

課題名	D-0802 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
課題代表者名	灘岡和夫（東京工業大学・大学院情報理工学研究科・情報環境学専攻）
研究実施期間	平成20～22年度
累計予算額	107,793千円（うち22年度 35,931千円） 予算額は、間接経費を含む。
研究体制	<p>(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 東京工業大学</p> <p>(2) SEA-WP海域の海洋物理・低次生態系モデル開発と検証 独立行政法人 海洋研究開発機構・地球環境変動領域</p> <p>(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 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</p>
1. はじめに	<p>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、及びその周辺海域は、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及び地球温暖化による海水温上昇などにより急速な沿岸生態系の劣化が懸念されている。よって、生物多様性を維持した形での効果的な沿岸資源・生態系管理策を構築していくことが急務となっており、そのための学術的な知見の蓄積が重要な課題になっている。これらの地域における様々な沿岸資源管理方策の中で、海洋保護区 (Marine Protected Area ; MPA) の設定が最近有望視されているが、現状のMPAによる沿岸資源管理は、必ずしも十分な科学的調査に基づかない漁業者を主役としたローカルな水産資源管理によるものが中心であるため、ローカルな沿岸資源の維持管理に一定の効果が認められるとしても、より根元的・統合的なレベルでの沿岸生態系の保全・管理にはなかなか結びつきにくい、という大きな難点がある。このような、個別地域ごとの水産資源管理特化型MPAの設定・管理の限界を大きく乗り越える鍵は、上記海域の広域的な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不可欠となる「広域的沿岸生態系ネットワーク (reef connectivity ; サンゴ礁間連結性)」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理解するとともに、広域的な幼生供給源の観点からネットワーク中のコアとなる沿岸海域を同定し、それを重要海洋保護区 (MPA) として適切に維持するための環境負荷評価・管理方策を、科学的な裏付けに基づいて提示することである。しかし、このような観点からの本格的な調査研究はまだ行われていないのが現状である。</p> <p>MPAならびにそのネットワークに関連する国際的な取り組みの動向として、2002年にヨハネスブルグで開催された持続可能な開発に関する世界首脳会議 (WSSD) や、2004年に開催された生物多様性条約第7回締約国会議 (CBD COP-7) では、2012年までに、科学的な情報に基づいて効果的に管理されたMPAネットワークを構築することが決議されている。2007年に東京で開催された国際サンゴ礁イニシアチブ (ICRI) 総会でもMPAネットワークに関する提言が採択されている。わが国では、環境省が、これらの様々な国際的な取り組みに関する目標設定に対応して、東南アジア・オセアニア重要サンゴ礁ネットワーク戦略を策定し、2010年に名古屋で開催される生物多様性条約第10回締約国会議 (CBD, COP-10) で発表することを目指している。このような国内外におけるさまざまな動向に学術面から適切に対応するためにも、MPAネットワークの合理的な設定や維持管理に資する、上記のような観点からの本格的な科学的知見を提供することが急務となっている。</p>

2. 研究目的

研究では、図1に示すSEA-WP海域におけ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理解するとともに、広域的な幼生供給源の観点からネットワーク中のコアとなる沿岸海域を同定し、それを重要海洋保護区（MPA）として適切に維持するための環境負荷評価・管理方策を科学的な裏付けに基づいて提示することを目的とする。そのために以下の研究課題に具体的に取り組む（図2に本研究の構成図を示す）。

- 1) <太平洋－SEA-WP海域－インド洋>広域海洋循環モデルを開発するとともに、それをベースとしたSEA-WP海域高解像度ネスティング（入れ子）モデルと地域気象モデルをカプリングしたモデルの開発により、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。（サブテーマ2、1）
- 2) 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る。それと上記の海水流動モデルとをカプリングさせることにより、浮遊幼生の生物的挙動や生残率を評価する生物過程モデルを連結した海洋物理・生物過程統合モデルを構築する。（サブテーマ1、2）
- 3) SEA-WP海域における典型的な沿岸海産生物を数種選定し、上記の海洋物理・生物過程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 reef connectivityの実態を明らかにする。（サブテーマ1、2）
- 4) 上記の沿岸海産生物種のマイクロサテライトマーカーを開発し集団遺伝学的解析を行うことにより、それらの同海域でのメタ個体群構造を明らかにする。（サブテーマ3）
- 5) 分子系統解析から、各集団への分岐・分化年代の推定を行い、分化過程に及ぼす海流・気候などの地理的な要因の影響について考察するとともに、サブテーマ1、2で得られるシミュレーション解析結果と比較して、各種のメタ個体群が構成された要因について検討を行う。（サブテーマ3）
- 6) 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。（サブテーマ1、2、3）

