

科学研究費助成事業（基盤研究（S））公表用資料
〔令和3（2021）年度 中間評価用〕

令和元年度採択分
令和3年3月31日現在

沿岸生態系における構造転換：高度観測と非線形力学系理論
に基づく実証アプローチ

Regime shifts in coastal marine ecosystems: an empirical approach based on advanced monitoring and nonlinear dynamical theory

課題番号：19H05641

近藤 倫生 (KONDOH Michio)

東北大学・大学院生命科学研究所・教授



研究の概要

構造転換（レジームシフト）とは、生態系の状態が大規模、急速かつ不可逆的に変化して、重要な生態系機能が損なわれてしまう現象を指す。本研究では、環境DNAを利用した生態系観測と非線形時系列解析手法を組み合わせることで、生態系の構造転換の実証的理解を大きく前進させるとともに、生態系の構造転換を野外で捉えたり、予測したりするための手法開発を行う。

研究分野：生態学

キーワード：環境DNA、生物多様性、レジリアンス、沿岸生態系、データ駆動型研究

1. 研究開始当初の背景

人為起源の攪乱や環境変動をきっかけに、生態系が大きく変化することがある。このような現象を構造転換（レジームシフト）と呼ぶ。生態系の構造転換は、生態系の力学的な性質が変化して生じると考えられてきたが、これを直接に野外で実証した研究はほとんど存在しない。また、応用面からは、どうしても生態系に生じる構造転換を事前に予測できるか、科学者は長らく頭を悩ませてきた。

生態系構造転換の実証的理解が困難な理由は2つある。第一に、実際に野外で種組成が急激に変化する構造転換を捉えた生態系観測データが不足していることである。生態系変動の調査、特に生物群集の種組成変化を捉えるには大きな労力を要するため、実証研究の基礎をなす構造転換の観察自体が容易ではない。第二の理由は、生態系の力学的性質の評価手法の不足だ。仮に構造転換の現場が捉えられたとしても、その仕組みを明らかにしたり、生態系の力学的性質を評価したりすることは大きな挑戦である。

2. 研究の目的

私たちは、生態系の構造転換研究に関わるこれら二つの困難を、新しい生態系観測手法とデータ解析手法を組み合わせることで解消する。これによって、生態系の構造転換の実証的理解を大きく前進させるとともに、生態系観測に基づいて構造転換を野外で捉えたり、予測したりするための手法を開発するこ

とを本研究の目的とする。

3. 研究の方法

全国の野外サイトにおいて環境DNAを利用した生物相調査（水中に存在する生物由来DNAを利用した生物群集調査）を高頻度で実施し、数百から千種にもなる魚種の時空間変動を捉えた高度生態系観測データを取得する。この大規模なデータを利用することで、日本列島スケールでの構造転換現象の時空間パターンを把握することができるだろう。また、環境DNA調査等によって得た高度生態系観測データを非線形力学系理論に基づく新しい手法で解析し、磯焼けや赤潮、魚種交替等の構造転換が実際に生態系の力学的性質の変化を伴うかを実証する。さらに、開発したデータ解析手法を利用することで、高度生態系観測データから生態系の力学的性質の変化を読み取り、構造転換を早期に、正しく、あるいは敏感に検出するための手法を開発する。

4. これまでの成果

(1) 環境DNA観測網の構築 - 全国60以上の地点での高頻度の環境DNAメタバーコーディング観測を実施する観測網ANEMONE (All Nippon eDNA Monitoring Network) を構築した。現在では、45の沿岸サイトと23の河川・湖沼観測サイトにおいて、毎週～毎月の高頻度観測が実施されている。分析処理される試料は、年間あたり約650地点分、ステ

リベクスフィルター最大約 1,300 本に上る。実験条件や環境を整えることで、我々は精度の良い定量的な環境 DNA 観測データを得ることに成功した。また環境 DNA メタバーコーディングパイプライン(Claident)を改善し、環境 DNA 定量手法に対応した他、偽陽性を低減させる新たな機能を多数実装した。また、多くの環境 DNA メタバーコーディングに適用可能なメタデータ仕様を作成し、環境 DNA メタバーコーディングのデータを集積するためのデータベースを設計した。

