

【S-9-2】アジアの森林における遺伝子・種多様性アセスメント（H23～H27）

館田 英典（九州大学）

1．研究実施体制

- (1) 遺伝子・種多様性の指標開発とアジアの植物への適用（九州大学）
- (2) アジアの森林プロットデータを統合した植物分布解析と絶滅リスク評価（人間環境大学）
- (3) インドシナ・マレーシアの森林プロットにおける植物多様性変動の評価（京都大学）
- (4) インドネシアの森林プロットにおける植物多様性変動の評価（鹿児島大学）
- (5) アジアの標本データと分子系統解析を統合した植物分布解析と絶滅リスク評価（首都大学東京）
- (6) アジア産マメ科植物の種・系統多様性評価（琉球大学）
- (7) アジア産シダ植物の種・系統多様性評価（独立行政法人国立科学博物館）
- (8) 日本およびアジア地域の送粉ハナバチ類の種多様性とその減少評価（九州大学）
- (9) 遺伝子データと個体の空間分布データを統合した多様性変動の解析（東北大学）
- (10) アジア産絶滅危惧植物の全個体ジェノタイピング（京都大学）
- (11) 気候変動に対する植物の適応力評価（日本大学）

2．研究開発目的

- 1) レッドデ - タブックとホットスポット地図：我が国は、生物多様性条約議長国として、特にアジア地域における生物多様性保全に具体的な貢献を行うことが期待されている。しかし、保全対策を具体化する上で、アジア各国の中でどこが保全上特に重要な地域であるのかについて判断する科学的根拠が弱いことが大きな障害となっていた。この判断を行うには、レッドデータブック（絶滅危惧種のリストと分布情報）、およびホットスポット（種多様性が高く、かつ絶滅リスクが高い地域）の地図を整備することが必要である。本研究の第一の目的・達成目標は、アジア地域におけるレッドデータブック、およびホットスポット地図を編集・作成することである。しかしながら、アジアには、種子植物だけでも約5万種があり、これら全種について5年間で評価を行うことは困難である。そこで、植物ではマメ科・熱帯林樹木の代表群・シダ植物に、動物ではハナバチを対象を絞り、レッドデータブック、およびホットスポット地図を編集・作成する。
- 2) 森林プロット樹木図鑑：熱帯林の調査研究、および森林管理においてとりわけ困難な問題が、種の同定である。アジア熱帯林には多くの森林プロットが作られているが、樹木の同定については多くの場合、属レベルしか信頼できないし、属レベルの同定すら困難な例も少なくない。この問題を解決するために、アジアの代表的地域に設置されている森林プロットの樹種のDNA配列を決定し、相同性検索結果と分類学的文献・標本資料を比較参照することにより同定作業を進め、アジア森林プロット樹木図鑑を作成する。森林プロットの中にはすでに農地転換されている場合、皆伐や間伐により樹種構成が大きく変化している場合がある。これらの情報をレッドデータブック編集に活用する。
- 3) 遺伝子多様性アセスメント：GEO BON ワーキンググループ1（遺伝子・系統多様性）と連携し、(1)ユビキタスジェノタイピング（絶滅危惧種の全個体遺伝子型決定）、(2)ゲノム情報を利用した気候変動への適応力評価、(3)遺伝子データと個体分布データの統合、という3つのアプローチによる遺伝子多様性アセスメントを実施する。遺伝子多様性アセスメントに関する国際的に標準となる手法を確立し、その手法による最初の報告を公表する。

