

【4RF-1501】 遺伝子流動解析に基づくサンゴ礁生物北上予測を踏まえた海洋保護区の検討（H27-29 33,808 千円）

研究代表者 安田 仁奈（宮崎大学）

1. 研究実施体制

- （1）中立遺伝子を用いた北上生物の遺伝子流動解析（国立大学法人宮崎大学）
- （2）北上生物における非中立遺伝子領域での適応可能性評価（独立行政法人国立高等専門学校機構 沖縄工業高等専門学校）
- （3）統計モデリングによる北上生物の空間分布推定（国立研究開発法人海洋研究開発機構）

2. 研究開発目的

本研究では、北上傾向が見られた絶滅危惧種とされている種および生態学的に重要であると考えられる優占種やサンゴ食害種など複数種について、1) 遺伝的多様性を評価するため、適宜新規遺伝子マーカーを作成し、亜熱帯の南西諸島から本州・九州の温帯高緯度海域における生物集団の種の境界を確認しながら、各種内における各集団の遺伝的多様性を調べる。2) 同時に集団ゲノム解析を行い、高緯度特有の適応遺伝子の有無や頻度を調べ高緯度集団の適応性・脆弱性・安定性を明らかにする。3) 黒潮流域の集団に対し中立遺伝子を用いた遺伝子流動解析を行い、北上に関わる幼生分散の実態と北上する際の幼生が供給される海域を明らかにする。同時に、海水流動解析も含めて物理的なソースシンクの関係や中心性の高い重要海域を絞り込む。4) さらに、空間的な環境情報に基づく種の分布適地推定を現在、将来にわたり実施する。これらの結果を全て統合し、分布に重要な環境要因の特定と、変遷しうる新たな沿岸生態系を考慮した海域の相対的重要性についてEBSA(Ecologically or Biologically Significant marine Area=生態学的、生物学的に重要な海域)の基準に照らし合わせながら提示する。さらに現状の保護区とサンゴ海域のカバー率の gap 解析を行い、保護区が不足している海域を提示する。それにより、生物多様性条約第 10 回締結国会議で愛知目標として掲げられた、既知の絶滅危惧種の絶滅を防止すること、また、新たに海洋保護区を設定する際に重要となる科学的知見を与えることを目標とする。

3. 本研究により得られた主な成果

（1）科学的意義

- 1) 海流モデルと遺伝データにより、亜熱帯と温帯の間・および亜熱帯集団間の幼生分散は従来想定されていたよりも小さく、亜熱帯から温帯への 1 世代の幼生分散による北上は限られており、数世代に渡って飛び石的におきるであろうことが新たに分かった。海流構造と遺伝データの両方から統合的に黒潮に沿った幼生分散の可能性

を調べた研究としては初めてのことであり、今後、造礁サンゴに限らず、日本沿岸の海洋生物の移動・分散を考える上で重要な知見が得られた。

- 2) 新規遺伝子マーカー開発に成功しただけではなく、4 属のサンゴの集団遺伝解析により、複数サンゴ（絶滅危惧種を含む）の隠蔽種の存在とその分布を明らかにすることに成功した。従来気がついていなかった隠蔽種を発見ないし、再確認できたことで生物多様性を正しく評価するための基礎知見が得られたとともに、サンゴ礁生物の種分化や各隠蔽種内での分布拡大が温暖化とともにどのように生じてきたのかという生態学的・進化学的な発見をするための新たな知見が得られた。
- 3) これまで、北上して新規にできたサンゴ集団を集団遺伝解析した前例がなく、実際に亜熱帯から温帯域、最北限の新規集団に行くに従って遺伝的多様性が他よりも低くなっていることを示せたことは科学的な意味が大きい。新規集団を含めると集団遺伝学的な平衡状態に達していないために、地理的距離と遺伝的距離の関係が崩れるが、新規集団を除くと地理的距離と遺伝的距離の間に相関が見られることも、集団遺伝学的に非常に興味深い結果である。
- 4) 本研究で得られたような、日本沿岸域のサンゴ礁生物を対象としたゲノムワイドレベルでの遺伝的多型データを基にした解析はほとんど例がなく、新規性が高い。特に環境要因と関連のある遺伝的変異のサンゴ集団での解析は初であり、大きな意義がある。今後、サンゴ礁生物に加えて、日本沿岸域の海洋生態系における海洋生物の遺伝的多型データ解析を実施していく上での模範としても、波及効果が高い。
- 5) 本研究でアオサンゴやクシハダミドリイシなどの新たな北上集団を発見できたと共に、オニヒトデの過去 100 年の文献調査を行い、オニヒトデ自身も北上してきていることが分かった。また、温暖化とともに温帯域での大量発生も確実に増えて規模を増していることを明らかにできた。このようなサンゴおよびサンゴ礁キーストーン種について温暖化による影響を直接的に明示できたことは、温暖化進行に際し、サンゴ礁生態系全体の維持・保全を考える上でも意義が大きい。

