

令和 6 年 6 月 20 日現在

機関番号：32704

研究種目：基盤研究(B) (一般)

研究期間：2021～2023

課題番号：21H02220

研究課題名(和文) 宍道湖流域の水草相の過去から現在～環境DNAを用いた広域解析～

研究課題名(英文) A flora of aquatic macrophytes in Lake Shinji basin from the past to the present: a wide-area analysis using environmental DNA.

研究代表者

小室 隆 (Komuro, Takashi)

関東学院大学・経済学部・講師

研究者番号：40782561

交付決定額(研究期間全体)：(直接経費) 14,300,000円

研究成果の概要(和文)：本研究は宍道湖流域内のため池および宍道湖を対象として、現生する水草の種リストを作成した。宍道湖流域内に存在するため池について網羅的に調査したことで、流域内の水草相を明らかにすることができた。なお、現在の宍道湖において生息しているツツイトモ sp.については、当初想定していたような、ツツイトモを片親とする交雑由来種や、未知の種である可能性は低いと考えられる。また、堆積物を対象とした環境DNAによる調査では、堆積物からも過去の魚類相を復元することができることが明らかとなった。

研究成果の学術的意義や社会的意義

本研究で明らかとなった結果は、宍道湖に今後侵入してくる可能性のある水草についての予測をたてる上で重要な結果となった。また、これまでは宍道湖流域内の水草の分布に関する情報は極めて少なかったことから今後の流域管理という点からも重要な結果を得ることができた。そのため、今後は得られた分布情報をもとに、宍道湖に流入してくる可能性の有無について、検証を進めていく必要があると考えられる。

研究成果の概要(英文)：This study was conducted to compile a species list of existing aquatic macrophytes in reservoirs and Lake Shinji within the Lake Shinji watershed. A comprehensive survey of the reservoirs in the Lake Shinji watershed allowed us to determine the waterweed fauna in the watershed. It is unlikely that the species of Potamogeton sp. present in Lake Shinji are of hybrid origin with Potamogeton sp. as a single parent or unknown species, as we had initially assumed. The environmental DNA survey of the sediments revealed that the past fish fauna can be reconstructed from the sediments as well.

研究分野：自然地理学，陸水学

キーワード：宍道湖 水草 eDNA ツツイトモ sp.

1. 研究開始当初の背景

国内では外来生物が水域・陸域問わず侵入し、日本古来の生態系は大きく変化している。外来種だけではなく、国内外来種(例えば、ある地域固有の種が他地域へ侵入し、侵入先の生態系を大きく変化させる可能性がある種)も大きな問題となっている。特に水草は、他地域に侵入してその水域の植生構造を大きく変えてしまう侵略性の強い種が多い。

近年では、琵琶湖や宍道湖のように突如として水草が異常繁茂し、漁業被害、景観悪化、水質汚濁源などとして問題視されるようになってきている。このような水草の繁茂問題は必ずしも新しい問題ではなく、琵琶湖における 1970 年代以降の外来植物コカナダモ、西日本における 1970 年代の外来植物ホテイアオイ、西日本における 2000 年代の外来植物ボタンウキクサ、1990 年代の琵琶湖南湖における在来水草など、水生植物の異常繁茂による事例は枚挙に暇が無い。このような異常繁茂には人為的要因も関係しており、近年のアクアリウムの流行により、外来種の侵入頻度が増えていることで、在来水草が影響を受ける水域が増加することが危惧される。

島根県の宍道湖では、2009 年ごろにオオササエビモがパッチ状に生育していることが確認され、その後爆発的に増加したが、2013 年にはオオササエビモに代わり、ツツイトモの繁茂が顕著となり、2016 年にはオオササエビモは衰退してツツイトモにほぼ置き換わった。爆発的な繁茂が確認される以前の 1999 年-2000 年にはオオササエビモとツツイトモの 2 種は記録されており(國井, 2001)、どこから移入・定着し、爆発的に増加したかは不明である。

