

科学研究費助成事業（科学研究費補助金）研究成果報告書

平成 25 年 6 月 18 日現在

機関番号：84201

研究種目：基盤研究 B

研究期間：2009～2012

課題番号：21310152

研究課題名（和文）里湖湖岸域希少植物のユビキタスモニタリング／ジェノタイピングによる
生物多様性評価研究課題名（英文）Estimates of the biodiversity based on the ubiquitous monitoring /
genotyping of the rare plants around the lakeshore of Lake Biwa.

研究代表者

金子 有子 (KANEKO YUKO)

滋賀県琵琶湖環境科学研究所・総合解析部門・専門研究員

研究者番号：90280817

研究成果の概要（和文）：

琵琶湖湖辺域に生育する希少海浜植物のハマエンドウとハマコウを対象として、葉緑体 DNA ハプロタイプ
ングならびにマイクロサテライト解析を行ったところ、琵琶湖の集団は海岸に比べて遺伝的多様性が有意
に低いこと、琵琶湖の集団は遺伝的に分化した陸封型であると強く支持されることが明らかにな
った。これらは琵琶湖に祖先集団が移入した際に創始者効果を受け、遺伝的浮動の効果によ
って遺伝的多様性が減じるとともに分化が促進されたものと示唆された。琵琶湖の集団は種全
体にとって保全価値が高いものと考えられた。希少氾濫原植物のワルビとトナカソクについても、マ
イクロサテライト解析の結果からいずれの種も集団内の遺伝的多様性が極めて低く、ジェネット数は株数よ
りかなり少ないことが分かった。また、モニタリングの結果から文献調査も踏まえ各種の動態特性を
把握し、繁殖率が群落の遺伝的組成に応じて変化する構造を持つコンピュータシミュレーションプログラムを開
発し、集団の遺伝構造と個体群存続可能性の関係を定量的に検証することを可能にすることが
できた。

研究成果の概要（英文）：

We investigated the genetic structure of Lake Biwa populations of (i) *Lathyrus japonicus*,
(ii) *Vitex rotundifolia*, (iii) *Euphorbia adenochlora* and (iv) *Carex vesicaria* in Japan,
using newly developed microsatellite loci and chloroplast DNA haplotypes. The genetic
diversity was significantly lower in the inland (Lake Biwa) populations than coastal ones
in the two beach species (i and ii). In addition, STRUCTURE and phylogenetic analyses
supported robust genetic differentiation between the inland-coastal populations. Thus,
Lake Biwa's populations might have experienced a founder effect during the initial
migration to Lake Biwa and genetic drift during inland isolation. The genetic diversity
of the Lake Biwa populations of the two floodplain plants (iii and iv) was also low, showing
that numbers of genets were smaller than that of ramets. We collected 425 papers of 12
Red list species, which we focused on this project, to obtain the information on their
life history and reproductive property. Furthermore, we developed a computer simulation
program in which fecundity strongly depends on genetic structure of the population. It
enables us to quantify the relationship between the population genetic structure and
extinction probability due to inbreeding depression.

交付決定額

(金額単位：円)

| | 直接経費 | 間接経費 | 合計 |
|---------|------------|-----------|------------|
| 2009 年度 | 4,100,000 | 1,230,000 | 5,330,000 |
| 2010 年度 | 3,500,000 | 1,050,000 | 4,550,000 |
| 2011 年度 | 3,000,000 | 900,000 | 3,900,000 |
| 2012 年度 | 2,400,000 | 720,000 | 3,120,000 |
| 総計 | 13,000,000 | 3,900,000 | 16,900,000 |