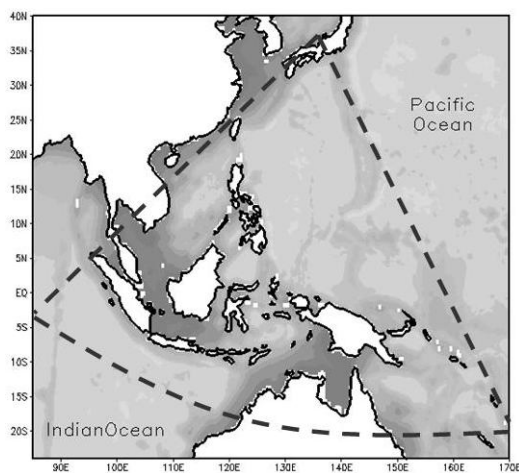


図1 本研究で対象とするSEA-WP海域
(図中の破線内の領域)

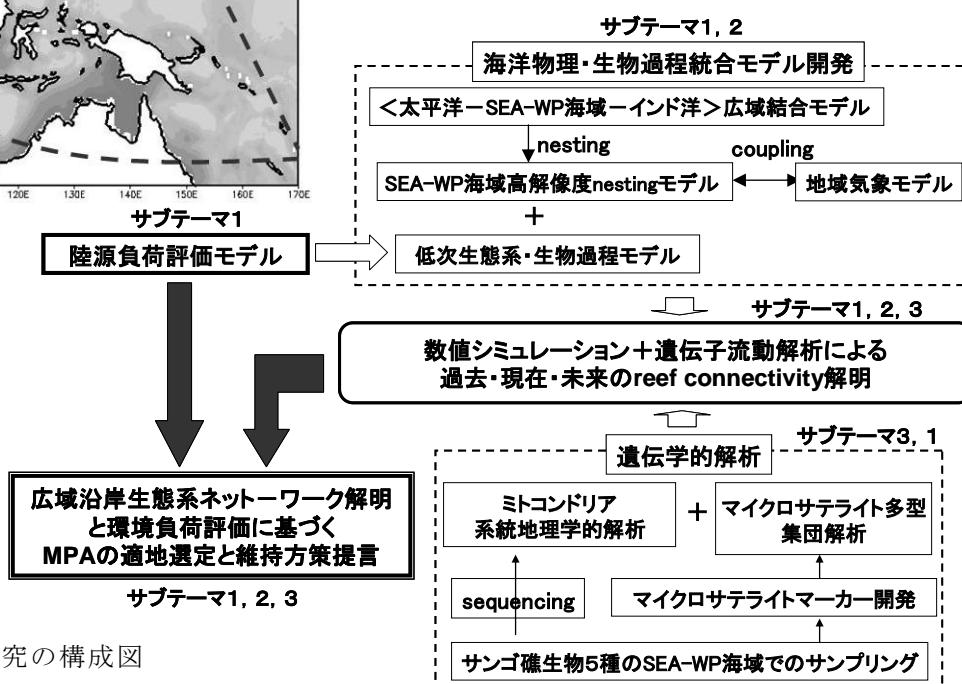


図2 本研究の構成図

3. 研究の方法

(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1）

a) 多段スケール海水流動モデル群と低次海洋生態系モデル群の開発と高度化：

幼生分散シミュレーションの基礎となるのは、海水流動モデルおよび低次海洋生態系モデルであるが、本研究では、SEA-WP海域におけるregionalもしくはsub-regionalスケール、島スケール、海峡・内湾スケール、サンゴ礁スケールといった多段階的なスケールの対象海域において高精度計算が可能なモデル群の開発を目指した。このうち、regionalもしくはsub-regionalスケール、島スケール、海峡スケールに関しては、＜太平洋－SEA-WP海域－インド洋＞広域海洋循環モデル開発や、それをベースとしたSEA-WP海域高解像度nestingモデル開発により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とともに、それらとリンクした低次海洋生態系モデルを開発するべく、当研究室の大学院生を派遣する形でサブテーマ2と共同で取り組んだ。一方、海峡・内湾スケールやサンゴ礁スケールといったローカルスケール海域を対象とした海流モデルおよび低次生態系モデル群の開発をサブテーマ1独自で取り組んだ。後者のうち海峡・内湾スケール海域の解析に対しては、汎用3次元流動モデルの一つであるDelft-3Dモデルを用い、国立天文台のNAOモデルによって算定した潮汐条件を、計算対象領域の外部領域と接続する開境界において付加する形で流動計算及び水質計算を行った。サンゴ礁スケールの解析に関しては、POM (Princeton Ocean Model)をベースとしてすでに開発済みのサンゴ礁3次元密度流モデルを基盤モデルとして、サンゴ礁内熱負荷計算モデル、同微細土砂（赤土）負荷計算モデル、炭酸系を含む物質循環・低次生態系シミュレーションモデルを開発し、それぞれ現地観測データに基づいて検証した。

