

＜研究課題代表者＞

東京工業大学 大学院情報理工学研究科 教授 瀬岡 和夫

＜研究参画者の所属機関＞

東京工業大学、海洋研究開発機構、水産総合研究センター

＜研究の概要（背景、目的、内容）＞

SEA-WP (Southeast Asia and West Pacific) 海域、すなわち東南アジアから西太平洋中部に至る海域は、沿岸生態系における生物多様性が世界中で最も高い地域として知られているが、様々な人為的環境負荷によって沿岸生態系の劣化が急速に進行している。さらに、海水温上昇による広域的なサンゴ白化の頻発化に代表される地球環境変動影響の懸念もますます高くなって来つつある。そのようなことから、生物多様性を維持した形での効果的な沿岸生態系管理策を構築していくことが急務となっている。本研究では、従来にない海洋物理・生物過程数値シミュレーション手法と分子生物学的手法との統合アプローチによって、同海域の沿岸生態系が高い生物多様性を保った形で維持されているメカニズムを知る上でキーとなる「広域的沿岸生態系ネットワーク」の実態を、その成り立ちや地球環境変動下での将来的な変遷予測を含めて明らかにするとともに、広域的な幼生供給源の観点から生態系ネットワーク中のコアとなる沿岸海域を同定し、併せてそこでの環境負荷評価を行う。これにより、熱帯・亜熱帯沿岸域の沿岸資源管理手法として最近有望視されている海洋保護区 (MPA) のネットワークを、合理的根拠に基づいて設定していくため科学的指針を提示することが期待される。

＜研究終了時の達成目標＞

- ・＜太平洋－SEA-WP 海域－インド洋＞広域海洋循環モデルを開発し、それをベースとして、超多島複雑海域としての SEA-WP 海域の高精度海水流動シミュレーションを可能にする。
- ・周辺陸域からの栄養塩等の陸源負荷の評価モデルを開発し、海域での低次生態系モデル開発に反映させ、上記モデルと結合することにより、海洋物理・生物過程統合モデルを構築する。
- ・同統合モデルによって幼生分散数値シミュレーションを実施することにより、同海域における幼生分散過程から見た広域的沿岸生態系ネットワークの実態を明らかにする。
- ・併せて、SEA-WP 海域における典型的なサンゴ礁生物種に関して集団遺伝学的解析（遺伝学的手法による異なる集団間の遺伝学的類似性の解析）を行うことにより、長い時間スケールから見た広域的沿岸生態系ネットワークの特性を明らかにする。
- ・以上の結果を統合解析することにより、SEA-WP 海域の広域沿岸生態系ネットワークを解明するとともに、環境負荷評価モデルにもとづく解析結果を組み合わせることによって、MPA 候補サイトを選定し、環境負荷管理策を提示するための、新たな学術的スキームを開発する。

＜平成20年度実績（31,698千円）＞

- ・SEA-WP 海域を対象とした幼生分散シミュレーションにより、インドネシア海域等での特徴的な分散特性を明らかにした。SEA-WP 海域内数カ所での現地調査により、モデル開発・検証のためのデータ収集や集団遺伝学的解析用のサンゴ礁生物のサンプリングを行った。また、フィリピン、インドネシア、パプアニューギニア等での本格的な現地調査実施のための共同研究体制を構築した。
- ・＜太平洋－SEA-WP 海域－インド洋＞広域海洋循環モデルを構築した後、SEA-WP 海域を対象とした高解像度ネスティング（入れ子）モデルを開発した。また、海洋物理モデルに低次生態系モデルを結合していく作業も併せて行った。
- ・アオサンゴとオヒトデについて高度多型性を示す複数のマイクロサテライトマーカーの開発に成功した。アオサンゴについては上記で採集された合計 380 個体について集団解析を実施し、黒潮流域に分布する集団間においても明瞭な遺伝的分化を示すことを明らかにした。ナマコについてはミトコンドリア遺伝子を用いた解析を実施し、熱帯・亜熱帯産のナマコ 8 種の系統関係を明らかにした。

＜平成21年度計画（35,931千円）＞

- ・海水流動モデルをさらに高度化するべく、超多島複雑海域としてのSEA-WP海域への適用性を向上させるための多重ネスティングモデルとしての高度化や、地形の複雑な変化を反映した風の効果等をより詳細に入力するための領域気象モデルとの結合を検討する。
- ・陸源負荷モデルを組み込むことによって海洋物理－生物－陸域過程統合モデルとしての SEA-WP 海域広域幼生分散シミュレーションシステムを開発し、その数値シミュレーション結果から、同海域における広域沿岸生態系ネットワークの基本構造を解明する。
- ・H20年度に引き続き、各種サンプルのDNA抽出を行い、核多型分子マーカー、ミトコンドリア分子マーカーを用いた集団遺伝学的解析及び分子系統地理学的解析を実施する。得られた結果から、集団内の遺伝的多様性、集団間の遺伝子流動の程度を明らかにする。