研究分野：保全生物学

科研費の分科・細目：資源保全学・資源保全学

キーワード：生物多様性保全・レッドリスト・植物・遺伝構造・絶滅確率

1. 研究開始当初の背景

第3次生物多様性国家戦略では、人間活動と自然生態系が調和しつつ高い生産性と生物多様性の保全が図られてきた里湖を今後も適切に保全していく重要性和必要性が述べられていた。しかし、特定地域での具体的な保全手法を示す研究は極めて不足していた。代表的な里湖である琵琶湖では、かつての広大な葦原と豊かな水産資源が人々の生活を支え、近畿大都市圏の水源機能も担っている。琵琶湖が育んできた豊かな生物多様性は国の自然資源であり、自然資本でもある。国民が等しくその恵を享受し、持続的な利用を図りながら次代に受け継ぐべきものであるにも関わらず、近年の琵琶湖の生物多様性の損失・劣化は著しく、湖岸域希少植物の生育環境も悪化の一途を辿っていた。しかし、多くの湖辺域の在来植物で絶滅が危惧される状況に陥りながら、水資源としての水質や魚貝類増殖の問題に比べ、植栽や絶滅危惧種をはじめとする湖岸植物についての保全遺伝学的研究は殆ど行われてきておらず、湖辺域の生物多様性の現状と評価に関する問題は全く注視されていなかった。

琵琶湖湖岸域の植物相の大きな特徴には、1)砂浜環境に存在する海浜・海岸性植物、2)氾濫原環境に依存する豊富な原野の植物の存在がある。その中には絶滅が危惧される希少植物（国・県・近畿版レッドリスト掲載種）が多数含まれる。しかし、これらの植物の遺伝的な構造は未解明であった。

また、研究代表者の金子が研究開始当初にこれらレッドリスト掲載種のうちの約50種について生息地点及び生息量の把握調査を行ったところ、比較可能な過去の分布情報があった約30種のほぼ半数の種で、最近十数年間で生息地点数・生息量が減少していた。しかし、多くの希少植物で個体群構造や個体群動態は未解明であった。

このような個々の希少植物種に関する遺伝構造と絶滅確率の推定を生物多様性の評価につなげようとするためには、地域集団の遺伝構造を反映した包括的存続可能性解析を行うことが必要と考えられた。しかし、個々の種の絶滅確率の推定の元となる各植物種に関する生活史や繁殖生態について動態データが不十分であった。また、個々の種の遺伝構造に関するデータが不十分であり、それらの解明が求められた。

2. 研究の目的

本研究では、琵琶湖湖岸域に生息する絶滅危惧植物について、(1)全残存地域集団の遺伝構造または全残存個体の遺伝子型を明らかにすると共に、(2)全残存個体・全株の位置情報をGISデータ化し、個体数または生息面積の増減をモニタリングすることによって、遺伝情報を加味した絶滅確率の推定や多様性の評価を行うことを目的とした。

(1) 遺伝解析

琵琶湖の湖岸に生育する希少海浜植物種の中からハマエンドウ（マメ科 *Lathyrus japonicus*）とハマコウ（クマツヅラ科 *Vitex rotundifolia*）の2種を対象として、①琵琶湖の集団が海岸のものから隔離（陸封）を受けて遺伝的な分化を起こしていることを検証する。②それぞれの集団の遺伝構造を解析する。③琵琶湖に残存した集団間の遺伝子流動を測る。以上の3点を明らかにすることを目的とした。

(2) 数理解析

①琵琶湖湖辺域に生育する希少植物種のうち、海浜植物のハマエンドウとハマコウ、及び希少氾濫原植物のノウルシ（トウダイグサ科 *Euphorbia adenochlora*）とオナモミ（ヤブコウソク科 *Carex vesicaria*）を対象として、2007～2008年時のセンサデータを元に、全残存個体・全株について、生息地点及び生息量のモニタリングを行い、繁殖状況と個体群動態に関するデータを収集することを目的とした。

②琵琶湖湖岸域希少植物の遺伝的多様性と集団を健全かつ持続的に維持するための遺伝学的・個体群統計学的背景を明らかにし、希少植物・生物多様性保全に活かせる形でのアウトプットを目的とした。そのため、生活史や繁殖生態についてデータが不十分であった植物種について網羅的な文献収集を行い、さらに全集団のクローン構造の解明および全残存個体の遺伝子型の特定を行う（エピキタスジェネタイジング）を行うことによって、クローン繁殖を盛り込んだ数理モデルを構築し、地域集団の遺伝構造を反映した包括的存続可能性解析を行い、絶滅確率を求めることを目的とした。