宍道湖において水草が突如として増加した原因として最も有力な要因としては、2007 年ごろから水田除草剤の使用量が減少したためと考えられているが(山室ほか, 2014)、確実な要因は特定されていない。また、オオササエビモやツツイトモなどの種が優占種であったという記録は過去を遡ってみても存在していない。平塚ら(2006)は 60-70 年前の様子について漁師への聞き取り調査により、当時はトリゲモや藻類のシャジクモに似た水草が生育していたことを報告している。また、Komuro et al. (2013)や Kasaki (1964)により 1960 年以前の宍道湖では少なくとも 4 種の車軸藻類が優占して繁茂していたと確認されている。しかしツツイトモについては、2000 年に宍道湖の東側約 6km、大橋川を介して連結している中海の彦名干拓地(1993 年に一期工事が完了)において記録されているが、宍道湖では記録されていない(國井, 2000)。

湖沼に生育する水草の移動分散は、流域内で接続する河川や水路を介して水流散布されるものや渡り鳥などの移動性動物によって散布される自然的要因と、栽培品の逸出という人為的要因があると考えられる。前者については、例えばヒルムシロ科のイトクズモはオーストラリアから地中海周辺への渡り鳥による長距離散布の可能性が示唆されている(Ito et al., 2016)。オオササエビモやツツイトモは積極的に栽培されることがない植物であること、宍道湖は渡り鳥の越冬地として重要な地域であること、ツツイトモが最初に記録された中海彦名干拓地はその後水鳥公園として整備されていることなどから、渡り鳥による種子散布の可能性が高いと考えられる。

水草は形態的な可塑性が非常に大きく、形態に基づく種同定がしばしば困難である。そのため、分類学上の研究の遅れや混乱も見られる。例えば、宍道湖で優占種となっているツツイトモは形態的な近縁種が多数あり、真のツツイトモではなく、ツツイトモを片親とする雑種分類群と推定されているが、もう片方の親が不明である(以後、宍道湖のツツイトモを「ツツイトモ sp.」と表記する)。宍道湖に生育しているツツイトモ sp.については生態的に不明な点が多い。宍道湖のツツイトモ sp.は開花するもののほとんど結実しないが、松江城を囲む掘(京橋川)では結実が観察されているので、この違いについても調査する必要がある。

2. 研究の目的

宍道湖における水草の分布情報は断片的かつ部分的にしか存在しておらず、基礎的情報が欠落している。宍道湖における水草問題を解決するためには、宍道湖がこれまで辿って来た水草の変遷を明らかにし、生態などの基礎的情報を構築する必要がある。本研究では、宍道湖流域内の水草の分布状況を明らかにすることとし、宍道湖内に生息する水草の移入経路と過去の環境程について sedaDNA(Sediment Ancient DNA)を用いた分析を中心に明らかにする。

3. 研究の方法

(1) 堆積物からの過去の水草植生および環境情報の解明

2020 年 9 月に採取した宍道湖の堆積物コアサンプル計 6 本(S5: 40cm・3 本, S6: 40cm・3 本)と 2022 年 10 月に採取した宍道湖の堆積物コアサンプル計 6 本(240: 20cm, 241: 38cm, 242: 18cm, 243: 30cm, 244: 26cm, 245: 30cm)を用いて、環境 DNA 分析によるコア DNA の検出が可能かどうかを検証した。そのためにまず、これらすべての堆積物コアサンプルからの DNA 抽出は、各層 2 cm ずつに分けてから 9 g を分取した後、Sakata et al. (2020, 2021)を参考にして DNeasy Power Soil Kit などを用いて実施した。つぎに、MiFish プライマー(魚類相解析, Miya et al. 2015)や MiBird プライマー(鳥類相解析, Ushio et al. 2018)などを用いた環境 DNA メタバーコーディング(網羅的解析)を実施した。加えて、S5 と S6 については、い

くつかの種特異的プライマーを用いた環境 DNA 分析も実施した (S5: ツツイトモ, リュウノヒゲモ, ヤマトシジミ, スズキ, ワカサギ, ニホンウナギ, シラウオ, S6: ツツイトモ, ヤマトシジミ, スズキ, コノシロ, ワカサギ, ニホンウナギ, シラウオ)。

加えて, 開発済みのツツイトモ用プライマー (Takahara et al. under review) の特異性を検証するため, 宍道湖周辺の異なる産地由来のツツイトモ 8 サンプル, ササバモ 1 サンプル, ホソバミズヒキモ 5 サンプル, ヤマギモ 2 サンプルを用意して組織 DNA を抽出した。つぎに, ツツイトモ用プライマーを用いたリアルタイム PCR 実験を行い, 各種サンプル(1ng/μL)の DNA 増幅・非増幅を確認した。

