消える, *Birder*,**16**(6):77-79, 2002

永田尚志：大陸での絶滅, *Birder*,**16**(7):71-73, 2002

永田尚志：絶滅危惧種, *Birder*,**16**(8):79-81, 2002

永田尚志：鳥類の現状：レッドリストから読みとれること, *Birder*,**16**(9):83-85,2002

---

- 永田尚志：地域版レッドデータブックとレッドデータブックの作成, *Birder*,16(10):79-81, 2002
- 永田尚志：夏鳥の減少傾向とその原因, *Birder*,16(11):71-74, 2002
- 永田尚志：托卵鳥の増加と農耕地の鳥の減少, *Birder*,16(12):71-73, 2002
- 永田尚志：渡り鳥にとって必要な環境とは, *Birder*, 17(2):79-81, 2003
- 永田尚志：絶滅の淵から復活した鳥たち, *Birder*, 17(3):79-81, 2003
- 永田尚志：生物多様性の危機とレッドデータブック, 3-16 ; In 山岸 哲監修, 近畿地区レッドデータブック, 京都大学学術出版会, 京都, 226p., 2002
- 永田尚志：鳥類の生活史戦略,37-63 ; In 山岸哲・樋口広芳編著, これからの鳥類学, 裳華房, 東京, 470p., 2002
- 永田尚志・鳥飼久裕・斉藤武馬：奄美大島におけるキタヤナギムシクイ *phylloscopus trochilus* の日本初標識記録, 日本鳥学会誌, 51:87-91, 2002
- 永田尚志・上田恵介・古南幸弘：利根川下流域におけるオオセッカの生息状況, *Strix*, 21:15-28, 2003
- Nagata H., Sodhi N. : Low prevalence of blood parasites in five Sylviidae species in Japan, *Ornithological Sci.*,2,(in press), 2003
- Fukushima M. : Salmonid habitat-Geomorphology relationships in low-gradient streams, *Ecology* , 82(5):1238-1246,2001
- Fukushima M., Yoshikawa D., Suzuki T., Kaneko M., Liu D. : Salmonid habitat in relation to the spatial patterns of pool-riffle sequences, *Verh. Internat. Verein. Limnol.*, 28:1908-1911, 2002
- 岸 大弼・高山 肇・加藤秀男・福島路生：北海道日高地方の河川魚類相, 北海道大学演習林研究報告 60(1):1-18, 2003
- Yoshida K. : Long survival of ""living fossils"" with low taxonomic diversities in an evolving food web. *Paleobiology*, 28:464-473, 2002
-

## 2 口頭発表

発表者・題目・学会等名称・開催都市名・年月

沖野祥平, 岩崎一弘, 矢木修身, 田中秀夫 : 固定化水銀還元細菌を用いた塩化第二水銀の除去, 日本農芸化学会2001年度大会, 京都, 2001.3

菊池 健, 岩崎一弘, 矢木修身, 高村義親, 杉原麻生, 中嶋陸安 : TCE分解菌におけるメタンモノオキシゲナーゼ遺伝子の転写に及ぼす各種因子の影響, 日本農芸化学会2001年度大会, 京都, 2001.3

斉藤 智, 伊藤くみ, 岩崎一弘, 矢木修身 : 繰り返し2倍希釈法によるメタン資化性細菌の群集構造解析, 日本農芸化学会2001年度大会, 京都, 2001.3

Iwasaki K., Saeki S., Hashimoto A., Yagi O. : Development of complete trichloroethylene degradation system by a mixed culture of *Methylocystis* sp. M and *Pseudomonas* sp. SS1, *Pseudomonas* 2001: Brussels, 2001.9

