ワークショップ21世紀の生物多様性研究（通算第15回）

加速するGBIFデータの利活用

2020年12月5日（土）

13:00〜14:40

オンライン開催

要旨集

GBIF.org

主　催：国立科学博物館／東京大学大学院総合文化研究科

後　援：国立遺伝学研究所

連絡先：s-net_info@kahaku.go.jp

http://www.gbif.jp/v2/activities/workshop_2020.html

はじめに

今年はCOVID-19の世界的流行によって、生活様式が大幅に変わりました。対面式の会合が中止・延期となり、さまざまなオンラインツールを利用した会合になりました。コペンハーゲンにあるGBIF（地球規模生物多様性情報機構）の事務局も3ヶ月近くの閉鎖を余儀なくされ、その後もリモートワークを中心とした活動になっています。しかし、会合のオンライン化は、必ずしもマイナスばかりではありません。移動が少ない分、いろいろな人を演者に呼べますし、参加も容易です。

この機会を利用し、例年国立科学博物館講堂で開催している本ワークショップも、初めてオンラインで開催することとしました。そして、内容もGBIFデータの利活用を具体的に示したものにしてみました。

GBIFは、いまや16億件を超えるデータを世界に提供しています。利用者は、オンラインでこのデータをいつでも利用できます。本ワークショップでは、このデータを利用して論文の出版にむすびつけた実例を紹介しながら、データの追跡がどのようになされているかを紹介し、さらにGBIFや関連サイトからのデータの利用を考えます。

プログラム

時　間	演　題	講演者（敬称略）	所　属
13:00～13:10	開会あいさつ	細矢　剛	国立科学博物館
13:10～13:25	GBIF データを利用した 日本のきのこ固有種の探索	細矢　剛	国立科学博物館
13:25～13:45	分子データと GBIF データから紐解く 植物の分布変遷プロセス	池田　啓	岡山大学
13:45～14:05	GBIF データを用いて地球規模の 生物多様性損失への対応策を検討する	大橋　春香	森林研究・整備機構 森林総合研究所
14:05～14:10	休　憩		
14:10～14:30	総合討論・質問	細矢　剛	国立科学博物館
14:30～14:40	閉会あいさつ	伊藤　元己	東京大学

GBIFデータを利用した日本のきのこ固有種の探索

細矢　剛（国立科学博物館植物研究部）

生物多様性を考える上でもっとも基盤となるのは、与えられた地域における出現生物名を枚挙したインベントリーである。菌類においては日本産菌類の全種リストが出版されており（勝本2010）、その後の継続調査（http://www.mycology-jp.org/~msj7/WL_information_J/List-Japan.html、2020年11月確認）もなされている。保全生物学的な興味とニーズの上で絶滅危惧種、移入種と並んで重要と考えられるものに、固有種がある。固有種は、「与えられた地域（多くは国）にのみ分布する種」であり、固有の遺伝的集団であることや、その地域における絶滅が直接種の絶滅に結びつくことなどから保全生物学上の重要な生態群である。ホットスポットを定義するための重要要件でもある（Myers et al. 2000）。日本の固有種については、すでに植物（維管束植物・蘚苔類）ではリストが作成されている（加藤・海老原 2011）。しかし、菌類の固有性についての情報は散逸しており、現在のところリストは存在しない。そこで、GBIF；http://www.gbif.org/、http://www.gbif.jp/v2/の分布情報を活用して日本固有性を評価し暫定的な日本固有菌類リストを作成した。

図1　GBIFデータを利用した固有種の判定

まず、日本のきのこを調べる上での基盤的文献となる保育社の図鑑（今関・本郷1987, 1989）に掲載されている3,928種について、日本固有性が明記されていたもの（固有）181種をリストアップし、これらの種についてGBIFで分布地を検索した。産出国で海外からの報告が認められた場合、その根拠となる「Locality（地域）」の有無も重ねて調査した。なお、本調査ではその信憑性はいくぶん低くなるものの、分布地が外国であるものについては詳細なLocalityがない場合でも日本固有性に対する疑義が呈されるものと判断した。その結果、181種のうち109種については日本固有性に疑義が呈された。一方、海外からの記録がない33種、産出国が不明であった8種、GBIFデータの検索でヒットしなかった25種、GBIFにデータがなかった6種からなる72種については、非固有性が否定できなかったため、これらは固有種としてリストされるべきと考えた。