なお, コア S6 については, Pb-210 および Cs-137 の濃度を分析し, CIC モデルを用いて堆積速度を求め, 年代値へと換算した。

(2) 宍道湖・斐伊川流域内の水生植物の分布の解明と潜在的リスクの評価

宍道湖周辺の水域合計 24 ヶ所 (内訳は 22 ヶ所の溜池と 2 ヶ所の水路) において, 抽水植物, 浮葉植物, 浮漂植物, 沈水植物を対象に水生植物相の調査を行った。現地での調査は, 2021 年 7 月 23 日-25 日, 2022 年 7 月 8 日-9 日, 2022 年 10 月 1 日, 2022 年 10 月 14 日, 2023 年 9 月 11 日の合計 5 回, のべ 8 日間実施した (表 1)。現地調査においては, 見いだされた水生植物を目視確認した。現地で同定可能な水生植物についてはその場で種名を確定してフィールドノートに記帳した。現地での同定の困難な水生植物については, 必要に応じて長さ約 5 m の伸縮柄のついた水生植物採取機器を用いて水生植物を採集した。採取試料を研究室に持ち帰ってさく葉標本を製作した。また, 沈水植物については, 検鏡・同定用試料に加えて DNA 解析用の試料も合わせて採取した。さらに, ヒルムシロ属植物 (とくにツツイトモおよびイトモ) については比較検討のための材料を得るために, 全国各地の水域においてヒルムシロ属の試料採取を行った。

さく葉標本製作については, 現地で採取した試料をポリ袋に入れて持ち帰り, 持ち帰った当日に新聞紙に挟んで仮押しを行い, 半日~1 日後に新聞紙を取り替えて本押しを行い, さらにその半日~1 日後の本押しの終了後に温風乾燥機を用いて 55°C の温風下で 1~2 日間の乾燥を行った。同時に採取データを記した標本ラベルを作成し, 乾燥後の標本に標本ラベルを添付して両者を新聞紙に挟んだ状態で仮保管した。仮保管のさく葉標本について検鏡と同定を行い, 同定後の標本については 1 点を人間環境大学に保管し, 重複標本を大阪市立自然史博物館, 京都大学総合博物館, 都立大学牧野標本館, 国立科学博物館植物研究部, 東北大学植物園の各ハーバリウムに送付・寄贈した。

DNA 解析用試料については, 現地で採取した試料をポリ袋に入れて持ち帰り, 持ち帰った当日にキッチンペーパーに挟んで仮脱水した試料をシリカゲルとともにチャックつきポリ袋に入れて 1 週間ほどの乾燥を行った。乾燥完了後にシリカゲルを除去し, チャックつきポリ袋に袋入れたままの状態を試料保管した。

なお, 新型コロナ感染拡大による余波を受けて, 2021 年~2022 年の野外調査の規模 (調査対象地域と調査対象水域の地点数) を縮小せざるを得なかった。

水草採取地点と同様の地点において, 環境 DNA 分析用の採水も 2022 年および 2023 年に行い 52 サンプルを採集した。これらのサンプルについては, ガラス繊維濾紙 GF/F (0.7μm) を用いて, Minamoto et al. (2021) に基づき, 一部手法を改良して抽出を行った。改良した点として, 濾紙に付着している塩化ベンザルコニウムを洗い流すため, まず濾紙を純水で洗浄してから試薬による抽出を開始した。なお, 現時点では抽出および精製まで終了しており, 網羅的解析については分析中である。

(3) 宍道湖の現生水草 (ツツイトモ sp.) の正体の解明

宍道湖で大量に発生したツツイトモの生物学的正体を明らかにするために, 31 地点からツツイトモおよび近縁のホソバミズヒキモ, イトモ, ツツイトモとの交雑が疑われる個体を採取した。得られた試料は, シリカゲルによって乾燥させた後, 試料破砕機を用いて粉末状にして, CTAB (Cetyl Trimethyl Ammonium Bromide) 法により, DNA を抽出した。

DNA 濃度を調整後, Suyama and Matsuki (2015) による MIG-seq (Multiplexed ISSR Genotyping by sequencing) の手法に従い, 2 回の PCR 後に, サイズセレクションを行って, 濃度調整後, Illumina 社の MiSeq システムを用いて, 塩基配列決定を行った。