＜平成22年度計画＞

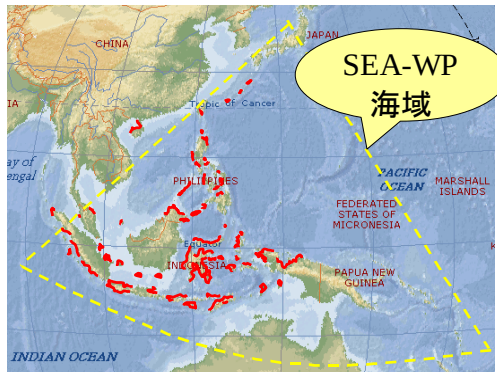
- ・古環境下や今後の地球環境変動下での幼生分散シミュレーションを実施することにより、過去から将来に向けての沿岸生態系ネットワークの長期的変遷過程を解明する。
- ・核・ミトコンドリア両遺伝子から得られた情報を総合的に解析し、種毎に幼生分散の範囲及びサンゴ礁間連結性を明らかにする。さらに、古気候下も含めた幼生分散シミュレーションに基づく広域沿岸生態系ネットワークの解析結果との整合性を検討し、海流特性が各種の集団構造に及ぼす影響とその要因について考察する。
- ・以上の結果に基づいて、SEA-WP 海域の広域沿岸生態系ネットワークを総合的に評価するとともに、環境負荷評価モデルにもとづく解析結果を組み合わせることによって、MPA 候補サイトを合理的に選定し環境負荷管理策を提示するための、新たな学術的スキームを開発する。

＜国外の協力・連携機関、研究計画名＞

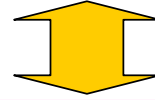
フィリピン大学海洋研究所、インドネシア科学院、パプアニューギニア大学、他

研究参画者一覧（平成21年度）

研究課題名	F-082 SEA-WP海域における広域沿岸生態系ネットワークと環境負荷評価に基づく保全戦略
<研究体制・組織> 研究代表者 灘岡 和夫 東京工業大学 大学院 情報理工学研究科 教授 （55才） ◎ (1) SEA-WP海域における幼生分散過程の解明と環境負荷影響評価 灘岡 和夫 東京工業大学 大学院 情報理工学研究科 教授 ○ (2) SEA-WP海域の海洋物理・低次生態系モデル開発と検証 宮澤 泰正 独立行政法人 海洋研究開発機構 地球環境変動領域 短期気候変動応用予測研究プログラム ダウンスケール沿海変動予測研究チーム 笹井 義一 独立行政法人 海洋研究開発機構 地球環境変動領域 物質循環研究プログラム 海洋生態系プロセス研究チーム 研究員 ○ (3) SEA-WP海域におけるサンゴ礁海産生物の集団遺伝学的解析 長井 敏 独立行政法人 水産総合研究センター 瀬戸内海区水産研究所 赤潮環境部 有毒プランクトン研究室 主任研究員	

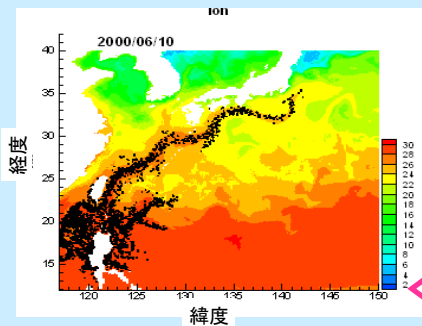


沿岸生態系の生物多様性が世界で最も高い海域



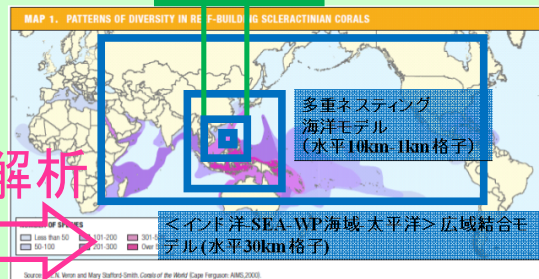
様々な人為的環境負荷によって生態系の劣化が急速に進行

サブテーマ1
SEA-WP海域における幼生分散過程
の解明と環境負荷影響評価



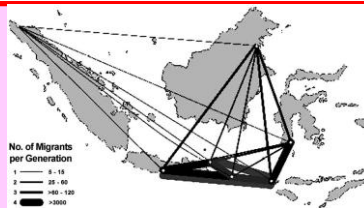
サブテーマ2
SEA-WP海域の海洋物理・低
次生態系モデル開発と検証

領域気象モデル



統合解析

サブテーマ3
SEA-WP海域におけるサンゴ礁海産生物の
集団遺伝学的解析



5種における遺伝子流動の解明

広域沿岸生態系ネットワーク解明と環境負荷評価に基づく
海洋保護区(MPA)の適地選定と維持方策提言