沖野祥平, 岩崎一弘, 矢木修身, 田中秀夫 : 固定化水銀還元細菌による連続的な塩化第二水銀の除去, 日本生物工学会平成13年度大会, 甲府, 2001.9

大久保紀男, 岩崎一弘, 橋本顯子, 矢木修身 : *Mycobacterium* sp.TA5株によるメチル $t$ -ブチルエーテル (MTBE) の分解経路, 環境バイオテクノロジー学会第14回シンポジウム, 東京, 2001.10

Saeki S., Iwasaki K., Kurisu F., Yagi O. : Complete Degradation of Trichloroethylene by a Mixed Culture of *Methylocystis* sp. Strain M and a Trichloroacetate-Degrading Bacterium *Pseudomonas* sp. Strain SS1 : The International Water Association Conference on Water & Wastewater Management for Developing Countries, Kuala Lumpur, 2001.10

鈴木智順, 加藤啓史, 斎藤 智, 岩崎一弘, 矢木修身, 西村行正 : 畑土壌から分離されたメタン資化性菌の系統解析, 日本微生物生態学会第17回大会, 静岡, 2001.11

橋本顯子, 岩崎一弘, 中杉奈央, 矢木修身 : *Mycobacterium* sp.TA27株のTCE及びTCA分解の動力学的定数, 第36回日本水環境学会, 岡山, 2002.3

岩崎一弘, 矢木修身, 菊池 健, 高村義親, 久保田克之, 橋本 学 : 大型土壌, 地下水ライシメータによるトリクロロエチレン汚染のバイオオーグメンテーション試験, 第36回日本水環境学会, 岡山, 2002.3

矢木修身, 来栖 太, 岩崎一弘 : 地下水汚染の原位置バイオレメディエーションによる飽和帯土壌の浄化, 日本農芸化学会2002年度大会, 仙台, 2002.3

菊池 健, 岩崎一弘, 高村義親, 矢木修身 : TCE分解菌におけるメタンモノオキシゲナーゼ遺伝子の転移に及ぼすメタン量の影響, 日本農芸化学会2002年度大会, 仙台, 2002.3

Yagi O., Kurisu F., Iwasaki K. : Development of the Bioaugmentation Technology to Clean up TCE Contaminated Soil and Groundwater Using a Methane Utilizing Bacterium : 6th Int.Symp.Enviro. Biotechnol., Veracruz, 2002.6

新庄尚史, 矢木修身, 岩崎一弘 : 混合微生物系における特定微生物の定量評価手法, 第5回日本水環境学会シンポジウム, 府中市, 2002.9

五箇公一, 岡部貴美子, 米田昌浩, 丹羽里美 : 花粉媒介昆虫マルハナバチの商品化に伴う体内寄生性ダニ「マルハナバチポリプダニ」の生物学的侵入, 第9回日本ダニ学会大会, 三浦, 2000.10 (第9回講演要旨集, 日本ダニ学会誌, 10,58.)

五箇公一, 浅沼友子, 岡部貴美子, 米田昌浩, 丹羽里美 : マルハナバチの商品化に伴う国外移入種問題-種間交雑と寄生物の持ち込み-, 第48回日本生態学会大会, 熊本, 2001.3 (第48回講演要旨集, 153.)

浅沼友子, 五箇公一, 鷲谷いづみ, 丹羽里美 : マルハナバチの商品化に伴う国内移入種問題? 遺伝的変異攪乱のおそれ, 第48回日本生態学会大会, 熊本, 2001.3 (第48回講演要旨集, 153.)

上杉龍士, 五箇公一, 刑部正博 : 遺伝子流動がメタ個体群の遺伝的構造に与える影響-ナミハダニを実験材料として-, 第48回日本生態学会大会, 熊本, 2001.3 (第48回講演要旨集, 161.)

五箇公一, 浅沼友子, 米田昌浩, 丹羽里美: マルハナバチの商品化に関わる生態学的問題, 第45回日本応用動物昆虫学会大会, 松江, 2001.3 (第45回講演要旨集, 17.)