得られたリードから低品質なものと極端に短いものを取り除き, Stacks v. 2.3 (Catchen et al., 2013) によってアラインメントした。得られた SNP (Single Nucleotide Polymorphism) は, 解析エラーを取り除くため, いくつかのパラメーターについて, フィルタリングを行った。最終的に得られたデータセットを用いて, Splitstree v. 4.18.2 (Huson and Bryant, 2006) によって, 集団間のネットワークを構築した。さらに, 集団遺伝構造を明らかにするために, Prichard et al. (2000) による STRUCTURE を用いて, ベイズ法に基づくクラスタリングを行った。いずれの解析でも, ツツイトモとその近縁種を含めたデータセットとツツイトモのみのデータセットとを用いた。

4. 研究成果

(1) 堆積物からの過去の水草植生および環境情報の解明

環境 DNA メタバーコーディング

宍道湖で採取した堆積物コアサンプルにおいて, MiFish プライマーや MiBird プライマーを用

いた環境 DNA メタバーコーディングの結果、魚類 DNA や鳥類 DNA を検出可能であることがわかった。検出された魚類の DNA ではコノシロ・サツパなどが優先している傾向がみられた。また、検出された鳥類の DNA はトモエガモやヨシガモなどのカモ類が多くを占めていた。なお S6 においては、年代測定も実施しているため、今後、各生物種の DNA が検出されたコア層と年代との照合と考察を行う予定である。また No.240～No.245 のコア 6 本を用いて魚類の環境 DNA メタバーコーディングを行い魚類の DNA が検出されるコア深度を検証した結果、No.231 では 38cm、No.244 では 22cm の層まで魚類の DNA が検出されたが、その他のコアでは 10cm 以降は非検出だった。宍道湖における堆積物コアでは、多くの場合、魚類 DNA は 10cm 程度までしか保存されていないのかもしれないが、植物 DNA は保存性が高い可能性があるため、今後、更なる検証が必要である。

環境 DNA 種特異的検出

S5 ではヤマトシジミ 12cm、スズキ 18cm、ツツイトモ 20cm、リュウノヒゲモ 36cm 層まで、S6 ではヤマトシジミ 32 cm、スズキ 8cm、コノシロ 16cm、ツツイトモ 38cm 層まで堆積物コア DNA が検出された。これらの結果から魚類よりも水草の方が DNA の保存が良いと考えられた。また、とくにコノシロ場合、堆積物コア層における環境 DNA メタバーコーディングによる DNA 検出割合と特異的プライマーによる DNA 濃度にはゆるい正の相関関係がみられた。これまでに、堆積物コアサンプルを用いた環境 DNA メタバーコーディングによる DNA 検出割合と種特異的検出による DNA 濃度との相関関係を明らかにした報告例はないと思われるため、現在、投稿論文執筆中である。また、S5・S6 のどちらのサンプルでも、ニホンウナギ、ワカサギ、シラウオの DNA は非検出であった。現在、これら 3 種は重要水産資源であり希少種となっているため、堆積物コアサンプルの DNA 情報から過去の生息状況を推定できる可能性に期待していたが、これら 3 種はそもそも過去の生息量も少なかったのか、あるいは、宍道湖における魚類のコア DNA は保存されにくい可能性が考えられた。

ツツイトモ用プライマーの特異性の検証

ツツイトモの環境 DNA を検出可能なプライマーを用いたリアルタイム PCR 実験の結果、産地の異なるツツイトモのサンプルに加えて、イトモ、ホソバミズヒキモ結実型、ホソバミズヒキモ非結実型、ホソバミズヒキモ流水型、ヤナギモの組織から抽出した DNA (1 ng/μL) にも増幅反応がみられることがわかってきた。これらのことから、ツツイトモ以外のヒルムシロ属の DNA に反応する可能性が高いため、今後、更なる検証が必要であると考えられた。

堆積速度

2020 年の S6 コアと 2022 年の 241 コアを対象に CIC モデルにより求めた堆積速度は、S6 が 0.30 cm/y、241 コアが 0.387cm/y であった。241 コアについては eDNA が検出されなかったが、S6 コアからは eDNA が検出されているため、今後、検証を進めていく。