3. 研究の方法

(1) 遺伝解析

- ① ナルシ、ハマエンドウ、ハマコウ、オナロコグ、タノアシ、オマルバノホシについて、核 DNA のマイクロサテライト領域を探索するため、解析に用いる遺伝子座を特定して、実験で用いるプライマーを設計した。
- ② ナルシ、ハマエンドウ、ハマコウ、オナロコグについては琵琶湖の全ての集団、及び、ハマエンドウ、ハマコウについては日本全国の海岸の集団から、DNA 抽出用のサンプルを収集した。
- ③ マイクロサテライト解析を行った。また、ハマエンドウについては、核遺伝子を解析して IM モデルを用い、琵琶湖と海岸の集団の分岐年代や過去の遺伝子流動を測った。
- ④ ハマエンドウに関しては、葉緑体 DNA の塩基配列にも変異が認められたため、ハプロタイプ の同定も進めて、琵琶湖-海岸の分化を検証した。

(2) 数理解析

- ① 琵琶湖湖辺域に生育する希少植物種のうち、海浜植物のハマエンドウとハマコウ、及び希少氾濫原植物のナルシとオナロコグについて、2007~2008 年時のセンサデータ (ArcView を用いて GIS データとして管理) を元に、全残存個体・全株について、全踏査により全個体・全株の位置 (GPS による位置計測)、個体もしくは株のサイズの測定 (葉数、形状、短径×長径等) 及び繁殖状況 (開花数、訪花昆虫、実生個体数等) の観測を行いながらモニタリングを行った。
- ② 絶滅危惧種 12 種 (ナルシ、オナロコグ、ハマエンドウ、ハマコウ、ミツガシ等) の生活史や繁殖生態について網羅的な文献収集を行った。
- ③ 絶滅危惧集団の遺伝的多様性の欠如が集団の絶滅を加速させる効果を評価するために、シケンサー (ABI 社製、3031xl) を用いて核 DNA の遺伝子型を数個の遺伝子座について決定した情報を用いるシミュレーションプログラムを開発した。それによって、包括的解析として、個々の種毎に、遺伝構造を反映した将来における絶滅確率の予測を地域別に行い、保護すべき種としての優先度を把握した。

4. 研究成果

(1) 遺伝解析

- ① ナルシ、ハマエンドウ、ハマコウ、オナロコグ、タノアシ (タノアシ科 *Penthorum chinense*)、オマルバノホシ (ナス科 *Solanum megacarpum*) の 6 種について、マイクロサテライトマーカーの開発を進め、それぞれ 28 座、20 座、8 座、10 座、4 座、19 座の遺伝子座について、地域集団内における遺伝的変異の有無を検出した。その結果、ナルシ、ハマエンドウ、ハマコウ、オナロコグで、それぞれ 5 座、

3 座、6 座、4 座の遺伝構造の解析に有効なプライマーを完成した。

- ② 海浜植物のハマエンドウについては海岸集団との比較を行ったところ、琵琶湖の全ての個体が 1 型の葉緑体 DNA ハプロタイプを共有していた。このハプロタイプは海岸にも分布していたが、海岸の集団に比べて多型が無いことから、過去における遺伝的浮動が作用している可能性を想定した。マイクロサテライト解析でも、琵琶湖の集団の遺伝的多様性 (遺伝子多様度を示すヘテロ接合度 $H_s = 0.621$, 対立遺伝子の多様度を示す $AR = 4.195$) は海岸 ($H_s = 0.825$, $AR = 8.941$) に比べて有意に低く、過去に海から琵琶湖に祖先集団が移入して現在に至る間に、創始者効果と遺伝的浮動によって多様性が減じたと考えられた。STRUCTURE 解析では、琵琶湖の個体と海岸の個体が明瞭に区別され ($K=2$)、遺伝的な分化が支持された (図 1)。STRUCTURE 解析や系統解析から、琵琶湖と海岸の集団が遺伝的に分化しており、この種の琵琶湖集団は海岸から陸封、隔離された系統であることが強く支持された (図 2)。葉緑体 DNA ハプロタイプならびにマイクロサテライト解析を行った結果、琵琶湖の集団は海岸に比べて遺伝的多様性が有意に低かった。琵琶湖のハマエンドウは、祖先集団が琵琶湖に移入した際に創始者効果を受けるとともに、遺伝的浮動の効果によって遺伝的多様性が減じるとともに分化が促進されたものと考えられた。