上杉龍士, 五箇公一, 刑部正博: 日本産ナミハダニにおける新規殺ダニ剤抵抗性の発達状況とその遺伝的背景, 第45回日本応用動物昆虫学会大会, 松江, 2001.3 (第45回講演要旨集, 30.)

Goka K. : Influences of Invasive European bumblebee on the Japanese native species., Experimental Approaches to Conservation Biology UCLA, los Angels, USA, 2001.9 (Abstract, 43).

五箇公一: マルハナバチ利用の生態系問題について, 第7回マルハナバチ利用技術研究会, 東京, 2001.11 (講演要旨集, 10-14.)

五箇公一: セイヨウオオマルハナバチの導入に伴う生態系への影響を巡る諸問題, 農業環境技術研究所昆虫研究グループ, シンポジウム「導入昆虫の生態系への影響とその評価法」, つくば, 2001.12; (講演要旨集, 38-47.)

五箇公一, 小島啓史: 輸入クワガタの脅威?クワガタムシ商品化に関わる生態学的問題?, 第49回日本生態学会大会, 仙台, 2002.3 (第49回講演要旨集,123.)

浅沼友子, 五箇公一, 鷲谷いづみ, 米田昌浩, 丹羽里美: 輸入マルハナバチの脅威?マルハナバチの商品化に伴う生態学的問題, 第49回日本生態学会大会,仙台, 2002.3 (第49回講演要旨集, 123.)

五箇公一, 小島啓史: 輸入クワガタの脅威?クワガタムシ商品化に関わる生態学的問題?, 第46回日本応用動物昆虫学会大会, 東京, 2002.3 (第46回講演要旨集,60.)

浅沼友子, 五箇公一, 鷲谷いづみ, 米田昌浩, 丹羽里美: 輸入マルハナバチの脅威?マルハナバチの商品化に伴う生態学的問題, 第46回日本応用動物昆虫学会大会, 東京, 2002.3 (第46回講演要旨集, 61.)

上杉龍士, 五箇公一, 刑部正博: 遺伝的変異維持における遺伝子流動の効果-ナミハダニ実験個体群による検証-, 第46回日本応用動物昆虫学会大会, 東京, 2002.3 (第46回講演要旨集, 54.)

五箇公一: 化学農薬のリスクと生物農薬のリスク,第49回日本生態学会大会自由集会「化学農薬と生物農薬, どちらが生物多様性に優しいのか?」, 仙台, 2002.3

五箇公一: 小笠原におけるセスジユスリカの遺伝的固有性,第13回ユスリカ研究集会, 潮来, 2002.5 (第13回プログラム, 13.)

五箇公一, 小島啓史: 輸入クワガタの生態学的問題? 遺伝的攪乱と寄生生物の持ち込み?, 日本昆虫学会第62回大会,富山, 2002.9 (第62回講演要旨集, 67.)

Goka K., Okabe K., Yoneda M., Niwa S. : Bumblebee commercialization has caused international migration of parasitic mits., XI Int.Congr.Acarology, Merida, Mexico, 2002.9 (Abstracts, 75.)

五箇公一: 農薬開発研究と侵入生物研究を通してみてきたリスク生態学?生産者サイドと評価者再度の両側にたつて?, 第183回昆虫学土曜セミナー, 岡山, 2002.11

五箇公一: 輸入昆虫の生態影響? ペット用外国産クワガタムシの輸入をめぐる, 大阪女子大学2002年度地域生態系共同研究プロジェクト研究集会「生物多様性の理解と保全」, 堺, 2002.12