(2) 宍道湖・斐伊川流域内の水生植物の分布の解明と潜在的リスクの評価

3 年間にわたるのべ 5 回の調査によって、22 溜池、2 水路の合計 24 水域において維管束植物については総計 55 種の水生植物を確認した。新型コロナ感染拡大による余波を受けて 2021 年～2022 年の野外調査の規模を縮小せざるを得なかったが、一定の成果を得ることができた。確認された 55 種のうち、51 種が在来種、4 種が外来種であった。

外来種 4 種の内訳は、アマゾンチカガミ、キシウスズメノヒエ (No.21 溜池)、コカナダモ (No.2 溜池、6 溜池、11 溜池、22 水路)、外来アゾラ (No.20 溜池) であった。また、調査対象の水域以外からは、オオカナダモとナガエのツルノゲイトウ (特定外来生物) を確認した。在来水生植物の内、コバノヒルムシロ (No.4 溜池) は希少な浮葉植物である。また、シロガヤツリ (No.19 溜池) は島根県新産の抽水植物であった。ホソバミズヒキモは、溜池の止水環境と農業水路などの流水環境の両方に生育が見られ、止水環境では良く開花結実する止水域結実型とほとんど結実しない止水域僅結実型の 2 タイプが見られた。一方、流水環境ではまったく開花結実しない流水域非結実型の 1 タイプのみが見られた。No.4 の溜池ではイトモとコバノヒルムシロが混生しており、結実期以外の季節における両者の区別は不能であった。ホソバミズヒキモは No.1 溜池、No.3 溜池、No.6 溜池、No.8 溜池、No.9 溜池、No.14 水路、15 溜池、No.16 溜池、No.17 溜池、No.18 溜池に出現し、もっとも普遍的であった。マツモは No.1 溜池、No.2 溜池、No.4 溜池、No.5 溜池、No.6 溜池、No.8 溜池、No.9 溜池、No.12 溜池、No.14 溜池に出現し、ホソバミズヒキモに次いで普遍的であった。ヒツジグサは No.3 溜池、No.4 溜池、No.5 溜池、No.9 溜池、No.15 溜池、No.17 溜池に出現し、比較的普遍的であった。ミズオオバコは 1 溜池、No.3 溜池、No.4 溜池、No.5 溜池、No.9 溜池、No.22 水路に出現し、ヒツジグサと同様に比較的普遍的であった。オオトリゲモは No.1 溜池、No.2 溜池、No.16 溜池、No.17 溜池、No.18 溜池で確認され、同属のホッスモ (4 溜池、No.5 溜池、No.16 溜池) よりも多く出現した。また、希少沈水植物のイトモは、No.3 溜池、No.4 溜池、No.10 溜池、No.13 溜池に出現し、この地域では必ずしも希少ではない。N.1 溜池と No.2 溜池ではガガブタの生育が特徴的であった。No.3 溜池、No.4 溜池、No.9 溜池、No.10 溜池ではハリマノフザモの生育が特徴的であった。

(3) 宍道湖の現生水草(ツツイトモ sp.)の正体の解明

得られたデータは、ツツイトモとその近縁種を含めたセットでは、総リード数が5,666,268(平均209,862リード)であり、ジェノタイピング率は70%、解析に用いたSNP数は749である。また、ツツイトモのみのデータセットでは、総リード数が4,575,984(平均208,000リード)であり、ジェノタイピング率は70%、解析に用いたSNP数は923となった。ツツイトモとその近縁種を対象とした集団間のネットワーク解析の結果、ホソバミズヒキモ、イトモ、ツツイトモはそれぞれまとまりを作っており、山梨県から得られた交雑集団はホソバミズヒキモとツツイトモの中間の位置に配置されたことから、両種の交雑である可能性が高い。出雲市の1地点でツツイトモとして採取されたサンプルと長野県でホソバミズヒキモ類似種として採取された1サンプルはイトモと非常に近い位置に配置されたことから、いずれもイトモの誤認と考えられる。宮城県でツツイトモとして採取された2サンプルは、ホソバミズヒキモとツツイトモ中間の位置に配置されたことから、これら2種の交雑に由来するものである可能性が高い。採取した時点では、浮葉が生じておらず、ツツイトモと同定されたが、2023年の再調査では、一部の個体で浮葉をつけており、この点もホソバミズヒキモの関与が示唆される。

