

N°10

Science Review

サイエンスレビュー

GBIF事務局

序 文



JOE MILLER
GBIF事務局長

GBIFサイエンスレビューの第10号へようこそ！

この冊子には、GBIFを活用した最近の研究要約50本が新たに掲載されています。GBIFネットワークのデータを利用した査読付き論文は毎日5本ほど発表されており、あなたも私たちのコミュニケーション・チームも、これまで以上に幅広い事例を検討し、探求することができます。

サイエンスレビューNo.10では、GBIFを介したデータが最も頻繁に利用されるケースの一つである侵略的外来種 (IAS) の研究についても特集を組んでいます。今年、IPBESのIASに関するテーマ別評価が発表されるのに伴って、GBIFコミュニティは、侵略的外来種に関する新しいタスクグループを含め、特定されたデータギャップを埋めるための作業を調整する予定です。

最新のGBIF対応研究を知りたい方は、[GBIF.org/data-use](https://www.gbif.org/data-use)をご覧ください。

「サイエンスレビュー」について



DANIEL NOESGAARD

サイエンスコミュニケーション
コーディネーター

注意深い読者の皆様なら、本号のタイトルから年号が消えていることにお気づきでしょう。誤解のないように申し上げますと、私たちが毎年新しいコレクションを作成し、毎年のパターン、トレンド、統計をビジュアルに更新していくことに変わりはありません。しかし、取り上げられる論文そのものは、もはやその1年間に発表されたものに限定しません。

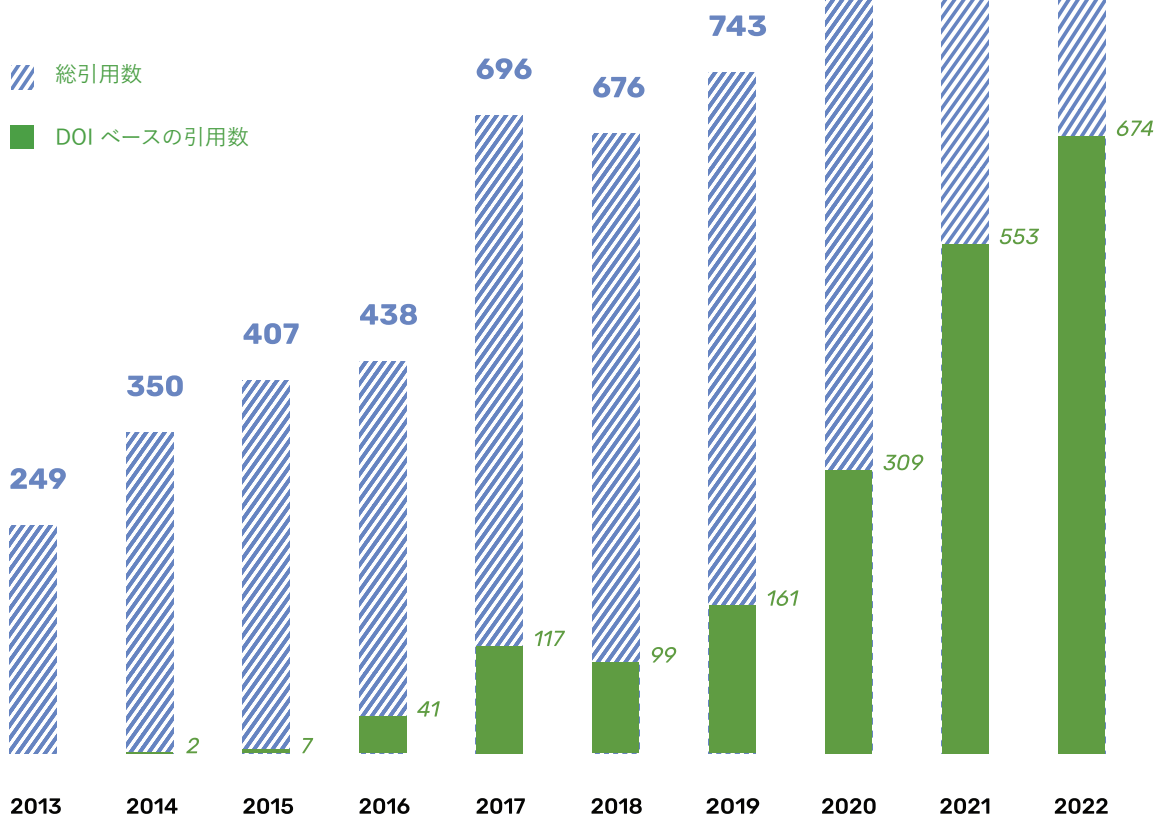
この変更は、各要旨がまずGBIF.orgに掲載されることと、重要な研究をその都度紹介したいという私たちの思いを反映したものです。これ以上、デザインや印刷のスケジュールが暦年で遅れることで、次のScience Reviewをお届けできないことはありません。