高村健二: 河川流域の陸上環境と水生生物相との関連, 第49回日本生態学会, 仙台, 2002.3

高村健二, 森誠一: イトヨ地域個体群の類縁関係を推定する, 第50回日本生態学会, つくば, 2003.3

高村典子, 角野康郎, 福島路生, 中川 恵, 金 白虎: 沈水植物群落の喪失とその役割について第9回世界湖沼会議, 大津, 2001.11

高村典子: ため池から生物多様性の保全を考える, 第4回自然系調査研究機関連絡会議, つくば, 2001.12

高村典子: 魚が変える湖の環境—ワカサギの導入で透明度が低下した十和田湖とその保全策, 第43回水環境学会セミナー「外来種と水界生態系」, 東京, 2002.2

---

- 高村典子, 中川 恵, 角野康郎, 三橋弘宗, 田中哲夫, 青木典司, 村上俊明: 2002ため池の景観, 植生と水質, 生物群集の関係 (予報) 第49回日本生態学会, 仙台, 2002.3
- 加藤秀男, 高村典子, 角野康郎, 三橋弘宗, 田中哲夫, 村上俊明: 景観と植生の異なったため池における底生動物相の比較, 第49回日本生態学会大会, 仙台, 2002.3
- 高村典子: 霞ヶ浦のプランクトンの変動特性について, 霞ヶ浦工事事務所, 土浦, 2002.8
- 高村典子: ため池から生物多様性の保全を考える (1) 研究のねらい, 第67回日本陸水学会, 府中, 2002.9
- 中川 恵, 高村典子, 角野康郎, 三橋弘宗, 田中哲夫, 村上俊明: ため池から生物多様性の保全を考える: (2) プランクトン群集を決める要因第67回日本陸水学会, 府中, 2002.9
- 加藤秀男, 高村典子, 角野康郎, 三橋弘宗, 田中哲夫, 中川 恵, 村上俊明: ため池から生物多様性の保全を考える (3) 底生動物群集を決める要因第67回日本陸水学会, 府中, 2002.9
- 青木典司, 角野康郎, 三橋弘宗, 田中哲夫, 村上俊明, 中川恵, 高村典子: ため池から生物多様性の保全を考える (4) トンボ群集を決める要因, 第67回日本陸水学会, 府中, 2002.9
- 高村典子: 釧路湿原3湖沼の水質並びに生態系の劣化について, 環境省東北北海道事務所主催研究会, 釧路, 2003.1
- 高村典子: 浅い湖沼の生態系の保全, その意味と方法, 印旛沼水質保全協議会及び手賀沼水質浄化対策協議会共催平成14年度研究会, 我孫子, 2003.3
- 高村典子, 青木典司, 三橋弘宗, 角野康郎, 田中哲夫, 中川 恵: ため池のトンボ群集の座標付け, 第50回日本生態学会, つくば, 2003.3
- 加藤秀男, 高村典子, 角野康郎, 三橋弘宗, 田中哲夫: 2003景観と植生の異なったため池における底生動物相の比較, 第50回日本生態学会大会, つくば, 2003.3
- 竹中明夫: 「鬼の居ぬ間」メカニズムは森の木々の共存を促進するか?, 第50回日本生態学会大会, つくば, 2003.3
- 玉置雅紀, 松山 崇, 中嶋信美, 久保明弘, 青野光子, 佐治 光: オゾンにより誘導される葉の可視障害はエチレン生成により促進される, 日本植物生理学会2001年度年会, 福岡, 2001.3
- 松山 崇, 玉置雅紀, 中嶋信美, 青野光子, 久保明弘, 佐治 光: DNA マイクロアレイを用いた植物に対するオゾンストレス影響のモニタリング, 日本植物生理学会2001年度年会, 福岡, 2001.3
- 青野光子, 久保明弘, 玉置雅紀, 中嶋信美, 佐治 光: オゾン感受性シロイヌナズナ突然変異体の解析, 日本植物生理学会2001年度年会, 福岡, 2001.3
- Aono M., Kanna M., Kawashima T., Kubo A., Tamaoki M., Nakajima N., Saji H. : Analyses of ozone-sensitive Arabidopsis mutants. 6th French-Japanese workshop in plant molecular biology, Prades, France, 15-17, 2001.10
- Aono M., Kanna M., Kawashima T., Kubo A., Tamaoki M., Nakajima N., Saji H. : Isolation and analyses of ozone-sensitive Arabidopsis mutants. 5th conference on oxygen, free radicals and oxidative stress in plants, Nice, France, 19-21, 2001.11
- 浅井尚子, 松山 崇, 玉置雅紀, 中嶋信美, 久保明弘, 青野光子, 加藤友彦, 田畑 哲, 白野由美, 柴田大輔, 林 浩昭, Mullineaux P.M., 佐治 光: シロイヌナズナのサイトゾル型アスコルビン酸ペルオキシダーゼ APX1破壊株の解析, 日本植物生理学会2002年度年会, 岡山, 2002.3
- 玉置雅紀, 松山 崇, 中嶋信美, 青野光子, 久保明弘, 佐治 光: オゾンにより誘導されるWsの葉の可視障害はエチレン生成により促進される, 日本植物生理学会2002年度年会, 岡山, 2002.3
- 玉置雅紀, 青野光子, 中嶋信美, 久保明弘, 佐治 光: JCAAマクロアレイフィルターを利用したオゾン反応性遺伝子群の探索, 日本植物生理学会2002年度年会, 岡山, 2002.3
- 玉置雅紀, 中嶋信美, 青野光子, 久保明弘, 佐治 光: cDNA マイクロアレイによる植物への環境影響のモニタリング手法の開発, 大気環境学会第43回大会, 府中, 2002.9
-