b) 地域気象モデルおよび陸源負荷モデルの開発と「大気－陸域－海洋」カプリング解析：

環境負荷影響評価において主要な役割を占める陸源負荷モデルの開発に関して、水文モデルによる流出解析を行った。解析のベースとなるモデルとして、本研究では、Soil and Water Assessment Tool (SWAT)を採用した。陸源負荷評価の主要入力パラメータである気象データについては、SEA-WP諸国ではデータが乏しいことから、地域気象モデルを陸域負荷モデルにカプリングさせることを試みた。具体的には、風系場や降雨量、日射量など気象の計算に、メソスケール気候予測数値モデルであるThe Weather Research & Forecasting Model (WRF)をベースとしてモデリングを行った。

c) 幼生分散シミュレーションに基づくmatrix connectivity解析：

SEA-WP海域を対象とした上記の多重スケール高精度nestingモデル群に基づいて、幼生分散シミュレーションを行った。幼生分散追跡の計算方法としては、通常用いられるLagrange particle tracking法をベースとして用いたが、本研究では、さらに、低次生態系モデルに組み込まれている動物プランクトン濃度の計算モジュールを利用して、幼生濃度の移流分散過程をEuler的に計算する手法を新たに考案し、それに基づく解析も試みた。幼生分散解析対象海域は、インドネシア海域中央部、フィリピン・Lingayen Gulf海域、同・Verde Island海峡海域、そして沖縄・八重山諸島周辺海域とした。

d) モデル開発・検証に必要となる現地データの収集：

本プロジェクトで開発する海水流動・低次生態系モデルや幼生分散モデル、陸源負荷モデル等の現地検証データを蓄積するべく、インドネシア、フィリピン、沖縄・八重山沿岸海域で現地観測を実施した。インドネシアでは、海水流動モデル検証を主目的としたイリジウム漂流ブイの現地漂流観測を2010年2月にMakassar海峡南端からFlores海に至る海域において行った。八重山沿岸海域でも、同様のイリジウム漂流ブイを用いた予備的な調査を2009年3月に実施している。フィリピンにおいては、主として、Lingayen GulfとGuimaras海峡の2海域を対象とした総合的な調査を実施している。