引き続きお楽しみください！

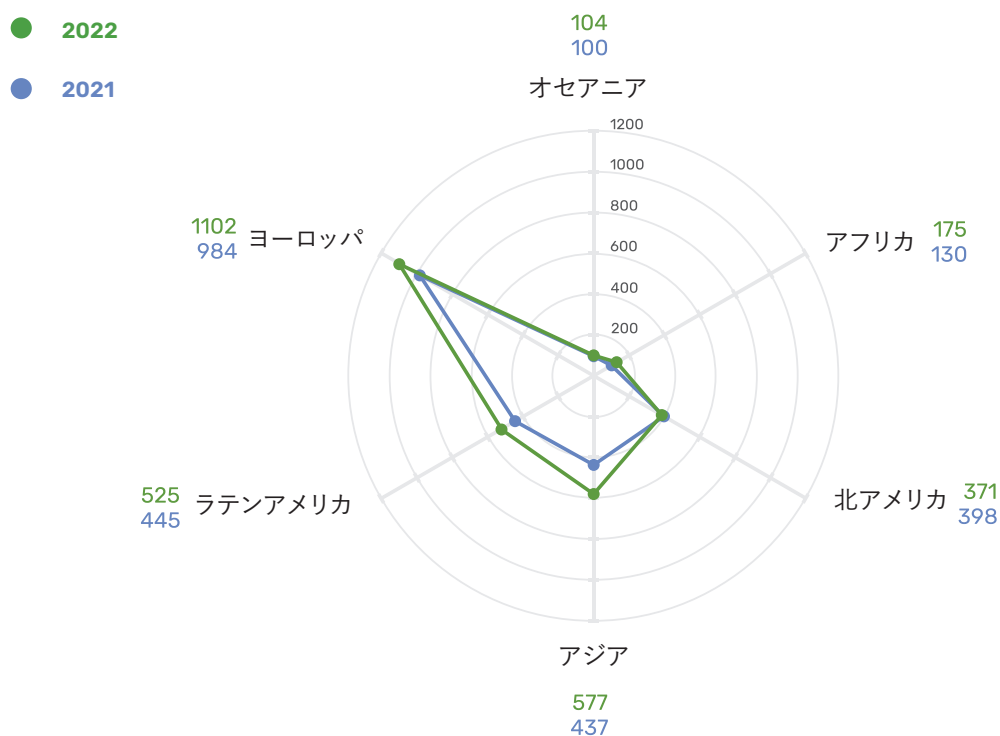
利用例とその傾向

GBIF上で公開しているデータの利用を可視化すると、査読付き論文の数が毎年増加していること以上のことが明らかになりました。下のグラフの重ね表示では、著者らによるDOIに基づく引用の増加が強調されています。これは、データの来歴と科学的な透明性を維持するために重要な取り組みです。右のグラフは、研究者が研究にデータを利用している機関の地理的分布が拡大していることを表しています。それぞれの傾向は、GBIFの影響力の広がりや科学研究へのインパクトを強調しています。