神名麻智, 久保明弘, 玉置雅紀, 中嶋信美, 佐治 光, 青野光子 : シロイヌナズナ突然変異体を用いた植物の環境ストレス耐性機構の解明, 大気環境学会第43回大会, 府中, 2002.9

青野光子, 神名麻智, 川島朋子, 久保明弘, 玉置雅紀, 中嶋信美, 佐治 光 : オゾン感受性シロイヌナズナ突然変異体の単離と解析, 日本植物生理学会2003年度年会, 東大阪, 2003.3

玉置雅紀, 中嶋信美, 久保明弘, 青野光子, 松山 崇, 佐治 光 : シロイヌナズナcDNAマクロアレイを用いたオゾン反応性遺伝子群の発現を促すシグナル経路の相互作用の解析, 日本植物生理学会2003年度年会, 東大阪, 2003.3

神名麻智, 久保明弘, 玉置雅紀, 中嶋信美, 佐治 光, 青野光子 : 2003 シロイヌナズナ突然変異体を用いた植物の環境ストレス耐性機構の解明, 日本植物生理学会2003年度年会, 東大阪, 2003.3

椿 宜高 : 地球環境問題としての生物多様性, 日本学術会議DIVERSITASシンポジウム「生物多様性科学の現状と展望」, 2001.3

Tsubaki Y. : A condition dependent signal and a status dependent response. 27th Int.Ethological Conf., Tuebingen, 2001.8

Tsubaki Y. : Parasitism and alternative mating strategies. Int. Symp. Evolution Sex, Fukuoka, 2001.8

工藤慎一, 土田浩治, 椿 宜高 : 行動生態学, 進化生態学の小道具としてみた対称性のゆらぎ (FA) , 日本動物行動学会19回大会, 彦根, 2001.11

椿 宜高 : 野生生物の生息地の好適性評価と大スケール分布の地図化の試み : カワトンボを例に, 第49回日本生態学会大会, 仙台, 2002.3

辻 宣行, 椿 宜高 : Irreplacabilityを用いた評価 : “里山” の生物多様性, 第49回日本生態学会大会, 仙台, 2002.3

椿 宜高 : 行動学の基礎と応用 : 相互リンクが新しい展開をうむ, 日本動物行動学会20回大会, 東京, 2002.3

椿 宜高 : 生物多様性の面からの都市再生 : 野生動物の生息地を広域地図上に表現する試み, 自然共生型流域圏, 都市再生イニシアティブフォーラム, 東京, 2002.6