3．本研究により得られた主な成果

- (1) 科学的意義

- 1) 熱帯雨林と言っても地域そのおかれた環境によりその変動は様々であり、同じようには扱えないことを示した点で科学的意義がある。
- 2) アジアにおいて、生態的特性の大きく異なるシダ植物、マメ科植物、ハナバチ類の多様性ホットスポット地域が初めて詳しく比較された。その結果、これまでアジアにおいて保全上特に最重視すべき地域とは考えられてこなかったインド南部とフィリピン・ルソン島が重要な地域であることが示された。
- 3) アジア地域というような広い地域を対象とした場合、種多様性のホットスポットマップを作成することは、これまで困難であり、また、統一的な手法も無かった。本研究により、研究者が蓄積してきたハーバリウム標本のデータを利用するホットスポット解析の手順が標準化されたことにより、十分に広い範囲を持ち、かつ、様々なハビタットにある植物種群を選定すれば、客観的な手法でホットスポットマップを作成できるようになった。今後、世界各国のハーバリウムから、十分な精度をもったハーバリウム標本データが、オンラインデータベースに登録されれば、分類群を選定するだけで、目的とする範囲におけるホットスポットを推定できるよう、一連の解析を自動化することも可能になる。また、季候変動の将来予測を分布モデル推定に取り入れることにより、それぞれの種の分布域が、どのように変化するかを予測することも可能になる。また、*Dalbergia* 属で行った系統多様性と種多様性のホットスポットの解析では、両者は非常に強い相関を示したことは、注目すべきであろう。もし、この傾向が一般的なものであれば、多く手間と労力のかかる系統多様性解析を行わなくとも、標本情報のみを用いた解析のみで、十分に系統情報を反映したホットスポットマップが得られることになる。生物多様性保全のための研究にけるエフォートの適正配分を考えるためには、この傾向がマメ科一般、あるいは、植物一般について言えるものかについて、今後十分に検討する必要がある。
- 4) オランダ生物多様性センター（ライデン）およびロンドン自然史博物館所蔵のアジア産クマバチ類の標本データベースを構築し公開し、アジア熱帯植物の送粉に大きな役割をはたすクマバチ類の分布、希少性等が明らかになり、ホットスポットの推定および今後の保全の有用な資料となった。日本産ハナバチ類図鑑の出版およびアジア産ハナバチ類画像データベースの構築公開により、アジアのハナバチ類の情報基盤を整え、今後の多様性研究、生態研究および森林保全に貢献することが期待される。
- 5) 遺伝子多様性観測のための新たな分析手法を開発した。これまで、ある特定の生物種の遺伝子多様性を評価するためには、まず当該対象種に対応する遺伝マーカーを開発する作業から始める必要があり、その作業には時間と労力がかかるだけでなく、しばしば遺伝子多様性の評価が思うように進まない理由の一つとなっていた。本手法ではこれらの問題を解決し、簡便かつ低コストで、広い範囲の生物種・サンプルに対して迅速な遺伝的多様性評価が可能のため、今後の国際的な標準手法として幅広い利用が期待できる。
- 6) 従来、絶滅危惧種の保全上の状況は、個体数が少なく減少率が高いことや、生育範囲が狭く縮小していることなど、デモグラフィックの特徴によって評価されてきたが、個体数が著しく少なくなった絶滅危惧種においては、遺伝的特徴は種ごとに著しく異なり、個体レベルの遺伝解析を行うことで、保全上の状況を正しく評価でき、生物多様性保全の効率を著しく向上させることが可能であることが明らかになった。
- 7) シロイヌナズナ属野生種ハクサンハタザオを対象に、様々な時空間スケールでの複数個体の全ゲノム解析を通じて、適応遺伝子に基づく遺伝的な評価手法と気候変動に対する将来予測手法を確立した。

(2) 環境政策への貢献

< 行政が既に活用した成果 >

- 1) 環境省が平成 26 年度に実施した国内希少野生動植物種の候補種リストの検討に関する調査、

意見交換会において、本研究の知見の一部が利用された。

- 2) 本事業の成果を反映させて、環境省レッドデータブックおよび福岡県レッドデータブックの八チ目の執筆を行い、日本および福岡県の絶滅のおそれのある八チ類について解説した。
- 3) 絶滅危惧植物種では野生生育個体の盗掘が絶滅リスクを高めている。絶滅危惧種の全野生個体の遺伝子型を解読するという本プロジェクトのアプローチは、「絶滅の恐れのある野生動植物の種の保存に関する法律」が指定する国内希少野生動植物種の保全に活用された。具体的には群馬県に数十クローンのみが生育するカッコソウの違法売買に関してその同定を遺伝情報を基に行うことで捜査協力し、2015年12月に10名の書類送検に至った。

<行政が活用することが見込まれる成果>

- 1) インドネシアの保護区には日本の環境省も JICA プロジェクトなどで深くかかわってきたが、保護に力を注いできたハリムンなどでは森林が残っており、放置状態であったところは森林が消滅したことを示せたことは、環境政策へも貢献となる。
- 2) 国際的にアジア地域における生物多様性保全政策を策定する、あるいはそのための経済援助等を日本政府が行う際に、優先すべき地域を判断する上で非常に重要な情報を提供できる。
- 3) 提案した汎用ワークフローによる種多様性のホットスポットマップの推定方法は、今後、様々な植物群において、ホットスポット推定や、分布域の将来予測において活用が見込まれる。
- 4) アジアの生物多様性保全のための国際貢献（知識面・財政面での援助）にあたって、優先的に資源を投入すべき地域を判断する材料となる。また、地球規模での絶滅危惧種が把握されたことにより、日本産種の保全施策（レッドリスト作成、特定希少野生動植物種の指定等）において優先すべき対象種が把握しやすくなることが期待される。
- 5) 「絶滅の恐れのある野生動植物の種の保存に関する法律」は2013年6月に改正され、2020年までに300種を国内希少野生動植物種として追加指定することが目的とされている。2015年より、本プロジェクトで開発・改良した手法により野生全個体の遺伝子型を解読することを始めた。2015年は5種の国内希少野生動物種について解析を行ったが、今後も継続する。本プロジェクトのアプローチを国内希少野生動植物種に適用することで、これらの国内希少野生動物種の適切かつ効果的な保全策の構築が期待できる。
- 6) 適応遺伝子の解析に基づく、(1) 保全対象種や保全地域の選定、(2) 絶滅危惧種などでの他地域からの移植時における適合度の判定、(3) 遺伝的多様性の重要性の理解促進などに活用されることが見込まれる。

4. 委員の指摘及び提言概要

広域なアジア森林を対象とし、種多様性ホットスポット地図、森林プロット樹木図鑑などの成果物を完成させたことは高い評価に値する。しかし、研究のサブテーマが個別的なものを複数含み、それらを「アジアの森林における遺伝子・種の多様性アセスメント」の概念で括りつけるにはやや難がある。熱帯地域のヒト、文化、自然の多様性は容易に推測できたことであろう。サブテーマを細かく分けすぎており、総合的なディスカッションがやや手薄になっている感がある。

5. 評点

総合評点：A