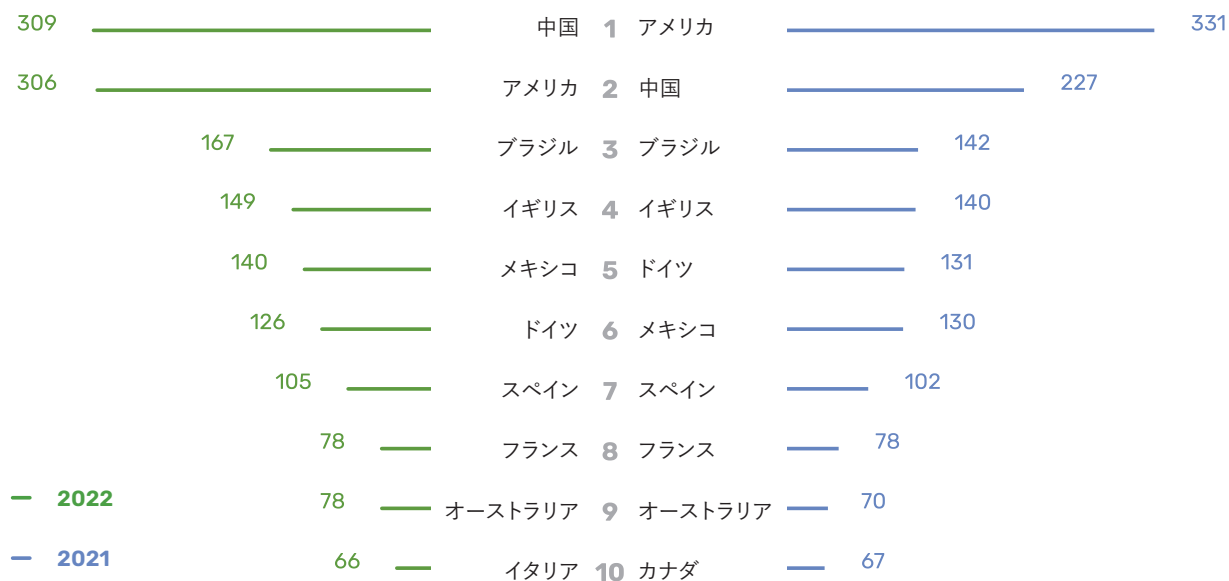
GBIF公開データを使用した年間査読付き論文数



地域別の査読付き論文数



国別の査読付き利用件数

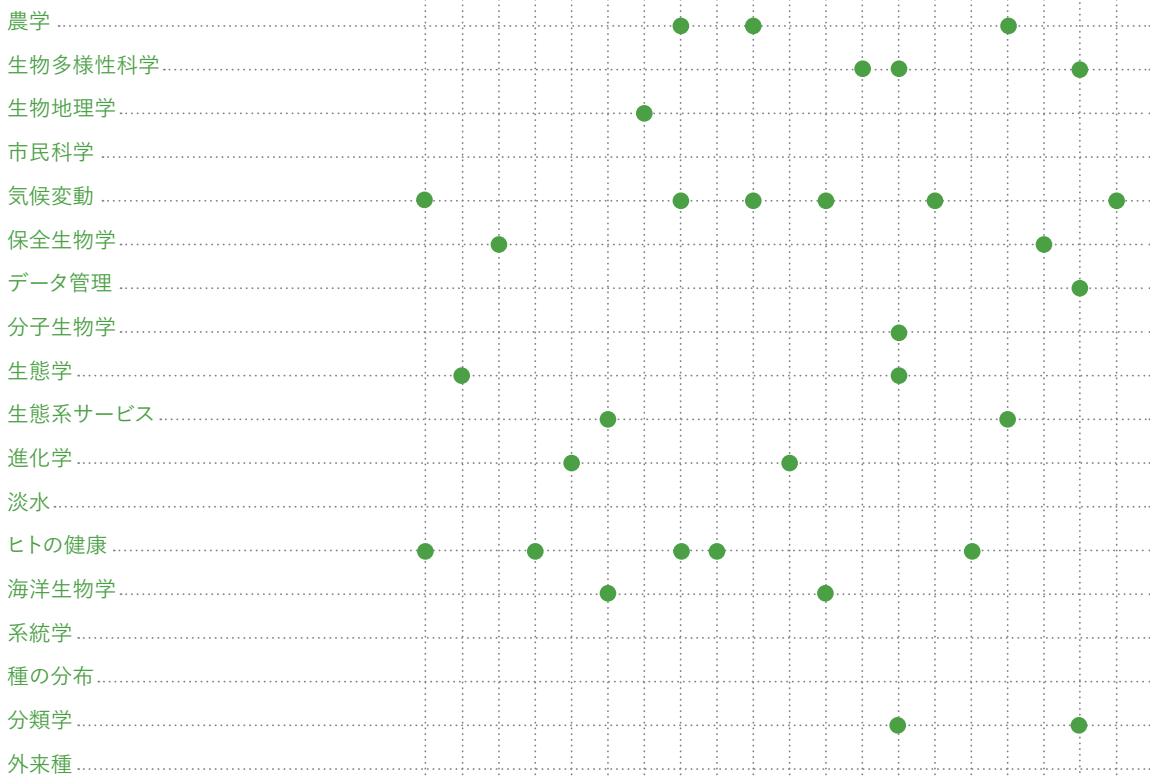


ナビゲーション

要約番号

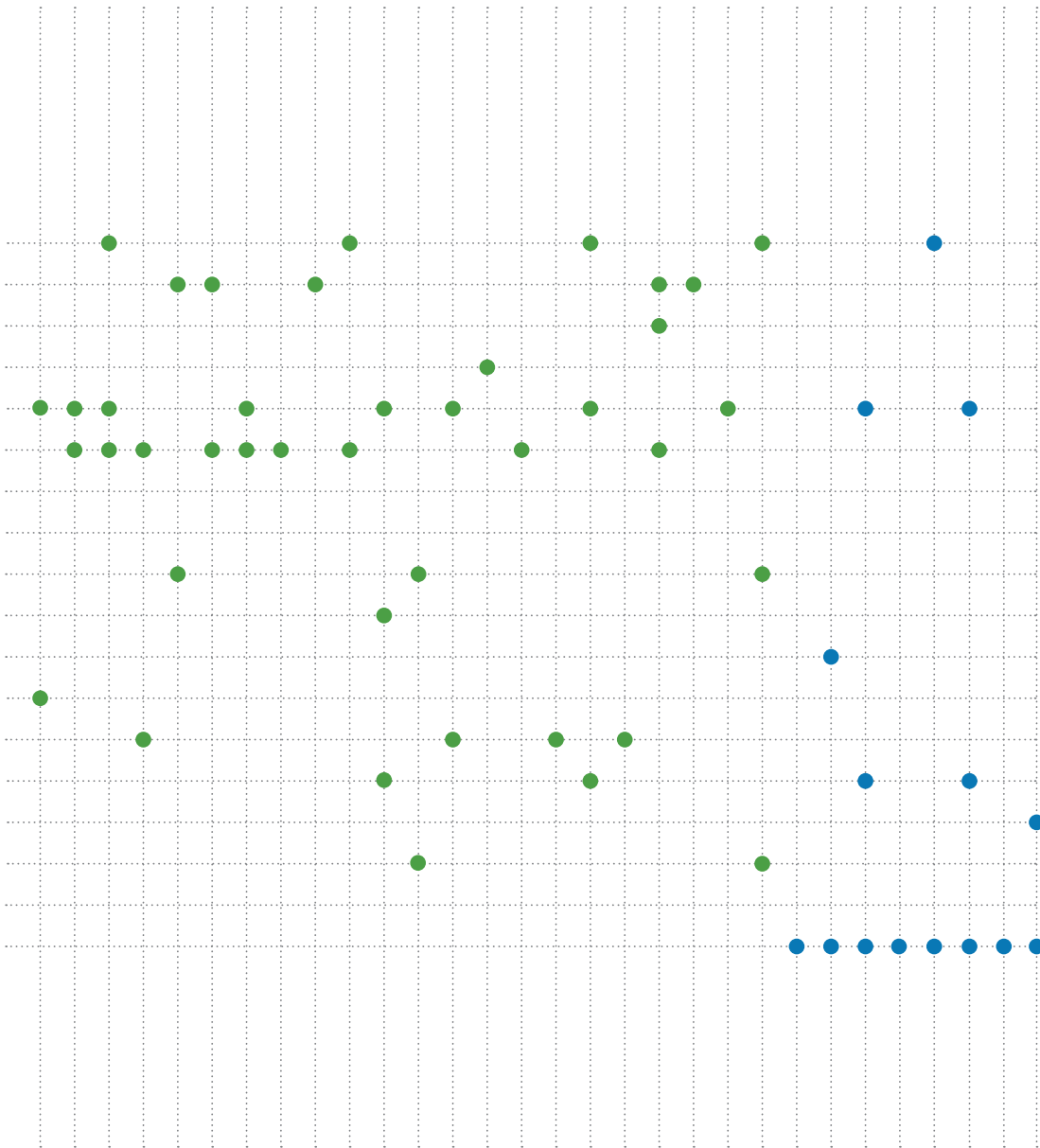


トピック



Page number





気候変動がアルボウイルス媒介ウイルスの 生息域を拡大



Inland floodwater mosquito [*Aedes vexans* (Meigen, 1830)] observed in Osijek, Croatia
by Leomar Iglesias (CC BY-NC 4.0)

健康

気候変動

種のおカレンス
139,910件

過小評価されている疾病保菌者の研究 - 原因ウイルスは、将来の気候条件のもとで、 生息域を大幅に拡大する可能性

アルボウイルスを媒介する蚊は、世界中の何百万人もの人々に深刻な健康被害をもたらしています。ヤブカ属 *Aedes* の生息域は拡大していますが、主にデング熱、チクングニア、ジカウイルスを媒介することで知られるネッタイシマカ *Ae. aegypti* とヒトスジシマカ *Ae. albopictus* に研究が集中しています

この研究では、モロッコの研究者たちが、数種のアルボウイルスを媒介することが確認されている3種のヤブカ属(ヤマトヤブカ *Ae. japonicus*、*Ae. vexans*、*Ae. vittatus*)について、現在および将来の気候条件下での世界分布を調査しました。

主にGBIFを介した種のおカレンスを用いて、19の生物気候変数に基づき、各種の現在の生態学的ニッチを5×5kmの解像度でモデル化しました。さまざまな排出シナリオの代表的濃度経路(RCP)を持つ大循環モデルに基づいて、モデル化された分布を将来の気候条件に投影しました。

ヤマトヤブカ *Ae. japonicus* については、日本、朝鮮半島、中国南部の自生域と、米国東部と西ヨーロッパの大半の非自生域で、高い生息適性が予測されました。*Ae. vexans* 分布も同様でしたが、南米南部での高い適性を含め、より広い範囲に分布していました。一方、*Ae. vittatus* の予測分布は、より低緯度での適性を示し、アフリカ、インド、東南アジア、オーストラリア北部を横断する中南米で最も

高い出現確率を示しました。

将来モデルでは、すべてのRCPシナリオにおいて3種すべての生息域の変化が予測され、低・中位経路では広範な増加が、高・最悪経路ではわずかな減少が観測されました。

2050年までに、ヤマトヤブカ *Ae. japonicus* はヨーロッパ、米国、ロシア、中央アジアの大部分にわたって生息域を拡大し、*Ae. vexans* の生息域にはアフリカ北部とオーストラリア南部も含まれると予測されました。*Ae. vittatus* については、サハラ以南のアフリカと中東での拡大が将来予測に含まれていました。