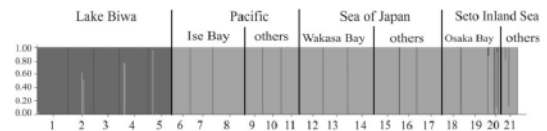


図 1 6 座を用いた STRUCTURE 解析の結果

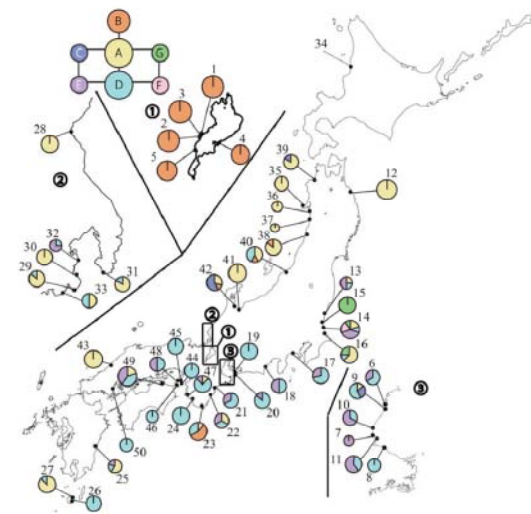


図 2 ハマエンドウのハプロタイプの分布図

③同じ海浜植物で落葉小低木ハマコウリについても、国内海岸集団と琵琶湖集団の遺伝的分化、琵琶湖集団の遺伝的多様性と遺伝子流動の程度を明らかにした。ハマコウリでは、葉緑体 DNA では琵琶湖と海岸の個体間でハプロタイプ^①の相違を見いだすことが出来なかったため、マイクロサテライト解析のみを行った。琵琶湖の集団の遺伝的多様性は海岸に比べて有意に低く、K=2 で琵琶湖と海岸で遺伝的分化を起こしていた。本種は琵琶湖では東岸に 3 集団が残存するのみとなっており、絶滅が危惧されている。海岸と琵琶湖岸の 16 集団から計 425 個体を採集し、核 DNA の SSR マーカー 6 遺伝子座を新たに開発して STRUCTURE 解析と集団間系統樹による解析を行った結果、琵琶湖のハマコウリ集団は海岸集団から長期間隔離されることによる影響を受け、遺伝的に海岸集団とは異質であることが明らかになった。また、琵琶湖集団の遺伝的多様度は海岸集団よりも有意に低く、琵琶湖の祖先集団が創始者効果の影響を受けたと考えられた。一方、3 世代程度の期間におけるボトルネック効果は検出されなかったことから、琵琶湖集団は現存個体数が少ないながら比較的長期間にわたって遺伝的多様性が低いままで安定していることが推測された。さらに、琵琶湖集団の集団間分化の程度は海岸集団間よりも極めて大きく、琵琶湖の現存集団はそれぞれ遺伝的に孤立していることが示唆された。これら 2 種の海浜植物は、琵琶湖に祖先集団が移入した際に創始者効果を受けるとともに、遺伝的浮動の効果によって遺伝的多様性が減じるとともに分化が促進されたものと考えられる。このことは最近 100 年間における水位操作により自生地の冠水規模や頻度が激減したことで果実が水散布される機会が失われていること等に起因すると考えられた。これらのことから、琵琶湖集団は保護施策をとることが必要であるとされる。