宍道湖およびその周辺部の、近年急速に分布拡大している集団は、ツツイトモのまとまりに含まれることから、当初想定していたような、ツツイトモを片親とする交雑由来種や、未知の種である可能性は低いと考えられる。

次にベイズ法に基づく、ツツイトモ集団のクラスター解析の結果、最適なクラスター数は2となり、宮城および島根の集団の多くは、それぞれ別のクラスターに割り振られた。集団ネットワーク図と同様にベイズ法に基づくクラスター解析においても、島根県と宮城県のツツイトモ集団は遺伝的に分化していることが示された。

以上の結果から、宍道湖およびその周辺のツツイトモは、当初の推測とは異なり、ツツイトモの範疇に含まれ、何らかの理由で、宍道湖とその周辺において、近年急速に分布拡大しているものと考えられる。

<引用文献>

- Catchen et al. (2013) Stacks: an analysis tool set for population genomics. *Molecular Ecology*. 22: 3124-3140.
- 平塚純一ほか(2006) 里湖モク採り物語-50年前の水面下の世界. 141pp.生物研究者, 東京.
- Huson, D.H. and Bryant, D. (2013) Application of phylogenetic networks in evolution studies. *Molecular Biology and Evolution*. 23(1):254-267.
- Ito et al. (2016) A new delimitation of the Afro-Eurasian plant genus *Althenia* to include its Australasian relative, *Lepilaena* (Potamogetonaceae) - Evidence from DNA and morphological data. *Molecular Phylogenetics and Evolution*. 98: 261-270.
- Kasaki H. (1964) The Charophyta from the lakes of Japan. *The Journal of the Hattori Botanical Laboratory*. 27: 217-314.
- Komuro et al. (2016) Reconstruction of the charophyte community of Lake Shinji by oospore collection. *Knowledge and Management of Aquatic Ecosystems*. 417(12):1-5.
- 國井秀伸(2000) 中海米子湾彦名処理地の水生植物. ホシザキグリーン財団研究報告書. 4: 1-5.
- 國井秀伸(2001) 中海米子湾彦名処理地の水生植物. *Laguna*. 8:1-5.
- Minamoto et al. (2021) An illustrated manual for environmental DNA research: water sampling guidelines and experimental protocols. *Environmental DNA* 3: 8-13.
- Miya et al. (2015) MiFish, a set of universal PCR primers for metabarcoding environmental DNA from fishes: Detection of more than 230 subtropical marine species. *Royal Society Open Science*. 2(7):150088.
- Parducci et al. (2017) Ancient plant DNA in lake sediments. *New Phytologist*. 214(3): 924-942.
- Pritchard et al. (2000) Inference of population structure using multilocus genotype data. *Genetics*. 155:945-959.
- Sakata et al. (2020) Sedimentary eDNA provides different information on timescale and fish species composition compared with aqueous eDNA. *Environmental DNA*. 2(9):505-518.
- Sakata et al. 2021. Determining an effective sampling method for eDNA metabarcoding: a case study for fish biodiversity monitoring in a small, natural river. *Limnology*. 22:221-235.
- Suyama, Y. and Matsuki, Y. (2015) MIG-seq: an effective PCR-based method for genome-wide single-nucleotide polymorphism genotyping using the next-generation sequencing platform. *Sci. Rep.* 5, 16963; doi: 10.1038/srep16963.
- Ushio et al. (2018) Demonstration of the potential of environmental DNA as a tool for the detection of avian species. *Scientific Reports*. 8:4493.
- 山室真澄ほか(2014) 宍道湖における沈水植物大量発生前後の水質. *陸水学雑誌*. 75: 99-105.