Outammassine A, Zouhair S and
Loqman S (2021)

Morrocco

Global potential distribution
of three underappreciated
arboviruses vectors (*Aedes
japonicus*, *Aedes vexans* and
Aedes vittatus) under current
and future climate conditions.

Transboundary and Emerging
Diseases

doi.org/10.1111/tbed.14404



地衣類世界分布の環境的・生理的要因



Teloschistes exilis (Mich.) Vain. observed in Texas, USA by Michelle (CC BY 4.0)

生態学

種のおカレンス
11,114件

10,000種以上の地衣類の研究から、真菌の代謝産物の紫外線吸収能力と、湿度の高い環境での溶出耐性が、世界的な分布の形成に役立っていることが明らかに

記載されている11万種の真菌類のうち17%が、主に地衣類トレボウクシア藻綱 *Trebouxiophyceae* またはスミレモ目 *Trentepohliales* に属する緑藻類と共生関係を維持しています。自立した共生関係において、藻類(光生物)は光合成によって真菌類(菌生物)に炭素を供給する一方で、菌生物が生産する化学代謝産物によって紫外線(UV)から保護されます。

この研究では、10,000種以上の地衣類化真菌類を対象に、地衣類物質とその性質がこれらのパターンに果たす役割を評価しながら、トレボウクシア藻およびスミレモ類の共生藻の世界的分布を調査しました。

著者らは、GBIFを介した真菌類とそれに関連する共生藻のおカレンスと、地衣類物質とそれによる特性に関するデータを組み合わせることで、環境、発生確率、代謝産物の化学的特性の間の関係ネットワークをモデル化しました。このモデルから、高緯度では地衣類化したトレボウクシア藻が明らかに優勢な一方、熱帯ではスミレモ系地衣類の出現確率が高いことが明らかになりました。環

境分解ポテンシャルとUV-B放射はともに低緯度で最大値を示しました。

トレボウクシア藻の共生藻出現率は地衣類のおカレンスと正の相関がありますが、地衣類は溶出、つまり溶解の可能性が高くなるにつれて減少していました。さらに、トレボウクシア藻の本体はスミレモ目よりもUV-B吸光度が高く、溶解性が低くなっていました。

この研究結果は、地衣類の菌類と藻類の分布を決定する環境的要因が、水の利用可能性や日射量など、地衣類の化学的特性や紫外線防御特性によって調節されていることを示唆しています。

Schweiger AH, Ullmann GM, Nürk NM, Triebel D, Schobert R and Rambold G (2021)

Germany

Chemical properties of key metabolites determine the global distribution of lichens.