(2) データ解析手法開発・環境 DNA から得られる種ごとの時系列情報から生物間の相互作用関係を推定するための、因果推論手法を新たに開発した。生態学では現在 CCM (Sugihara et al. 2012) と呼ばれる因果推定法が利用されているが、この手法は統計学的理論基盤が明らかでなく、未解決の問題が多数残されていた。本研究では CCM の因果推定方法を情報理論的に定義しなおし、統計学的理論基盤の整備を行うことで、これまでよりもより高い精度で因果を推定できる新しい推定法 (Unified Information-theoretic Causality (UIC), 未発表) を開発した。また生態系観測データから精度良くレジームシフトを検出するための手法も開発した。

(3) 群集データ解析・人工的な水温上昇の生じた内浦湾では、益田が長期にわたって潜水目視による魚類生物相調査を実施してきた。非線形時系列予測を利用することで、水温上昇に伴い個体群動態変動ルールが変化したことを明らかにした。また、水温上昇以外の原因で生じた個体群変動ルールの変化も検出することができた。これは非線形時系列解析を利用して個体群動態の変化が検出できることを示唆しており、構造転換のパターンや機構を明らかにしようとする上での大きな成果である。

5. 今後の計画

(1) ANEMONE における環境 DNA 観測を続けつつ、これまでの観測データを用いて、日本全国における魚類相の不連続な変化の検出、「構造転換」の巨視的なパターンの発見に取り組む。これと並行して、環境 DNA データを解析して正確に群集組成を定量評価するための手法・プラットフォーム開発を行い、公開データベースとして構築する。データ集積をさらに加速させるため、外部からもこのデータベースにデータを登録できるように、登録システムの整備を行い、登録されたデータは自動的に INSD および GBIF と同期するようにする。また、ANEMONE 観測データを利用した研究をさらに推進するために、ANEMONE 参加者間の共同研究が相乗的に進むような研究コミュニティ活発化を狙いながら、観測網のマネジメントを行う。

(2) 生態系観測データに基づく力学的性質

(レジームシフト) 検出手法を大規模なデータセットに適用できるよう、効率的な解析フレームワークを実装したパッケージを作成する。これを利用し、生態系の構造転換の発生条件の解析を行う。並行し、開発した新しい因果推定法を用いて、多種の時系列データから効率よく相互作用網を構築する推定フレームワークの構築を行う。

(3) 魚種交替等の「構造転換」の観測データを解析し生態系の力学的性質の変化を伴っていたかを解明する。また原発の再稼働により水温上昇が生じた内浦湾の環境 DNA 観測データを解析し、原発再稼働後に魚類相の南方化がどのタイミングで生じているかを明らかにする。気仙沼においては、堆積物のコアサンプルの分析結果から、津波以前の生物情報を復元する研究も合わせて実施する。

(4) 生態系観測に基づき、生態系の力学的性質の変化を早期に検出 (フォアキャスト)、正しく検出、あるいは敏感に検出するための具手法を開発する。また、多種観測データに基づいて、生態系構造変化のシグナルを効果的に検出する方法についても検討する。

6. これまでの発表論文等 (受賞等も含む)
Ross S-J, Suzuki Y, Kondoh M, Suzuki K, Villa Martín P, Dornelas M (2021) Illuminating the intrinsic and extrinsic drivers of ecological stability across scales. *Ecological Research* **2021**: 1–15.

Kawatsu K, Ushio M, Van Veen F J K, Kondoh M (2021) Are networks of trophic interactions sufficient for understanding the dynamics of multi-trophic communities? Analysis of a tri-trophic insect food-web time-series. *Ecology Letters* **24**: 543-552.

Metelmann S, Sakai S, Kondoh M, Telschow A (2020) Evolutionary stability of plant-pollinator networks: efficient communities, hysteresis, and a pollination dilemma. *Ecology Letters* (online). DOI:10.1111/ele.13588

Masuda R (2020) Tropical fishes vanished after the operation of a nuclear power plant was suspended in the Sea of Japan. *PLOS ONE* **15**: e0232065

Fukaya K, Murakami H, Yoon S, Minami K, Osada Y, Yamamoto S, Masuda R, Kasai A, Miyashita K, Minamoto T, Kondoh M (2020) Estimating fish population abundance by integrating quantitative data on environmental DNA and hydrodynamic modeling. *Molecular Ecology*(online). DOI: 10.1111/mec.15530

7. ホームページ等

<https://sites.google.com/view/all-nippon-edna-monitoring-net/>ホーム

<https://www.lifesci.tohoku.ac.jp/research/teacher/detail---id-45517.html>