e) 遺伝子解析用サンプリング調査：

集団遺伝学的解析に基づく東南アジア・西太平洋海域（SEA-WP海域）のreef connectivityの解明に向け、ターゲット種のサンプリングを各地で行った。サンプリングは、国内5地点（宮古島、石垣島、奄美大島、沖縄本島、久米島）、フィリピン8地点（Puerto Galera, Anilao, Maricaban, Caban, Lian, Lubang, Bolinao, Pacific side）、インドネシア8地点（Pulau Pari, Palu, Bontang, Spermonde, Dearawan, Manado, Komodo, Bali）、フレンチポリネシア2地点（Tahiti, Moorea）、台湾6地点（全て台湾南端海域）、パラオ、タイ（Phuket）で行った。サンプリングにあたっては、各国の共同研究者から様々な形での協力を得たが、特に、フィリピンとインドネシアに関しては、遺伝子解析用サンゴ礁無脊椎動物サンプリングを可能とするべく、フィリピン大学海洋研究所ならびにインドネシア国立科学院海洋研究センターをそれぞれカウンターパートとするMOAもしくはMOUを締結するとともに、様々な許可申請手続きを実施した。

(2) SEA-WP海域の海洋物理・低次生態系モデル開発と検証（サブテーマ2）

平成22年度は、平成20-21年度に開発したSEA-WP海域の現実的な海洋循環を表現する海洋物理モデルおよびこれに結合する海洋低次生態系モデルを観測データによって検証し、それに基づいてモデルをさらに改良した。具体的には、平成20-21年度に開発したインド洋・太平洋接合海域モデル（水

平13km間隔) 内部にインドネシア多島海をさらに詳細に解像する水平3km間隔格子モデルを組み込み、潮汐・河川等沿岸海洋で重要となる外力の導入効果を詳細に検証した。そして、八重山諸島海域を詳細に解像する海洋モデルに潮汐及び波浪の導入効果を検証した。また、インド洋・太平洋接合海域モデルに低次生態系モデルを結合し、観測データにより検証しつつモデルの改良を図り、主要なモデルパラメータを決定した。

(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 (サブテーマ3)

集団遺伝学解析用のサンプリングについてはサブテーマ1の中で実施し、フィリピン、インドネシア、フレンチポリネシア、タイ、宮古島、石垣島、パラオなどのそれぞれ複数地点から、代表的なサンゴ礁無脊椎動物である造礁サンゴ1種、ヒトデ類5種、ナマコ9種類を採集した。アオサンゴ約600個体、ヒトデ類約2,100個体、ナマコ類約700個体について、マイクロサテライトマーカー(以下MSマーカー)あるいはミトコンドリア遺伝子領域を用いた集団遺伝学的解析を実施した。アオサンゴ、アオヒトデ、シカクナマコについては、新たにMSマーカーの開発を行い解析に用いた。本研究では、これらの多型分子マーカーを用いた解析により、サンゴ礁生物の集団遺伝構造を明らかにし、各種集団の遺伝構造に影響を及ぼす要因を解明することで、MPAの設定を行う際に、科学的な根拠を提供することを目指した。

4. 結果と考察

<サブテーマ1> 幼生分散シミュレーションのベースとなるSEA-WP海域での多段スケール海水流動モデル群と低次海洋生態系モデル群の開発と高度化を行い(サブテーマ2との共同開発部分を含む)、イリジウム衛星ブイの漂流実験により、高精度海水流動シミュレーションによって見いだされたロンボク渦の存在を実証すること等に成功した。また開発したモデル群に基づく幼生分散シミュレーション解析を、SEA-WP海域内のインドネシア海域中央部、フィリピン・Verde Island海峡周辺やLingayen Gulf海域、Guimaras海峡周辺海域、そして沖縄・八重山諸島周辺海域を対象として実施した。特に、インドネシア海域中央部のWallace line周辺海域や八重山周辺海域に関して行った幼生分散シミュレーションに基づく多地点間の幼生到達密度算定結果によるmatrix connectivity解析によって、source側から見た「他沿岸海域への広範な幼生供給能力」、およびsink側から見た「広範な他沿岸海域からの幼生加入ポテンシャル」を指標としてMPA候補サイトを同定するというスキームの有効性を示すことに成功した。これは、本研究の主要な最終的アウトプットの一つの基本形を提示するものである。また、環境負荷評価の根幹をなす陸源負荷評価モデルの開発とそれによる解析を行うことに成功するとともに、その際に必要になる降雨量等の気象条件の設定に、地域気象モデルに基づく解析結果をリンクさせるスキームの開発も実現できた。これらは、今後、気象データが乏しいSEA-WP海域内の様々なエリアでの陸源負荷評価において強力な解析ツールになるものと期待される。