Ecology Letters

doi.org/10.1111/ele.13930



保護区の縮小は、景観の分断と潜在的な生物多様性の損失を激化させる



Paraná pine (EN) (*Araucaria angustifolia* (Bertol.) Kuntze) observed in Campo Largo, PR, Brazil by Carlos Ferreira (CC BY-NC 4.0)

保全生物学

📍 ブラジル

ブラジル南部の大規模な保護区の縮小を提案する法律案の影響を評価する研究により、分断化が進み、絶滅危惧種に対するリスクが増大していることが判明

本研究の目的は、誤った政策が自然保護活動に与えるダメージを明らかにすることです。本研究では、デヴォニア急斜面環境保護地域 (DEEPA) の縮小を提案した法律案の影響を評価しました。ブラジル南部のパラナ州にあるこの地域は、大西洋岸森林とブラジル・サバンナ (セラード) の2つのバイオームを持ち、固有種が豊富で多様性の高い土地です。

提案された法案が承認されれば、現在DEEPAで保護されている面積は68%以上減少します。この地域内の自然植生の残りについては、保護下に残るのは36%に過ぎず、保護される断片間の平均距離は27%増加します。

この地域の分析においてGBIFを介したオカレンスを活用したことで、著者らは、提案されている保護地域の縮小により、種の保護が70%削減されることを発見しました。絶滅危惧種に分類される種のうち、IUCNのレッドリスト™で現在絶滅危惧種に分類されている51種の保護が、この縮小案によってなくなります。そのうち1種が深刻な危機種 (CR)、19種が危機種 (EN)、31種が危急種 (VU) です。

著者は、国や地球の環境目標とのずれがある場合、経済発展は持続可能な開発と矛盾し、二酸化炭素排出量の増加、生物多様性の損失の拡大、生態系サービスの低下につながる可能性があることを本研究のケースは示していると結論づけています。

Conceição EO, Garcia JM, Alves GHZ, Delanira-Santos D, Corbetta D de F, Betiol TCC, Pacifico R, Romagnolo MB, Batista-Silva VF, Bailly D, Ferreira JHD and do Couto EV (2022)

Brazil

The impact of downsizing protected areas: How a misguided policy may enhance landscape fragmentation and biodiversity loss.

Land Use Policy

doi.org/10.1016/j.landusepol.2021.105835



ブラジル南東部の大西洋岸森林における シャーガス病のモデル化



Triatoma vitticeps (Stål, 1859) observed in Diamantina, Mina Gerais, Brazil by a_f_r(CC BY-NC 4.0)

健康

種のおカレンス
3,636件

ブラジル

湿度、気温、哺乳類の豊かさが媒介虫の発生と病気の原因となる寄生虫の感染率に影響

クルーズトリパノソーマ (*Trypanosoma cruzi*) は複雑な生活環を持つ鞭毛虫原虫で、シャーガス病の病因であり、ラテンアメリカでは特に農村部で数百万人が罹患しています。この生物媒介性疾患の感染パターンや環境の影響についてはほとんど知られていません。

ブラジルのエスピリト・サント(ES)州の大西洋岸森林を対象とした本研究では、高度に感染した昆虫媒介原虫である *Triatoma vitticeps* の発生とクルーズトリパノソーマ感染を調節する生物学および生物学の変数を調査しました。

市民が自宅で昆虫を捕獲し、市町村の公衆衛生機関での分析のために提出し収集されたデータを用いて、著者らは土壌、植生、標高、気候、および哺乳類の種の豊かさの変数に基づいて、媒介虫の発生と寄生虫感染のモデルを作成しました。哺乳類の種の豊かさは、GBIFを介した種のおカレンスから導き出されたもので、先行研究で、哺乳類の種の豊かさの喪失と、回復力のある *T. cruzi* の生息地の増加、ひいては感染リスクとの間に直接的な関係があることが確認されていたため、哺乳類の種の豊かさを含めました。

ベクターの発生および寄生虫感染と環境変数との相関を評価した結果、そのパターンは相対湿度、平均気温、土壌タイプ、標高、哺乳類の豊かさによって最もよく説明できることがわかりました。ESの中央部と南東部は、*T. vitticeps* と *T. cruzi* の感染分布が最も高い感染ホットスポットであり、これらの地域ではすべての変数が最適条件でした。

Dario MA, Maranhão PHC, Dos Santos GQ, Rocha M de M, Falqueto A, Da Silva LFCF, Jansen AM and Das Chagas Xavier SC (2021)

Brazil

Environmental influence on *Triatoma vitticeps* occurrence and *Trypanosoma cruzi* infection in the Atlantic Forest of south-eastern Brazil

Geospatial Health

doi.org/10.4081/gh.2021.997

DOI



北米の植物における遺伝的変異の要因を探る



Black hemlock (*Tsuga canadensis* (L.) Carrière) observed in Maryland, USA by Sara Rall (CC BY-NC 4.0)