(2) 数理解析

① 汎濫原植物のウツクシは環境省レッドリストの準絶滅危惧種、滋賀県版 RDB でその他重要種である。琵琶湖の湖辺域には 2008 年に 17 地域、47 集団、1685 パッチであった。2012 年にこれらのモニタリングを行ったところ横ばいの推移であった。しかし、5 座のマイクロサテライトマーカーによる集団のクローン多様度は低く、有性繁殖や実生発生の状況等から、ジェネット数は株数よりかなり少ないことが示唆された。琵琶湖淀川水系に集中して出現する植物であり、洪水の抑制による世代更新の阻害や生育環境の脆弱性を加味した絶滅確率の評価が必要である。

② 汎濫原植物のオナロコグサは環境省レッドリストではランク外、滋賀県版 RDB でその他重要種、しかし近畿地方版では絶滅危惧種 A である。琵琶湖の湖辺域には 2008 年以後現在も 7 地域、9 集団、13 パッチのみが残存している。2012 年のモニタリングでは生育面積が減少傾向にあった。4 座のマイクロサテライトマーカーによる集団のクローン多様度は極めて低く、各集団の結実率、ジェネット数も極めて少なかった。琵琶湖に隔離分布する寒冷地性の植物遺存型である可能性が高いことから、集団の遺伝的多様性だけでなく、遺伝系統からの絶滅確率の評価も必要と考えられた。

③ ハマエトウリは当初環境省レッドリストではランク外、滋賀県版 RDB で絶滅危惧種であった。琵琶湖の湖辺域には 2008 年以後現在も 3 地域、4 集団、8 パッチしか確認されていない。2012 年にこれらのモニタリングを行ったところ、保護活動の影響もあり、生育面積は増加傾向にあった。ハマコウリも環境省レッドリストではランク外、滋賀県版 RDB で絶滅危惧増大種である。琵琶湖の湖辺域には 2008 年以後現在も 3 地域、12 集団、26 パッチしか確認されていない。2012 年のモニタリングでは、地元住民等により生育環境は安定に保たれていた。しかし、この 2 種については、系統解析から琵琶湖地域のものが海岸のものとは別系統であること、遺伝的多様性が低く危機的状態が続いていることから、モニタリングを継続し遺伝情報を加味した絶滅確率の試算を進める必要がある。

④ マイクロサテライト解析の結果からは 4 種いずれの種も集団内の遺伝的多様性が低く、ジェネット数は株数よりかなり少ないことが明らかになった。クローン植物における絶滅確率推定の準備としては、遺伝的多様性と絶滅確率の関係において重要な病気の伝播モデルに関する基礎的研究を行った。

⑤ 琵琶湖湖辺域に生育する絶滅危惧種の多年生草本および低木種の約 20 種について、分布確認地点の位置情報および生息量を整理し、GIS データ化を完了した。また、集団動態推定に必要な不足情報とその調査方法等を明らかにするため、各植物種の生活史や繁殖生態に関する文献調査を行い、資料収集を行った。ウツクシ 28 編、オナロコグサ 72 編、ハマエトウリ 93 編、ハマコウリ 59 編、オオマルバノボコシ 5 編、コハノカメヅル 10 編、オギノツメ 19 編、クノアシ 41 編、オボクサ 6 編、ノグサ 20 編、ヤギノササ 8 編、ミツガシラ 64 編、全 425 編の文献を収集し、文献中の生活史や繁殖生態等に関するデータを整理して入力を行った。それらのデータを基にモンテカルロ法を用いたシミュレーションプログラムを作成し、プログラムの妥当性を検証した結果、文献収集によるデータに不十分な点が検出され、さらに補充すべきデータが示された。