<サブテーマ2> 平成20-21年度に開発したIP3モデル(空間解像度1/36度;3km)による解析結果から、インドネシア多島海の海況変動を現実的に再現するためには、潮汐と、大気外力で駆動される海洋大循環の相互作用が重要であることを示すことができた。また、平成20-21年度に開発した八重山諸島海域を詳細に解像する海洋モデルに潮汐と波浪の外力を新たに組み込み、現場観測データにより適合するような高精度化が達成できた。一方、インド洋・太平洋接合海域モデルIP2と、低次生態系モデルを結合してシミュレーションを行い、衛星観測データ等と比較して検証した。沿岸海洋と外洋のクロロフィル濃度分布の違いに着目してモデルを改変し、主要なパラメータを調整することで、より観測に近いクロロフィル分布を得ることができた。

<サブテーマ3> アオサンゴに関しては、形態に対応する2種の隠ぺい種の存在が示唆された。主にサンゴ礁内に発達する葉状形態は、サンゴ礁外に発達する小枝状形態よりも遺伝子流動が限られており、リーフ毎に集団分化が見られた。葉状形態の集団のconnectivityは石垣島東岸と石西礁湖南西のように長くても数十kmの距離に限られたが、小枝状形態の集団では、台湾南部と西表島北部で類似した遺伝構造が見つかった。直接外洋に面している小枝状集団の方が、地理的に長距離幼生分散に適している他、すでに両種は環境選択による種分化をしており、幼生そのものの生物学的特性が異なる可能性も考えられた。一方、アオヒトデ・ゴマフヒトデに関しては、これまでは遺伝的に同一種であったが、MSマーカーを用いた解析により、別種であることが証明できた。また、オニヒトデ・マンジュウヒトデについても、隠ぺい種を発見するなど、集団遺伝学的解析により、新たな知見を得た。また、アオヒトデ、オニヒトデ、マンジュウヒトデ、ニセクロナマコ、ジャノメナマコなどは浮遊幼生期が長い広域分散型種であり、黒潮に沿った海域では、上流であるフィリピンから琉球列島北部まで大きな遺伝子流動が検出され、広範囲に及ぶ一つの遺伝集団の形成と海域間で強いconnectivityが見られた。一方、シカクナマコやアオサンゴなどの浮遊幼生期が極端に

短い種類については、基本的に他海域への幼生分散が見られず、遺伝子流動が大きく制限され、従って、海域ごとに著しい集団分化が検出された。本研究の遂行により、これらサンゴ礁生物は、生殖形態（有性生殖と無性生殖の有無とその頻度）、産卵生態（多産性）、浮遊幼生期の長さなどの生活史の違いにより、その集団の遺伝構造が大きく異なることが明らかとなった。例えば、フィリピンから琉球列島北部まで遺伝的に均一な集団である広域分散型種に関しては、フィリピン周辺海域などが幼生供給のソースとなっていることが、数値シミュレーションとの統合解析の結果から、うまく説明づけられた。一方、広域分散型種においても、ジャカルタ北とその他のインドネシア・太平洋の海域で遺伝的分化が見られたことから、サンゴ礁生物の集団間のconnectivityは、海流の到達範囲により、おおよそ決定されることを示唆する結果を得た。