進化学

種のおカレンス
97,074件

マイクロサテライトデータと種分布モデリングを組み合わせた研究により、91種の被子植物と裸子植物の遺伝的多様性を形成するメカニズムが明らかに

生物多様性を保全し、地球変動への対応を予測するためには、遺伝的変異の要因とその相対的重要性を理解することが不可欠です。この論文では、北米の植物の遺伝的多様性を形成する上で、過去の気候変動と種の範囲内での個体群の位置がどのように影響するかを検証するための系統地理学的枠組みを提示しました。

花を咲かせる北アメリカ原産の植物(被子植物)と花を咲かせない植物(裸子植物)の91種、1,400個体群の遺伝データを分析し、遺伝的多様性と個体群特異的分化のレベルを推定する要約統計を作成しました。

そして、GBIFを介したオカレンスを利用して、現在の気候と最終氷期最盛期(LGM、~22,000年前)の現在の気候と状況を表す種分布モデル(SDM)を作成しました。生態学的適性に加え、このモデルを用いて、各遺伝的集団の生息域端までの距離と潜在的な氷河期のレフュジアを定量化しました。

遺伝統計とSDMの出力を組み合わせると、潜在的な氷河期のレフュジアまでの距離が長くなるにつれて、遺伝的多様性が有意に減少することがわかりました。同様に、個体群のLGM生息地の適合度が上昇するにつれて、遺伝的多様性も低下しました。

解析の結果、遺伝的多様性の有意な増加を伴う、気候条件との明確な関係も示されました。いわゆる中央縁仮説(central marginal hypothesis)に関連する個体群統計学的効果を明確に支持する一方で、この研究の全体的な結果は、遺伝的変異を形成する上で、過去の気候変動と個体群動態がほぼ同等の重要性を持つことを示しています。

López-Delgado J and Meirmans
PG (2021)

Netherlands

History or demography?
Determining the drivers of
genetic variation in North
American plants

Molecular Ecology

doi.org/10.1111/mec.16230



サンゴ礁の生態系サービス提供能力の世界的低下



Blue-tooth groper (*Cheilinus undulatus* Rüppell, 1835) observed in Palau by Sora Yamaguchi (CC BY-NC 4.0)

海洋生物学

生態系サービス

50年にわたるサンゴ礁調査の結果、サンゴの被度は半減しており、捕獲数の急激な減少と相まって、サンゴ礁に関連する種の存在量が著しく減少していることを示唆

世界中の何百万人もの人々が、サンゴ礁と、サンゴ礁が提供する食料、生活、異常気象に対する緩衝などの生態系サービスに依存しています。小島嶼開発途上国の沿岸域先住民にとって、海産物の消費量は非先住民族の15倍であり、一部の太平洋諸国では、食事に含まれる動物性タンパク質の90%を占めています。

この研究では、1957年から2007年にかけて、サンゴの被度、サンゴ礁に関連する生物多様性、漁業が世界的にどのように変化したかを調査しました。87カ国、3,500カ所のサンゴ礁の調査を分析した結果、サンゴの被度は10年ごとに約5%減少し、1957年の基準から合計で50%減少したと推定されました。

OBIS、GBIF、その他の情報源から得られた4万種以上のサンゴ礁に生息する大型藻類、大型無脊椎動物、魚類を用い、排他的経済水域 (EEZ) ごとの種の豊かさを計算しました。その結果、サンゴに関連する生物多様性は、太平洋の国や地域で最も高いことがわかりました。さらに、回帰モデルを適用した結果、94のEEZにおいて、サンゴ礁面積

と種の豊富さの間に正の関係があることが明らかになりました。

先住民族の間でサンゴ礁魚種の一人当たりの消費量が最も多かった国は、パラオ、ミクロネシア、キリバスでした。世界のサンゴ礁関連漁獲量は、1950年から2002年をピークに減少に転じました。世界の単位努力あたりの漁獲量 (CPUE) (種の豊かさの間接的な尺度) は1970年代にピークを迎え、その後大幅に減少しました。多くの国のEEZでは、50年間の減少率は100%に近いものでした。

Eddy TD, Lam VWY, Reygondeau G, Cisneros-Montemayor AM, Greer K, Palomares MLD, Bruno JF, Ota Y and Cheung WWL (2021)

Canada
United States

Global decline in capacity of coral reefs to provide ecosystem services

One Earth

doi.org/10.1016/j.oneear.2021.08.016



オールドV.S. ヤング:アマゾン川流域の 形成に関する2仮説の検証



Ortalis guttata (Spix, 1825) observed near Trinidad, Bolivia by Ruben D. Layme (CC BY-NC 4.0)

生物地理学



種のおカレンス
780,843件

アマゾンの河川システムの形成について、オールド・アマゾン仮説を支持する生物地理学的証拠を発見

8つの国と1つの海外領土にまたがるアマゾンの生態系は、世界最大の熱帯雨林連続地帯です。アマゾン川流域の河川の形成は、生態系の生物多様性の高さに大きく寄与していると考えられています。

この研究では、アマゾンの河川システムの形成時期をめぐる2つの異なる仮説(「オールド・アマゾン」(1000万年前まで)と「ヤング・アマゾン」(250万年前頃))に対する系統学および生物地理学的数据の適合性を検証します。

研究チームは、両生類、鳥類、昆虫類、哺乳類という4つの動物分類にまたがる6つの単系統分類群の遺伝子配列データを用いて、時間軸を考慮した分子系統樹を再構築しました。GBIFを介したオカレンスから祖先の生息域を推定し、さまざまな分散速度や潜在的な隔離障壁を検証しました。