このような方法は、固有性が記述されていない種についても、同様の方法は適用できる（日本固有植物と結びついた種、小笠原産出種など）。1点の標本・観察情報であっても、使い方によっては、大きな情報になることが示された（細矢ら2015）。

・細矢剛・埋橋志穂美・保坂健太郎・工藤伸一（2016）日本産固有菌類目録の作成に向けて～生物多様性データベースを利用した日本固有のきのこリスト作成の試み～日本菌学会報57: 77-84.
・今関六也・本郷次雄（1987）原色日本新菌類図鑑（I）. 保育社, 大阪. 325 pp
・今関六也・本郷次雄（1989）原色日本新菌類図鑑（II）. 保育社, 大阪. 315 pp
・加藤雅啓・海老原淳（2011）日本の固有植物. 国立科学博物館叢書. 東海大学出版会, 神奈川
・勝本謙（2010）日本菌類集覧. 日本菌学会関東支部. 千葉　1177 pp
・Myers N, Mittermeier RA, Mittermeier CG, Da Fonseca GA, Kent J（2000）Biodiversity hotspots for conservation priorities. Nature 403: 853-858

評価	数
固有種ではない	109
国内のLocalityが明確	47
国内のLocalityが空欄（不明）	62
非固有性の証拠がない（固有種の可能性がある）	41
外国からのRecordがない	33
外国からのRecordが不明	8
検証不可	31
GBIFでの検索でヒットしない	25
GBIFでの検索不可（情報なし）	6
Total	181

図2　検討結果のカテゴリーごとの種数

分子データとGBIFデータから紐解く植物の分布変遷プロセス

池田　啓（岡山大学資源植物科学研究所）

生物が地球上のどこに見られるかは地球環境の変動に伴い大きく変化する。特に、現在、地球上で見られる生物は、今から約10万年前に始まった最終氷期における気候の寒冷化とそれ以降（後氷期）の温暖化による影響を強く受けることで、現在の分布を形成してきた。

こうした気候変動に伴う生物の分布変遷は、それぞれの種がもつ遺伝的多様性や遺伝的変異の地理的な分布パターンにも大きな影響を与える。そのため、DNAに刻まれた進化の歴史を紐解くことで、生物の分布がどのようなプロセスで変遷してきたかを推定することができる。こうした研究は系統地理学（Phylogeography）と呼ばれ、遺伝的変異を解析する技術の向上に伴い、様々な生物における分布変遷のプロセスを推定する成果を上げてきた。

その一方で、気候変動に伴う生物の分布変遷はDNA解析以外の方法によっても推定することができる。たとえば、現在の生育地における環境（主に気温、降水量など）をもとに、それぞれの種が生育に適した環境（ニッチ）を推定する生態ニッチモデリング（Ecological Niche Modeling; ENM）はその一例である。特に、現在の気候モデルだけでなく、過去や将来の気候モデルを用いることで、対象とする生物の生育に適した場所（分布適地）が気候変動に伴いどのように変遷してきたかや将来予測される分布パターンの変化を推定することができる。こうした方法は、分子データに基づく系統地理学とは異なるデータをもとに生物の分布変遷プロセスを推定することを可能にする。

ENMによる分布推定を効果的に行うには、対象とする種の分布情報を、分布域を網羅して正確に入手することが肝要である。しかし、研究者自身が対象とする生物の生育地を網羅的に確認することが常にできるとは限らない。特に、国外に広い分布をもつ生物を含め、個体群へのアクセスが困難な場所に生育する生物の分布

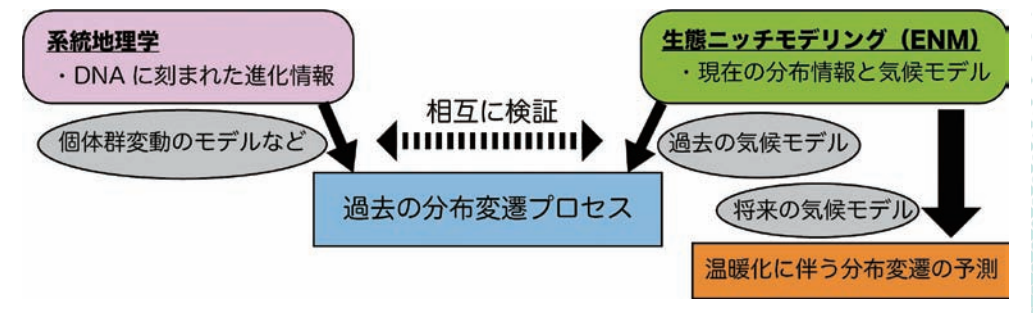


図1　生物の分布変遷プロセスを推定する2つのアプローチ

を自らの調査で把握することは容易ではない。したがって、GBIFに蓄積された地球規模における生物の分布情報は、生物の分布情報を把握し、生物の分布がどのように変遷するかを科学的に理解するための貴重なデータと言える。