⑥ 初期にモンテカルロ法を用いたシミュレーションプログラムが開発されたが、そのモデルには集団の遺伝的

組成が組み込まれていないため、絶滅危惧集団の遺伝的多様性の欠如が集団の絶滅を加速させる効果を評価できなかった。そこで、シーケンサーを用いて核DNAの遺伝子型を数個の遺伝子座について決定した情報を用いるシミュレーションプログラムを開発した。このプログラムは(図3)、①個体別遺伝的組成(一般に n 遺伝子座 m 対立遺伝子をもつ集団)の情報および生育段階別の生存率・推移率・繁殖率に関する情報をもとに、② Ritland (1996, 2000)の方法を用いて繁殖個体の近縁係数を算出し、③繁殖個体によって生産される種子数への近交弱勢による減少を見積もり、④従来の推移行列モデルではなく、Individual based model による個体群の生育段階別の推移・死亡・参入個体数を計算し、⑤集団の増加率を計算する試行を三千回行うことによって、絶滅確率を求めるものである。このプログラムは、繁殖率が群落の遺伝的組成に応じて変化する構造を持つ数理モデルであるため、このプログラムを用いたコンピュータシミュレーションから集団の遺伝構造と個体群存続可能性の関係を定量的に検証することが可能となった。

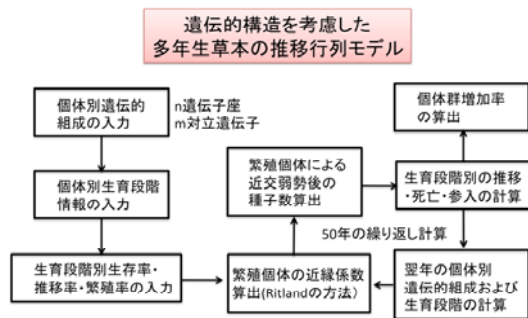


図3 遺伝情報を組み込んだプログラムの構造

5. 主な発表論文等

(研究代表者、研究分担者及び連携研究者には下線)

[雑誌論文] (計 13 件)

- (1) Ohtsuki, T., Ikeda, H., Setoguchi, H. Recent colonization of a coastal plant into inland populations at an ancient freshwater lake, Lake Biwa: multi-locus sequencing and a demographic history of *Lathyrus japonicus* (Fabaceae). Ecology and Evolution (Accepted) 査読有.
- (2) Kaneko, Y. and T. Takada. Pair-wise factor analyses of demographic

processes, vital rates, and life stages driving a spatio-temporal variation in population dynamics of the riparian tree *Aesculus turbinata* Blume. Population Ecology (Accepted) 査読有.

- (3) Oizumi, R., Takada, T. 2013. Optimal life schedule with stochastic growth in age-size structured models: Theory and an application. Journal of Theoretical Biology 323: 76-89. 査読有. DOI:10.1016/j.jtbi.2013.01.020
- (4) Nakagawa M., T. Ohkawa, Y. Kaneko. 2012. Flow cytometric assessment of cytotype distributions within local populations of *Phragmites australis* (Poaceae) around Lake Biwa, the largest lake in Japan. Plant Species Biology 28(1): 94-100. 査読有. DOI: 10.1111/j.1442-1984.2012.00370.x.
- (5) Kaneko Y., C. L. Lian, S. Watanabe, K. Shimatani, N. Noma. 2012. Development of microsatellites in *Machilus thunbergii* (Lauraceae), a warm-temperate coastal tree species in Japan. American Journal of Botany 99 (7): e265-e267. 査読有. DOI: 10.3732/ajb.1100560
- (6) 金子有子 (10名1番目). 2012. 湖岸生態系の保全・修復および管理に関する研究-湖岸地形と生物からみた琵琶湖岸の現状と変遷および保全の方向性-. 滋賀県琵琶湖環境科学研究センター試験研究報告第7号: 113-149. 査読無.
http://www.lberi.jp/root/jp/31kankou/3113kenkyureport/01_22/22_06.pdf
- (7) Kohyama, T., Takada, T. 2012. One-sided competition for light promotes coexistence of forest trees that share the same adult height. Journal of ecology 100: 1501-1511. 査読有. DOI: 10.1111/j.1365-2745.2012.02029.x
- (8) Ohtsuki, T., Kaneko, Y., Setoguchi, H. 2011. Isolated history of the coastal plant *Lathyrus japonicus* (Leguminosae) in Lake Biwa, an ancient freshwater lake. AOB Plants. plr021: 1-17. 査読有. DOI:10.1093/aobpla/plr021