その結果、約1600万年前から1000万年前にかけてこの流域に初期分散した証拠が示され、1200万年前から600万年前にかけて全分類群が網羅されました。すべての分類群がこの時間範囲と一

致したわけではありませんが、分子系統学的・生物地理学的解析の結果は、総じて「オールド・アマゾン」モデルを支持するものでした。

Méndez-Camacho K, Leon-Alvarado O and Miranda-Esquivel DR (2021)

Colombia, Brazil

Biogeographic evidence supports the Old Amazon hypothesis for the formation of the Amazon fluvial system

PeerJ

doi.org/10.7717/peerj.12533



SARS-CoV-2の進化的起源の 地理的可能性をマッピング



Rhinolophus pusillus Temminck, 1834 observed in Shizuoka, Japan by Ryosuke Kuwahara (CC BY-NC 4.0)

健康

農学

気候変動

種のおカレンス
247,972件

中国

コウモリの多様性が高いホットスポットで、 COVID-19病原体に近縁の新規コロナウ イルスを同定

パンデミックが始まって以来、何百万人もの人々が新型コロナウイルス (COVID-19) によって死亡していますが、病気を引き起こす病原体である SARS-CoV-2 ウイルスの正確な起源は依然として不明です。ほとんどのヒトウイルス病原体は人獣共通感染症に起源を持つため、宿主および/または保有宿主を特定するために、ウイルスゲノムの配列決定と潜在的野生生物のサンプリングに多大な科学的努力が払われています。これまでのところ、SARS-CoV-2 関連ウイルスはアジアカプトコウモリ (キクガシラコウモリ属 *Rhinolophus*) とマレーセンザンコウ (*Manis javanica*) の数種で検出されています。

本研究で研究者らは、2019年5月から2020年11月にかけて中国雲南省でコウモリから採取された口腔綿棒検体と糞尿サンプルを検討し、異なるコウモリの種から24の新規コロナウイルスゲノムが検出され、そのうち9つのサンプルから4つの SARS-CoV-2 様ウイルスが検出されました。新規コウモリコロナウイルスの1つである RpYN06 (“*Rhinolophus pusillus*, Yunnan, sample no.6”の略) は、SARS-CoV-2 と全体の 94.5% の配列同一性を示し、特定のゲノム領域において現在までに同定された中で最も近縁でした。

驚くべきことに、SARS-CoV-2 と高い遺伝的類似性を持つ新種ウイルス、およびこれまでに同定された新種ウイルスはすべて、雲南省の比較的狭い地域 (11km²) で発見されました。

これと並行して、著者らは GBIF を利用した 49 種の *Rhinolophus* の生態的ニッチをモデル化することにより、SARS-CoV-2 の起源を地理的に絞り込むことも試みました。その結果、東南アジアの熱帯林に *Rhinolophus* に適した生息地があり、南ベトナムから中国南部にかけてのホットスポットに 23 種類の *Rhinolophus* が生息していることがわかりました。

このウイルスの直接の祖先はまだ不明ですが、これらの証拠は、東南アジアにおけるコロナウイルスの系統学およびゲノム学的多様性を明確に示しています。この地域のコウモリやその他の野生哺乳類の監視を強化すれば、動物からヒトへの病原性ウイルスの伝播を追跡できるかもしれません。

Zhou H, Ji J, Chen X, Bi Y, Li J, Wang Q, Hu T, Song H, Zhao R, Chen Y, Cui M, Zhang Y, Hughes AC, Holmes EC and Shi W (2021)

China, Australia

Identification of novel bat coronaviruses sheds light on the evolutionary origins of SARS-CoV-2 and related viruses

Cell

doi.org/10.1016/j.cell.2021.06.008



スーダンにおけるマイセトーマ(菌腫)の発生予測



Dichrostachys cinerea (L.) Wight & Arn. observed by Botswana bugs (CC BY-NC 4.0)

健康

種のおカレンス
20,993件

スーダン

熱帯病が放置される確率と、乾燥度、水への近さ、土壌中のナトリウム、棘のある樹種の豊富さとの関連

マイセトーマ(菌腫)は、細菌や真菌の感染によって引き起こされる軽視されがちな熱帯病であり、治療しないと慢性炎症を引き起こし、最終的には身体変形に至ります。この病気は102か国で報告されていますが、スーダンは現在、世界で最も症例数が多い国です。

スーダンにおける感染者の発見と管理に役立つため、この研究では、確率をマッピングし、潜在的なホットスポットを特定しながら、この病気の環境的予測因子を特定しようとしてきました。

研究者たちは、症状発生時の患者の位置のデータベースを基に、気候、土壌、家畜、水路、植生、GBIFを介した棘のある樹木(感染症を引き起こす傷の主な原因と考えられている)のおカレンスなど、さまざまな候補予測因子を用いてアンサンブルモデルを構築しました。

真菌症(真菌感染によって引き起こされる)では、最も近い水路に近いほど、また棘のある樹木の多様性が高いほど、発生確率が高くなりました。しかし、後者は放線菌性菌腫(細菌感染による)の発

生確率には影響せず、放線菌性菌腫は水路に近いことに加え、平均気温、乾燥度、土壌ナトリウム濃度の影響を受けました。

調査のために作成された地図は、環境要因に関連したマイセトーマのリスクの地理的変化を示し、スーダンの中央部と南東部、ナイル川とその支流沿いで最も発生率が高いことを予測しました。