5. 本研究により得られた成果

(1) 科学的意義

＜サブテーマ1＞ プロジェクト初年度にあたるH20年度において、＜太平洋－SEA-WP海域－インド洋＞広域海洋循環モデルをベースとした多重ネスティング高解像度海水流動モデル（サブテーマ2との共同）や、それに基づく幼生分散モデル、陸域から負荷された赤土等の環境負荷物質の沿岸輸送・拡散モデル、等のモデル開発に成功している。そして、その応用結果として、インドネシア中部海域でロンボク渦群やフィリピン・Verde Island海峡における特徴的な剥離渦群、さらには沖縄・八重山沿岸域での局所的に強い海流構造を発見することに成功し、これらの海水流動構造の特徴がそれぞれの海域での幼生分散過程を決定的に特徴づけていることを明らかにしている。H21年度は、幼生分散シミュレーションに基づく多地点間の幼生到達密度算定結果によるmatrix connectivity解析に基づいて、source側から見た「他沿岸海域への広範な幼生供給能力」、およびsink側から見た「広範な他沿岸海域からの幼生加入ポテンシャル」を指標としてMPA候補サイトを同定するというスキームの有効性を示すことに成功した。これは、本研究の主要な最終的アウトプットの一つの基本形を提示するものである。また、環境負荷評価の根幹をなす陸源負荷評価モデルの開発とそれによる解析を行うことに成功するとともに、その際に必要になる降雨量等の気象条件の設定に、地域気象モデルに基づく解析結果をリンクさせるスキームの開発も実現できた。これらは、今後、気象データが乏しいSEA-WP海域内の様々なエリアでの陸源負荷評価や、今後の地球環境変動下での陸源負荷の将来的な変動傾向の解析において、強力な解析ツールになるものと期待される。最終年度のH22年度では、解析対象海域を、SEA-WP海域におけるregionalもしくはsub-regionalスケール、島スケール、海峡・内湾スケール、サンゴ礁スケールといった多段階的なスケールの海域に広げて、それぞれに対応したモデル群の開発と高度化を行うとともに、陸源負荷モデルや地域気象モデルの開発をさらに進めた。そして、これらのモデル群によって幼生分散シミュレーションや環境負荷評価等の解析を実施した。特に、幼生分散シミュレーションにおいては、従来よく使われるLagrange particle tracking法だけでなく、低次生態系モデルに組み込まれている動物プランクトン濃度の計算モジュールを利用して幼生濃度の移流分散過程をEuler的に計算する、という形の手法を新たに考案し、それに基づく解析も試みている。これらの成果は、その重要性にもかかわらず従来研究が立ち遅れていたSEA-WP領域における物理・化学・生物過程に関して、その高精度解析を可能とする多段スケールモデル群、「海域－陸域－大気」カプリングモデル群、そして幼生分散シミュレーションモデル群といった、それぞれ従来にないモデル体系の開発を実現したもので、これらのモデル群は、生態系ネットワーク解析や環境負荷解析といった本研究課題のテーマに留まらず、今後様々な用途への応用可能性の道を拓くものである。

＜サブテーマ2＞ SEA-WP海域で特にインドネシア多島海を詳細に解像する水平1/36度(3km)間隔のIP3モデル、水平1/900度のYAEYAMA3モデルを開発し、潮汐・波浪・河川といった短周期ないしは小空間スケールの変動をモデルに直接的に組み込むことに成功し、観測値と比較した場合の精度向上を確認できた。多様な変動の表現が必要とされるSEA-WP海域のモデリングを高精度化していくうえで重要な進歩を実現した。こうした成果の一部を国際誌上で出版することができた。低次生態系モデルについては、河川からの栄養塩・土砂流入といった陸岸影響の導入、及び沿岸海洋と外洋の異なる特徴の表現、という当初の目標を達成した。

＜サブテーマ3＞ 生態学的に異なるヒトデ5種ナマコ9種を対象にSEA-WP海域間で遺伝的多様性及び・遺伝子流動に関与する要因について、ある程度明らかにすることができた。オニヒトデでは、MSマーカーの解像度は素晴らしく高く、黒潮流軸に分布する集団は、フィリピン、沖縄、鹿児島、串本までが遺伝的にほぼ均一な集団として捉えることができた一方で、SEA-WPを含む太平洋のサンゴ礁海域では明瞭な集団遺伝構造、すなわち集団分化が検出され、幼生分散を介したconnectivityの存在が海流構造とよく一致することを明らかにした。SEA-WP海域は、氷河期における海水面の上昇により生息域が何度も分断されていたため、生物種によっては遺伝的生態学的にも大きく分化し、別種へと進化した種も多数存在する。核のMSマーカーとミトコンドリア遺伝子マーカー