（2）環境政策への貢献

- 1) 絶滅危惧種である造礁サンゴに関して、遺伝子によりさらなる隠蔽種を発見、リストを改良するための重要知見を得た。具体的には、ヒメエダミドリイシは想定外の四国を中心に東西に大きく遺伝クレードが見つかり、形態での識別は困難でありながらも遺伝系統としては異なるものが存在していた。別種であるかどうかのさらなる検証は必要なものの、いずれにしても進化系統の大きく異なる集団であるため、遺伝的多様性保全の観点からも、個々に保全する必要があることが分かった。
- 2) 愛知目標を達成するための科学的基礎知見となる、海流構造や遺伝構造を踏まえた幼生分散ネットワークに基づく保全優先度の高い EBSA 海域、特にこれまで注目されていなかった温帯域の重要海域の提示することができた。特に、温帯域では一部の

サンゴ種にとっての避難所となることが示され、遺伝データと統計モデルの統合により、温帯域を含む各海域の EBSA の基準に照らし合わせた相対的な重要性を明らかにできることが分かった。具体的には、これまでサンゴ保全のうえで軽視されていた温帯サンゴ群集のうち、高知、和歌山、長崎、宮崎の順に保全の優先度が高かった。また、千葉や静岡などの海域は温暖化により増えるものの、保護区とのカバー率のギャップが大きく、今後海洋保護区を拡大していくと良い海域であることが分かった。

- 3) これまでになかった遺伝子解析・海流モデル・生物分布推定モデルによる将来変化の情報を加味した統合的な重要海域の指標により、保全の優先度を提示することが出来た。特に重要海域の選定が遅れている海洋生態系において、これまで不足していた海洋保護区設に定際し、科学的根拠に基づく配置のための情報を提供できた。
- 4) 日本国内のオニヒトデが 2 次的大量発生によって拡散していることは以前から遺伝解析や海流モデルで指摘されてはいたものの、幼生分散量が大きすぎるために遺伝子解析ではどの集団もほぼ均一の組成となってしまう、どの程度の距離を拡散しているかは分からなかった。本研究で日本国内全域にわたる、過去 100 年近くの文献調査をあつめ、統計解析を行うことで、約 100km 程度の空間範囲で 2 次的大量発生が頻繁に起きる可能性があることが分かった。またそれよりは頻度が少ないものの、300km 程度でも 2 次大量発生が起こりうることもわかった。オニヒトデの大量発生は、しばしば駆除費用がついたときには後手に回ってしまうことが多い。本研究で得た知見は、一度大量発生が生じたときに、海流情報などで 2 次大量発生が生じる空間範囲や海域を絞り込み、モニタリングを強めたり予測したり、オニヒトデ対策の初動を早めることに役立つと考えられる。

<行政が既に活用した成果>

- 1) IPBES Deliverable 2(b)Regional/subregional assessments on biodiversity and ecosystem services, Asia-Pacific regional assessment の Lead Author として本研究において収集した情報に基づき、サンゴ礁に関するアセスメントの文章の節や引用資料作成等に貢献した。文書は 2018 年 3 月の IPBES において内部公表された。
- 2) AP-BON の委員として AP-BON の会合において、本課題で収集した情報を含めた発表を行い、AP-Marine BON の可能性についてや、今後の方針についての、議論を行うことで貢献した。議論を踏まえて 2018 年の GEOSS における提案文書の案を作成中である。
- 3) 本課題で収集した情報および特にサンゴ礁の面積の推定結果について、環境省推進費 S15 においてサンゴ礁の変化の簡易的な変化として利用者の将来変化の推定などに活用された。