5. 主な発表論文等

〔雑誌論文〕 計4件（うち査読付論文 4件/うち国際共著 0件/うちオープンアクセス 3件）

1. 著者名 KOMURO Takashi, SUGINO Fumiya, YAMAMURO Masumi	4. 巻 83
2. 論文標題 Water temperature at the shore and center of Lake Kasumigaura during summer	5. 発行年 2022年
3. 雑誌名 Japanese Journal of Limnology (Rikusuigaku Zasshi)	6. 最初と最後の頁 197 ~ 205
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.3739/rikusui.83.197	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 -
1. 著者名 藤井伸二, 小室隆	4. 巻 71
2. 論文標題 鳥根県からシロガヤツリを記録する	5. 発行年 2023年
3. 雑誌名 植物地理・分類研究	6. 最初と最後の頁 59-61
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.18942/chiribunrui.0711-08	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 -
1. 著者名 Uemura Ryudo, Asakawa Akira, Fujii Shinji, Matsuo Ayumi, Suyama Yoshihisa, Maki Masayuki	4. 巻 37
2. 論文標題 Can <i>Rumex madaio</i> (Polygonaceae) be threatened by natural hybridization with an invasive species in Japan?	5. 発行年 2022年
3. 雑誌名 Nordic Journal of Botany	6. 最初と最後の頁 1-5
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1111/njb.03543	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 -
1. 著者名 Hoson, T., Ito, T. and Maki, M.	4. 巻 7
2. 論文標題 The complete chloroplast genome sequence of <i>Anaphalis margaritacea</i> var. <i>yedoensis</i> (Asteraceae) and phylogenetic relationships within Gnaphalieae	5. 発行年 2022年
3. 雑誌名 Mitochondrial DNA Part B	6. 最初と最後の頁 563-565
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1080/23802359.2022.2048213	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 -

〔学会発表〕 計8件（うち招待講演 0件 / うち国際学会 0件）

1. 発表者名 小室隆, 杉野史弥, 山室真澄
2. 発表標題 霞ヶ浦における夏季の湖岸と湖心の水温の違い
3. 学会等名 第25回水環境シンポジウム
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 丸井滉貴, 眞塩 麻彩実, 黄国宏, 丸尾雅啓, 小室 隆, 長谷川浩
2. 発表標題 湖沼における白金分布と挙動
3. 学会等名 第82回 分析化学討論会
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 小室隆, 後藤益滋, 杉野史弥
2. 発表標題 環境DNAを用いた霞ヶ浦流入河川におけるイシガイの分布
3. 学会等名 日本陸水学会第86回大会
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 原田泰地, 藤井伸二, 山城考, 田金秀一郎, 松尾歩, 陶山佳久, 伊東拓朗, , 牧雅之
2. 発表標題 ため池減水裸地に優占するカヤツリグサ属植物に関する分子系統学的解析
3. 学会等名 日本植物分類学会
4. 発表年 2023年

1. 発表者名 村上将希, 伊東拓朗, 上町達也, 藤井伸二, 松尾歩, 陶山佳久, 牧雅之
2. 発表標題 日本産アジサイ属アジサイ節における異所的種分化過程の解明: いつ, どこで起きたか?
3. 学会等名 日本植物分類学会
4. 発表年 2023年

1. 発表者名 道本佳苗, 阿部篤志, 横田昌嗣, 藤井伸二, 高橋大樹, 柿嶋聡, 游旨价, 伊東拓朗, 牧雅之
2. 発表標題 沖縄島産アキカラマツ(キンポウゲ科)の分類群学的再検討
3. 学会等名 日本植物分類学会
4. 発表年 2023年

1. 発表者名 保尊大志, 伊東拓朗, 中村剛, 藤井伸二, 高橋大樹, 陶山佳久, 牧雅之
2. 発表標題 礫河原環境に特異的に生育するカワラハハコの起源を探る
3. 学会等名 日本植物分類学会
4. 発表年 2023年

1. 発表者名 小室隆, 神門利之, 加藤季晋, 引野愛子, 山岸聖, 高原輝彦, 後藤益滋, 坂田雅之, 源利文
2. 発表標題 sedaDNAを用いた穴道湖における車軸藻類の復元
3. 学会等名 日本地理学会 2022春季学術大会
4. 発表年 2022年

〔図書〕 計0件

〔産業財産権〕

〔その他〕

-

6. 研究組織

	氏名 (ローマ字氏名) (研究者番号)	所属研究機関・部局・職 (機関番号)	備考
研究分担者	高原 輝彦 (Takahara Teruhiko) (10536048)	島根大学・学術研究院農生命科学系・准教授 (15201)	
研究分担者	藤井 伸二 (Fuji Shinji) (40228945)	人間環境大学・人間環境学部・准教授 (33936)	
研究分担者	牧 雅之 (Maki Masayuki) (60263985)	東北大学・学術資源研究公開センター・教授 (11301)	

7. 科研費を使用して開催した国際研究集会

〔国際研究集会〕 計0件

8. 本研究に関連して実施した国際共同研究の実施状況

共同研究相手国	相手方研究機関
---------	---------