一を用いた集団解析が、種分化を正確に評価する上で非常に有効であり、複数の種で隠ぺい種の存在の発見など、その生物多様性と遺伝的多様性に関して新たな知見を得た。また、これらの情報をもとにMPAを設定する場合、浮遊幼生が広域分散型であるアオヒトデやジャノメナマコ、アカミシキリなど広域分散型で大きな遺伝子流動が観察される種類では、幼生のソース海域もしくは着底する海域にMPAを設定し、ソース・シンク海域を保全することが重要となり、アオサンゴのように、浮遊幼生期間が極端に短く、遺伝子流動が大きく制限され、海域間で遺伝構造が大きく異なるような種については、個々の海域にMPAを設定し、保全策を講じる必要があることがわかった。さらに、漁獲圧の高い海域における効率的・効果的な保全は実質上困難であり、ダイビングスポットなどの普段から生態系の保全や景観の管理努力が払われている海域にMPAを設定して、より集中した管理を行うことで、効果的な保全が可能になると推察された。

(2) 環境政策への貢献

MPAならびにそのネットワークに関連する国際的な取り組みの動向として、2002年にヨハネスブルグで開催された持続可能な開発に関する世界首脳会議（WSSD）や、2004年に開催された生物多様性条約第7回締約国会議（CBD COP-7）では、2012年までに、科学的な情報に基づいて効果的に管理されたMPAネットワークを構築することが決議されている。2007年に東京で開催された国際サンゴ礁イニシアチブ（ICRI）総会でもMPAネットワークに関する提言が採択されている。2010年に名古屋で開催された生物多様性条約第10回締約国会議（CBD COP-10）では、上記の2012年目標に代わる「愛知ターゲット」が合意され、MPAに関して、2020年までに、各国が沿岸域および海域の少なくとも10%を保全するという目標が決議されている。

わが国では、環境省が、これらの様々な国際的な取り組みに関する目標設定に対応して、東南アジア・オセアニア重要サンゴ礁ネットワーク戦略を策定し、2010年の名古屋でのCBD COP-10で発表した。その発表のための準備会合的な位置づけとして、MPAネットワークをテーマとした第4回および第5回、第6回東アジア地域ワークショップが、それぞれ2008年11月に東京、2009年12月にベトナム、2010年6月にタイで開催されたが、その際、日本側facilitatorの一人として灘岡が参加するとともに、本研究課題による成果を随時発表している。

上記の「愛知ターゲット」の合意を受けて、わが国においても、その実現に向けての施策を関係各省庁が具体化することが求められている。その際に重要なことは、MPAの量的な確保のみならず、質的な面において「機能するMPA」の確保がポイントとなる。環境省においては、MPA候補海域としての重要海域の特定作業等を進めていく計画であるが、その際に、本研究課題で示した、幼生分散に基づく沿岸生態系ネットワークにおけるコア海域としてMPA候補サイトを同定する手法は、そのような要請に直接貢献するものとして注目されている。

以上のように、本研究課題の成果は、この後のわが国を含む東アジアにおけるMPAネットワークの展開・発展に向けての戦略提言に関して、学術面から大きく貢献することが期待されている。

6. 研究者略歴

課題代表者：灘岡和夫

東京工業大学大学院理工学研究科修士課程修了、工学博士、現在、同大学大学院情報理工学研究科情報環境学専攻、教授

研究参画者

(1) : 灘岡和夫 (同上)

(2) : 宮澤泰正

1967年生まれ、京都大学大学院理工学研究科修士課程修了、博士(理学)、現在、(独)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、チームリーダー

: 笹井義一

1972年生まれ、北海道大学大学院地球環境科学研究科博士課程修了、博士(地球環境科学)、現在、(独)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・海洋生態系研究チーム、主任研究員