＜行政が活用することが見込まれる成果＞

- 1) レッドデータリストを作成する際のサンゴ類の絶滅危惧種選定における科学的裏づけを与えた。特にすでに絶滅危惧種として扱われているヒメエダミドリイシ *Acropora pruinosa* は四国を境に東西で、異なる隠蔽種の可能性もあることが明らかになったため、両方の遺伝系統を保全していく必要があることが分かった。また当該種が野外において大きな集団を形成している場合においてもほとんどがクローンで出来ていることが本研究により新たにわかった。すなわち、一度の環境変化で地域絶滅しやすいことを科学的に裏付けた（実際、ヒメエダミドリイシは宮崎など一部の海域で過去に地域絶滅しており、温暖化が起きている過去 100 年に全く分布拡大等が見られていない）。この絶滅危惧種の詳細な生態と遺伝的多様性に関する新たな知見は、生物多様性条約第 10 回締結国会議（CBD・COP10）生物多様性国家戦略（2012）で掲げられた愛知目標 12 「2020 年までに、既知の絶滅危惧種の絶滅が防止され、また、それらのうち、特に最も減少している種に対する保全状況の改善が達成、維持される。」という目標達成に貢献する科学的知見である。
- 2) これまで温暖化に際して避難所を保全していくという考え方は科学論文では提唱されていたものの、実際に避難所としての機能を遺伝的・海洋物理学的な統合的視点により科学的に示した例はほとんどない。Keppel et al. (2012)20)によると、“レフュージア（避難所）とは、生物多様性の一部が逃げ込むことができ、集団を維持することができて、温暖化等で環境が変わったとしても広がっていくことができそうであるために、環境変動下でも種の保全に役立つ海域 “とされる。本研究により、亜熱帯にいる全てのサンゴ礁種について温帯域を避難所として保全することはできないため、依然石西礁湖などの亜熱帯サンゴ礁海域が遺伝的多様性の観点からも重要であることは示しながらも、一部のサンゴ種では温帯域のうち、100 年以上前から存在していて十分に高い遺伝的多様性を維持している海域が避難所として十分に機能しうることを示した。具体的には、宮崎から四国、和歌山までの海域はサンゴが亜熱帯から稀な幼生分散によって逃げ込むことが出来て、かつそれぞれが十分に高い遺伝的多様性をもって安定しており、今後も温暖化による分布拡大が見込まれる海域であることが証明できた。そのため、これまで軽視されてきていた温帯域のサンゴを保全する意義（温帯域の海洋保護区の保全の一部に入れ込む必然性）に関する科学的裏づけを提供することが出来た。特に温帯域の中では、五島、宮崎、横浪、和歌山は EBSA の基準と照らし合わせても保全優先度が高い海域であることがわかった。これらは、戦略目標 E の愛知目標 19 「2020 年までに、生物多様性、その価値や機能、その現状や傾向、その損失の結果に関連する知識、科学的基盤及び技術が向上し、広く共有され、移転され、適用される。」ことに貢献するとともに、戦略目標 C 「生態系、種及び遺伝子の多様性を保護することにより、生物多様性の状況を改善する」を達成するために重要な知見である。

3) 本研究により、4属10種のサンゴの遺伝構造をもとに琉球列島から本州・九州までの日本全国にわたるサンゴ海域全体のコネクティビティを調べた。それにより、個々に独立して保全管理することで有効であると考えられる海域の区分（保全管理ユニット）を明らかにした(図(1)–3)。これに加え、遺伝的な孤立性の高い場所の同定とその海域の遺伝的多様性や唯一性を求めることで、従来わからなかった遺伝的多様性やコネクティビティを踏まえた上での海域の相対的重要度も示すことができた。さらに、個々の海域内におけるサンゴ産卵期における海流構造からソースシンクの関係も明らかにした。これらを全て踏まえた上で、これまでサンゴ保全のうえで軽視されていた温帯サンゴ群集のうち、高知、和歌山、長崎、宮崎は、この順番に保全の優先度が高かった。また、千葉や静岡などの海域は温暖化により増えるものの、保護区とのカバー率のギャップが大きく、今後海洋保護区を拡大していくと良い海域であることが分かった。以上の知見は、愛知目標 11 「沿岸域の重要海域 10%を効果的均平に管理・保全してネットワーク化する」ために不可欠な知見であり、海洋保護区を増やす際に重要な情報であるといえる。

4. 委員の指摘及び提言概要

サンゴの遺伝子解析に基づいて生物の北上や定着域の推定に関して蓋然性の高い科学的見地が示されたことは特筆に値する。また、保護海域の設定などの政策決定に資するものとして将来性を感じさせる。他にも考慮していただきたい要素はあるが、革新型（若手枠）の研究ということもあり、今後発展させて世界に発信して行ってほしい。

5. 評点

総合評点：A