本講演では、北太平洋地域に広く分布する高山植物の分布変遷プロセスに関する研究を紹介する。特に、分子データに基づく系統地理学的な推定とGBIFの情報を利用したENMによる推定を総合的に踏まえることで、高山植物の分布形成プロセスにおける新しい視点を与えた成果を紹介する。

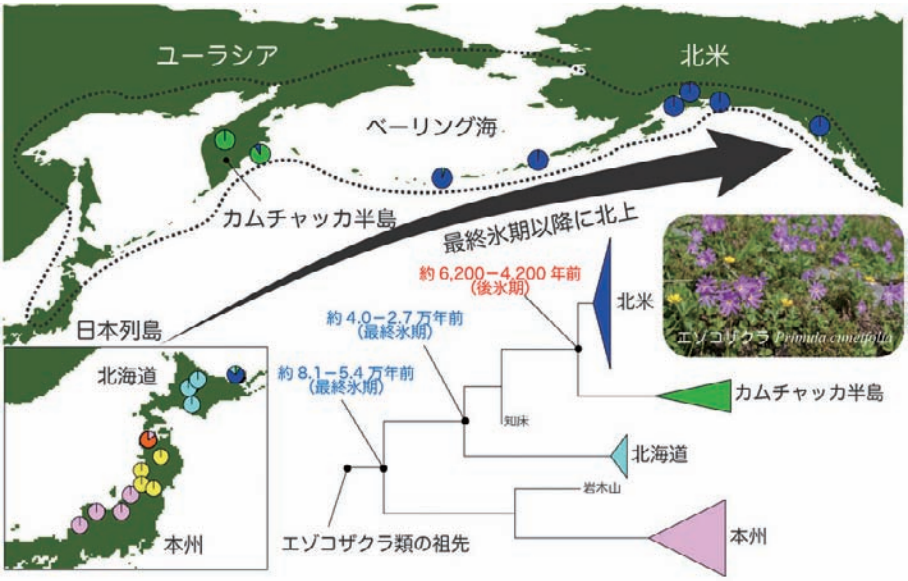


図2　最終氷期以降に日本列島から北上したエゾコザクラ類

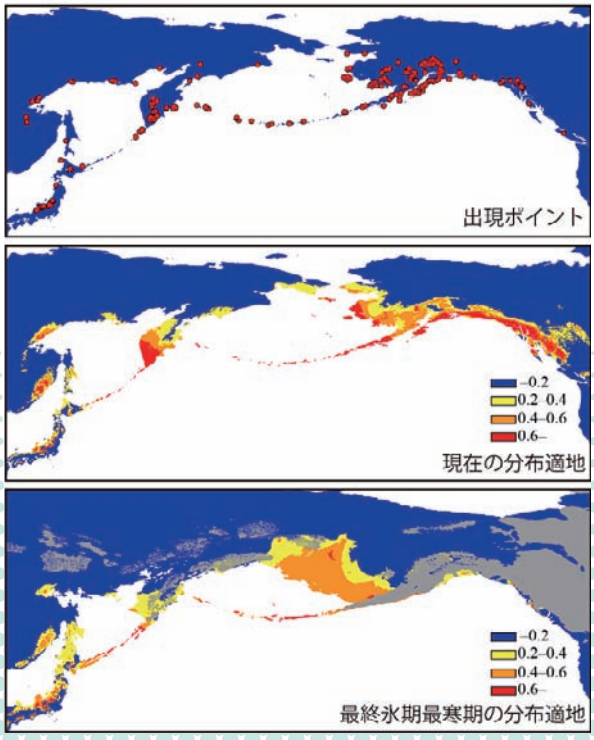


図3　ENMによるエゾコザクラ類の分布適地の推定

GBIFデータを用いて地球規模の生物多様性損失への対応策を検討する

大橋春香（森林研究・整備機構森林総合研究所）

生物多様性は、人類が生存するために欠かせない様々な恩恵をもたらしている。その一方で、世界規模で見ると、過去100年間の人間活動により、生物多様性は歴史上例がないほど急激に失われてきた。今後、世界人口の増加に伴い、人が資源を生産するために利用する土地面積は増大し、生物多様性をさらに脅かす危険性があると考えられている。このような背景から、将来の自然環境・社会環境の変化が生物多様性にどのような影響を及ぼすかを予測・評価し、その損失を最小化するために可能な行動や政策を探求するうえで、地球規模でのモデリングやシナリオ分析の重要性が高まっている。2020年11月11日現在、GBIFのデータベースには140カ国2,071機関から16億件を超えるデータが登録され、生物多様性情報のデータベースとしては世界最大規模となっており、地球規模での生物多様性モデリングを行ううえでも重要な基盤情報として活用されつつある。

本講演では、①GBIFのデータベースに登録された情報を用いて地球規模生物多様性モデルAIM-Biodiversityを構築し、将来の気候変動と、温室効果ガス排出削減策がもたらす土地改変の双方を考慮した場合の、排出削減策「あり」と「なし」それぞれの場合における生物多様性の損失の程度を比較・評価した事例（Ohashi et al. 2019）を紹介する。その後、②AIM-Biodiversityを含む複数のモデル開発グループの共同研究により、自然保護・再生と食料システムの変革に向けた様々な取り組みが、世界の生物多様性に与える影響を分析した事例（Leclère et al. 2020）についても紹介を行う。本講演では、モデルを開発するうえで、実際にGBIFのデータをどのように利用したか、GBIFデータベースの利点は何か、といった話題を含めて話題を提供したい。

- Ohashi, H., Hasegawa, T., Hirata, A. et al. Biodiversity can benefit from climate stabilization despite adverse side effects of land-based mitigation. Nat Commun 10, 5240 (2019). https://doi.org/10.1038/s41467-019-13241-y
- Leclère, D., Obersteiner, M., Barrett, M. et al. Bending the curve of terrestrial biodiversity needs an integrated strategy. Nature 585, 551–556 (2020). https://doi.org/10.1038/s41586-020-2705-y