Tsubaki Y. : A message from a dragonfly: a condition dependent signal and a status dependent response. 8th Int.Congr.Ecol., Seoul, 2002.8

Tsubaki Y. : Habitat suitability assessment for a calopterygid damselfly in a watershed landscape. 3rd Worldwide Dragonfly Assoc.Int.Symp., Beechworth, Australia, 2003.1

椿 宜高 : 生息場所としての複合生態系の地図化 : 森林と河川にまたがって生活するカワトンボ, 第50回日本生態学会大会, つくば, 2003.3

中原美理, 椿 宜高 : アオモンイトトンボの野生系と近交系の繁殖力比較 : 交尾はいつまで有効か?, 第50回日本生態学会大会, つくば, 2003.3

高橋真哉, 中嶋信美, 近藤矩朗, 渡辺正勝 : キュウリ光回復酵素 (CsPHR)の光による発現誘導, 日本植物生理学会2001年度年会, 福岡, 2001.3

福田めぐみ, 桃山ゆう, 浅井尚子, 中嶋信美, 馳澤盛一郎, 近藤矩朗 : 孔辺細胞表層微小管の構築の光による制御, 日本植物生理学会2001年度年会, 福岡, 2001.3

浅井尚子, 中嶋信美, 玉置雅紀, 後藤 潔, 鎌田 博, 近藤矩朗 : 孔辺細胞のリンゴ酸代謝に関わる酵素の活性に対する浸透圧ストレスの影響, 日本植物生理学会2001年度年会, 福岡, 2001.3

伊藤常雄, 中嶋信美, 玉置雅紀, 青野光子, 久保明弘, 鎌田 博, 佐治光 : エチレン生合系酵素の anti-sense DNA を用いた大気汚染抵抗性植物の育成と特性解析, 日本植物生理学会2001年度年会, 福岡, 2001.3