(3) : 長井 敏

1967年生まれ、水産大学校増殖学科卒業、農学博士、現在、農林水産省(独)水産総合研究センター瀬戸内海区水産研究所、主任研究員

7. 成果発表状況（本研究課題に係る論文発表状況。）

(1) 査読付き論文

- 1) Pokavanich, T., K. Nadaoka, A.C. Blanco (2009): Role of sporadic intrusion of outer sea water in water exchange and related water quality variations in the coastal lagoon of Puerto Galera, Philippines, Proc. 5th International Conference on Asian and Pacific Coasts (APAC2009), 2, 232-238.
- 2) Blanco, A.C., K. Nadaoka, A. Watanabe, T. Yamamoto, S. Motooka, E.C. Herrera, K. Kinjo and M.C.R. Paringit (2009): A Comprehensive Assessment of Terrestrial Loadings and their Influence on a Fringing Reef in Ishigaki Island, Okinawa, Japan, Proc. 5th International Conference on Asian and Pacific Coasts (APAC2009).
- 3) Blanco, A.C., K. Nadaoka, T. Yamamoto and K. Kinjo (2010): Dynamic evolution of nutrient discharge under stormflow and baseflow conditions in a coastal agricultural watershed in Ishigaki Island, Okinawa, Japan, Hydrological Processes, 24 (18), 2601- 2616.
- 4) Lu, L.-F., Y. Miyazawa, W. Cui, and K. Nadaoka (2010): Numerical study of surface water circulation around Sekisei Lagoon, southwest of Japan, Ocean Dynamics, doi:10.1007/s10236-010-0270-x. 60, 359-375.
- 5) Taquet C., S. Nagai, N. Yasuda and K. Nadaoka (2010): First report of the development of microsatellite markers for a tropical sea cucumber (*Stichopus chloronotus*), Conservation Genetics Resources, 3, 2, 201-203.
- 6) Sasai, Y., A.R. Kartadikaria, Y. Miyazawa and K.Nadaoka (2011): Marine ecosystem simulation in the Indonesian Seas, Interdisciplinary Studies on Environmental Chemistry - Marine Environmental Modeling & Analysis, Eds., K. Omori, X. Guo, N. Yoshie, N. Fujii, I. C. Handoh, A. Isobe, and S. Tanabe, 11-17, TERRAPUB.
- 7) Blanco A., A. Watanabe, K. Nadaoka, S. Motooka, E.C. Herrera, and T. Yamamoto (2011): Estimation of nearshore groundwater discharge and its potential effects on a fringing coral reef. Marine Pollution Bulletin, 62, 770-785 (doi:10.1016/j.marpolbul.2011.01.005)
- 8) Takino T, A. Watanabe, S. Motooka, K. Nadaoka, N. Yasuda and M. Taira (2011): Discovery of a large population of *Heliopora coerulea* at Akaishi Reef, Ishigaki Island, southwest Japan, GALAXEA, Journal of Coral Reef Studies, 12 (2), 85-86.
- 9) Yasuda N., C. Taquet, S. Nagai, Suharsono, K. Nadaoka (2011): Reef-connectivity of *Acanthaster* sp. in Coral Triangle region, DNA Polymorphism, 19, 134-138.
- 10) Yasuda N, M. Abe, T. Takino, M. Kimura, C.L. Lian, S. Nagai, Y. Nakano, K. Nadaoka: Did the large population of the reef-building coral *Heliopora coerulea* in Oocura Bay, Japan originate from a single larva, Marine Genomics (in press).
- 11) Ohta K., Yasuda N., Nagai S., Oki K., Taquet C., Nadaoka K: Observation of *Culcita novaeguineae* spawning events, Galaxea (in press).
- 12) Kartadikaria, A.R., Y. Miyazawa, S. Varlamov and K. Nadaoka (2011): Ocean Circulation for the Indonesian Seas Driven by Tides and Atmospheric Forcings: Comparison to Observational Data, J. Geophys. Res., doi:10.1029/2011JC007196 (in press).
- 13) Kartadikaria A.R., K. Nadaoka, Y. Miyazawa (2011): A numerical study on larval dispersal around the Southeast Asia and West Pacific (SEA-WP) regions using an Indo-Pacific ocean circulation model, Proc. of International Session in Conference on Coastal Engineering, JSCE, 2 (in press).