- (9) Ohtsuki, T., Kaneko, Y., Mitsui, Y., Setoguchi, H. 2011. Isolation and characterisation of microsatellite loci in the beach pea, *Lathyrus japonicus*. American Journal of Botany e375-e377. 査読有.
DOI:10.3732/ajb.1100268
- (10) Setoguchi, H. 2010. Geographical differentiation in leaf thickness in the coastal plant *Calystegia soldanella* (Convolvulaceae): a comparison between coastal and freshwater lakeshore populations. Journal of Phytogeography and Taxonomy 57: 89-93. 査読有.
- (11) Setoguchi, H. 2010. Leaf blade thickness differentiation between coastal and freshwater populations of the coastal plant *Vitex rotundifolia* (Verbenaceae). Bulletin of the National Science Museum of Nature and Science Series B 36: 39-42. 査読有.
- (12) Noda, A., Setoguchi, H. 2009. Isolation and characterisation of microsatellite loci in *Calystegia soldanella* (Convolvulaceae), an endangered coastal plant isolated in Lake Biwa, Japan. Conservation Genetics 10: 1077-1079. 査読有.

[学会発表] (計8件)

- (1) 大槻達郎・村井良徳・岩科司・瀬戸口浩彰. 琵琶湖岸に陸封されたハマエンドウの形態的・生理的分化の検証. 日本植物分類学会第11回大会, 2012年3月22日-25日, 大阪学院大学.
- (2) Ohtsuki, T., Ikeda, H., Setoguchi, H. 2012. Recent colonization of a coastal plant into inland habitats at an ancient freshwater lake, Lake Biwa. Evolution Ottawa (1st Joint Congress on Evolutionary Biology). 2012. July 6-10, Ottawa, Canada.
- (3) Watanabe, S., Y. Kaneko, Y. Maesako, N. Noma. Effects of habitat fragmentation on population structure and genetic diversity of *Machilus thunbergii*. The 5th EAFFES International Congress. 2012. 3. 16. 龍谷大学.

- (4) 瀬戸口浩彰・金子有子. 海岸と琵琶湖岸に生育するハマエンドウの分子系統地理. 日本植物分類学会大会. 2010年3月26日. 愛知教育大学.
- (5) 高田壮則. コントラクトモデルを用いたクローナル植物における病原菌伝搬モデル. 日本生態学会大会. 2010年3月16日. 東京大学.

[図書] (計9件)

- (1) Fujii, S., Y. Kaneko. Springer. Lake Biwa: Interactions between Nature and People. 2012. 61-69.
- (2) 金子有子 (5名1番目). 滋賀県琵琶湖環境科学研究センター. 琵琶湖岸の環境変遷カルテ. 2011. 47頁
- (3) 金子有子. 滋賀県琵琶湖環境科学研究センター. 琵琶湖湖辺域の貴重植物と外来植物. 2010. 52頁
- (4) 金子有子. サンライズ出版、とりもどせ! 琵琶湖淀川原風景-琵琶湖・淀川の生物多様性保全に向けて-. 2009. 31-48.

[その他]

滋賀県琵琶湖環境科学研究センターHPにおいて、琵琶湖湖辺域の希少植物等生物多様性保全に関わる研究成果や情報を発信している。

<http://www.lberi.jp/root/jp/31kankou/3112news/biwakomirai/biwakomirai19.pdf> 等

6. 研究組織

(1) 研究代表者

金子 有子 (KANEKO YUKO)

滋賀県琵琶湖環境科学研究センター・総合解析部門・専門研究員
研究者番号: 90280817

(2) 研究分担者

瀬戸口 浩彰 (SETOGUCHI HIROAKI)

京都大学・大学院人間・環境学研究科・教授
研究者番号: 70206647

(3) 研究分担者

高田 壮則 (TAKADA TAKENORI)

北海道大学・大学院地球環境科学研究所・教授
研究者番号: 802067558