五百城幹英, 高橋真哉, 中嶋信美, 近藤矩朗 : キュウリ光回復酵素遺伝子のクローニングとその解析, 日本植物学会第65回大会, 東京, 2001.9

---

- 大嶋幸子, 小宇田智子, 鈴木千枝子, 芹澤滋子, Edmonds J.S., 中嶋信美, 森田昌敏: タバコ培養細胞BY-2及びタバコ植物体Xanthi NCによるBisphenol Aの吸収, 第4回日本内分泌攪乱化学物質学会, つくば, 2001.12
- 小川大輔, 中嶋信美, 玉置雅紀, 青野光子, 久保明弘, 鎌田 博, 佐治 光: オゾン感受性タバコ BelW3 のオゾン障害に対する Tiron の効果, 日本植物生理学会2002年度年会, 岡山, 2002.3
- 石川優一, 刑部敬史, 中嶋信美, 佐治 光, 伊藤裕司, 市川裕章, 亀谷寿昭, 土岐精一: シロイヌナズナを用いた塩基除去修復と相同組み換えの解析, 日本遺伝学会第74回大会, 福岡, 2002.10
- 大嶋幸子, 中嶋信美, 芹澤滋子, 永野公代, Edmonds J.S., 森田昌敏: Bisphenol A を配糖化するタバコのGlucosyltransferase の性質, 第5回日本内分泌攪乱化学物質学会, 広島, 2002.12
- Nakajima N., Takahashi S., Tamaoki M., Kubo A., Aono M., Saji H.: Effects of UV-B radiation on seedlings of two *Solidago virgaurea* populations from the Mt. Hakusan area of Japan. 1st Asian Conf. Photobiology, Hyogo, 2002. 6
- 平良ひとみ, 中嶋信美, 矢部和夫, 田口 哲: 紫外線により誘発されたDNA損傷量とPSII電子伝達の量子収率と紫外線吸収物質の経時変化, 2003年度日本海洋学会春季大会, 東京, 2003.3
- 小川大輔, 中嶋信美, 玉置雅紀, 青野光子, 久保明弘, 鎌田 博, 佐治 光: オゾン曝露ストレスにおけるサリチル酸合成経路の特定とエチレンの関与, 日本植物生理学会2003年度年会, 東大阪, 2003.3
- 中嶋信美, 玉置雅紀, 久保明弘, 青野光子, 佐治 光: タバコ由来のビスフェノールAグルコース配糖化酵素の性質, 日本植物生理学会2003年度年会, 東大阪, 2003.3
- 永田尚志: 霞ヶ浦における生息地の分断化がオオヨシキリの個体群に与える影響, 山形, 2001.10
- 永田尚志: 霞ヶ浦周辺のオオヨシキリのメタ個体群シミュレーション, 日本鳥学会2001年度大会, 京都, 2001.10
- 永田尚志: 周辺環境およびヨシ原の分布がオオヨシキリのヨシ原選択に及ぼす影響, 第49回日本生態学会, 仙台, 2002.3
- 永田尚志: 日本産鳥類の血液寄生虫感染率と輸入鳥類の潜在的影響, 日本鳥学会2002年度大会, 東京, 2002.9
- Nagata H.: The effect of habitat fragmentation on metapopulation structure in Oriental Reed Warblers around Lake Kasumigaura, central Japan. 23rd Int. Ornithol. Congr., Beijing, 2002. 8
- 永田尚志: 利根川下流域における絶滅危惧鳥類オオセッカの現状, 第50回日本生態学会, つくば, 2003.3
- 福島路生, 鈴木 透, 岸 大弼, 金子正美: 多重空間スケールのもとの多様性解析—北海道の淡水魚類群集—, 第49回日本生態学会(同講演要旨集), 仙台, 2002.3
- 福島路生: 淡水魚類の生息環境分断と均質化の現状把握と評価法, 第5回自然系調査研究連絡会議, 札幌, 2002.12
- 福島路生: 淡水魚類の生息環境分断と均質化の現状把握と評価法, 第24回魚類系統研究会, 札幌, 2002.12
- Fukushima M., Kishi D., Takayama H.: Freshwater fish species richness declines due to impassable barriers in streams in Hokkaido, Japan. VIII Int. Congr. Ecology (INTECOL), Seoul, Korea, August 2002. 8
- 福島路生, 亀山 哲, 金子正美, 高田雅之: ダムによる生息環境分断と淡水魚類の多様性低下についての定量的評価, 第50回日本生態学会(同講演要旨集), つくば, 2003.3
- 亀山 哲, 福島路生, 島崎彦人, 高田雅之, 金子正美: 河川ネットワークデータを用いた河川構造物による流域分断化の解析—北海道における解析事例—, 第1回2003年日本ESRI, ERDASユーザー会, 東京, 2003.3
- 吉田勝彦: 多様性は偶然に変動するか?, 第49回日本生態学会大会, 仙台, 2002.3
- 吉田勝彦: 多様性変動は確率的か?, 日本古生物学会2002年年会, 福井県勝山市, 2002.6
- 吉田勝彦: 長期間の多様性変動は確率的な攪乱の影響を受けるか?, 個体群生態学会研究集会初夏の学校, 東京, 2002.6
-

REPORT OF SPECIAL RESEARCH FROM  
THE NATIONAL INSTITUTE FOR ENVIRONMENTAL STUDIES, JAPAN

国立環境研究所特別研究報告  
SR-57-2003

---

平成15年11月28日発行

編集 国立環境研究所 編集委員会

発行 独立行政法人 国立環境研究所

〒305-8506 茨城県つくば市小野川16番2

電話 029-850-2343 (ダイヤルイン)

---

印刷 有限会社 アレス

〒305-0032 茨城県つくば市竹園2-8-11

Published by the National Institute for Environmental Studies

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

November 2003

---

無断転載を禁じます