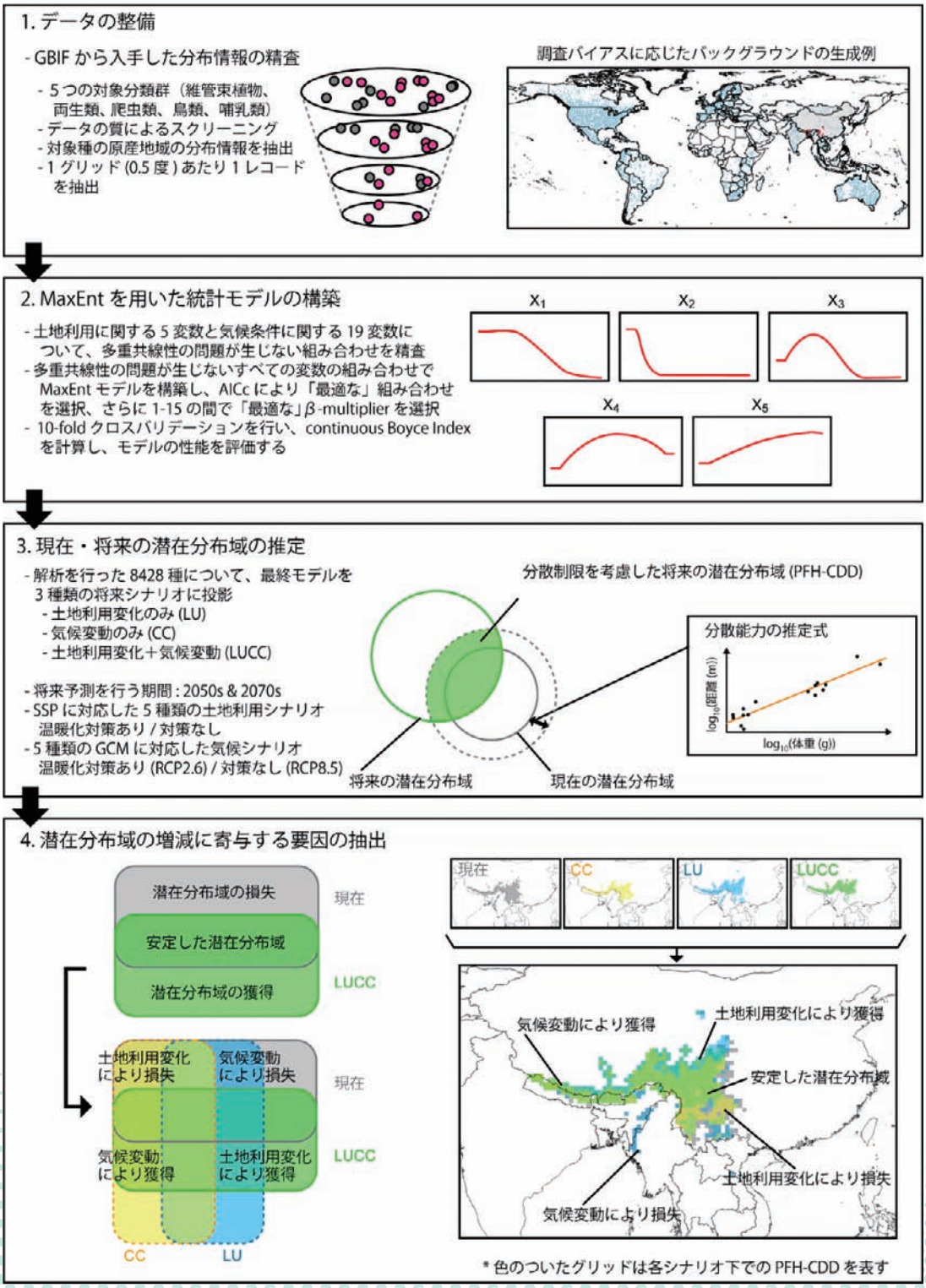


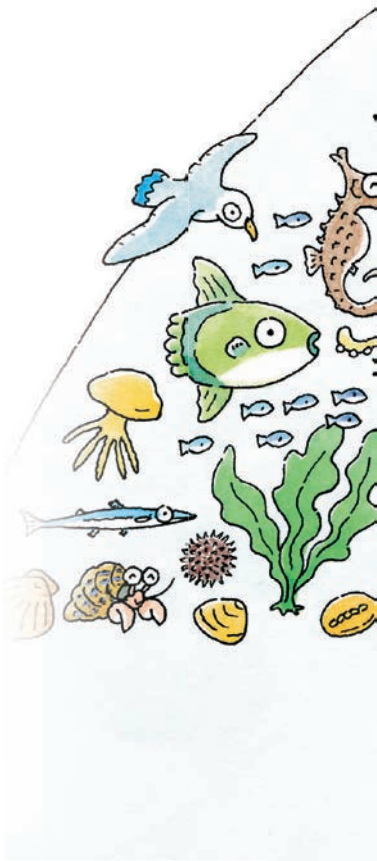
図1　GBIF データを用いた地球規模生物多様性モデル AIM-Biodiversity の構築と将来シミュレーションのフロー（Ohashi et al. 2019 より改変）

GBIF日本ノード（JBIF）の活動

GBIF（地球規模生物多様性情報機構、http://www.gbif.org）はインターネットを介して、世界の生物多様性情報を共有し、誰でも自由に利用できる仕組みをつくっています。その日本ノード（JBIF、http://www.gbif.jp/v2）は協力機関から収集された生物多様性情報データを国内およびGBIFで公開し、国内での普及活動を行っています。日本での活動は、日本ノード運営委員会によって運営され、主にナショナルバイオリソースプロジェクト（NBRP）によって支えられています。日本からは国立遺伝学研究所および国立科学博物館からGBIFにデータが提供されています。

国立科学博物館では、全国の博物館・研究機関から標本情報の提供を受け、GBIFおよびS-Net（サイエンスミュージアムネット、http://science-net.kahaku.go.jp）を通じて国内外に発信しています。S-Netは国立科学博物館が運営する情報ポータルサイトで、国内の自然史標本情報や自然史系の研究員・学芸員の情報を検索できます。

国立遺伝学研究所では、東京大学伊藤元己教授の研究室と協力し、大学や各種研究機関・プロジェクト研究の成果・印刷物などに公表されている既存の生物多様性情報を整備することで、GBIFに情報を公開しています。



地球規模生物多様性情報機構（GBIF, http://www.gbif.org）
地球規模生物多様性情報機構日本ノード（JBIF, http://www.gbif.jp/v2）
サイエンスミュージアムネット（S-Net, http://science-net.kahaku.go.jp）

これまでに開催した「21世紀の生物多様性研究ワークショップ」のプログラムや資料はJBIFのサイトでご覧いただけます。
http://www.gbif.jp/v2/activities/index.html