Hassan R, Simpson H, Cano J, Bakhiet S, Ganawa E, Argaw D, Newport MJ, Deribe K and Falah AH (2021)

Sudan, UK, Switzerland, Ethiopia

Modelling the spatial distribution of mycetoma in Sudan

Transactions of The Royal Society of Tropical Medicine and Hygiene

doi.org/10.1093/trstmh/trab076

DOI



気候変動と菌類病原体が脅かす 世界の茶生産



Camellia sinensis (L.) Kuntze observed in Hangzhou, China by rhinolin (CC BY-NC 4.0)

農学

気候変動

気候変動の影響をモデル化した研究で、茶の栽培地域の3分の1が失われ、菌類病原体への曝露が増加することを事前に予測

世界で水に次いで最も広く飲まれている飲料である茶は、多くの国の経済において重要な役割を果たしている文化的主食です。気候変動は茶の栽培に適した環境を減少させ、病原菌の感染率や感受性を高める可能性があります。

本研究では、温暖化が茶葉とそれに関連する重要な病原菌に及ぼす潜在的影響について検討しました。GBIFが介するオカレンスと文献からのデータを組み合わせることで、著者らは、ベースラインと3つの将来の気候シナリオにおける、栽培茶の2つの主要品種(*Camellia sinensis* var. *sinensis* と *C. sinensis* var. *assa-mica*)および3つの病気を引き起こす真菌種の潜在的分布をモデル化しました。

このモデルでは、2050年までに両品種に対する適地がベースラインの3分の1まで大幅に減少することが示されました。最悪のケースは、中国南部で *Colletotrichum acutatum* が *C. sinensis* var. *sinensis* に重なった場合です。

全体として、モデルは現在の茶栽培地域の温度が、選択された真菌種にとって最適なレベルに達し、病原体の増殖と蔓延に有利になると予測しました。茶栽培はより好ましい気候に移行する可能性があります。病原菌の気候耐性がより広いことは、将来の茶生産を保護するために革新的なアプローチが必要になることを意味します。

Tibpromma S, Dong Y, Ranjitkar S, Schaefer DA, Karunarathna SC, Hyde KD, Jayawardena RS, Manawasinghe IS, Bebbler DP, Promputtha I, Xu J, Mortimer PE and Sheng J (2021)

Nepal, China, Thailand, UK

Climate-Fungal Pathogen Modeling Predicts Loss of Up to One-Third of Tea Growing Areas

Frontiers in Cellular and Infection Microbiology

doi.org/10.3389/fcimb.2021.610567



果物の色の進化



Haemorhous mexicanus (P.L. Stadius Müller, 1776) observed in Bonsall, CA, USA by Andrea Kreuzhage (CC BY-NC 4.0)

気候変動

種のおカレンス
11,504,864件

「散布者シンドローム仮説」を支持し、果実の色彩シンドロームの進化と地理的分布における非生物要因の役割を解明

多くの植物が種子の散布を動物に依存しているため、その肉質の果実を宣伝し、散布するクレードの知覚能力に応じて果実食性の鳥類や哺乳類を誘引する必要があります。散布者シンドローム仮説(DSH)は、「対照色」、すなわち黒、青、赤を鳥類の散布に関連づける一方、「隠蔽色」、すなわち緑、茶、赤の果実を哺乳類の散布に関連づけます。

この研究では、研究者たちはDSHを検証しながら、果実の色彩進化における非生物的要因の潜在的な役割を明らかにしようとしました。なぜなら、アントシアニンによる果実の対照的な着色は、単に光合成機構を紫外線や寒さの悪影響から保護する手段である可能性もあるからです。

著者らは、3,100種以上の果肉がある果実の色彩のデータセットを使用しました。彼らはGBIFを介したオカレンスを用いて、植物の分布と気候的要因を導出しました。これを鳥類や哺乳類の繁殖域や食餌データと組み合わせ、様々な仮説を検証するためのモデルを作成しました。

その結果、果実の色の進化に生物学的および非生物学的変動の両方が寄与している証拠が見つかりました。隠蔽的な色彩は、相対的に果実食鳥類の優位性が低い温暖な環境で多く見られています。しかし、雨季の気温が低く、または鳥類の優位性が高い場合、ほとんどの果実は対照的な色彩を示します。

Sinnott-Armstrong MA,
Donoghue MJ and Jetz W (2021)

USA

Dispersers and environment
drive global variation in fruit
colour syndromes

Ecology Letters

doi.org/10.1111/ele.13753



地球変動に対する海草の応答を 理解する上での障害



Amphibolis griffithii (J.M.Black) Hartog observed in Normanville Beach, Australia by David Muirhead (CC BY-NC 4.0)

海洋生物学

気候変動

海草に関する知識のレビューから、空間的、時間的、分類学的次元にわたるサンプリングのギャップと偏りが明らかに

オモダカ目 (Alismatales) に属する約70種からなる主要なクレードである海草は、生産性、栄養循環、炭素隔離において重要な役割を果たすと同時に、多くの魚類や無脊椎動物に食料や保育場を提供する重要な海洋植物です。

本稿では、地球変動に対する海草の応答を探ることに焦点を当て、予測の成功を妨げる可能性のある潜在的なギャップやバイアスを特定するために、海草に関する現在利用可能な知識を評価しました。

GBIF.orgを通じて入手可能なこの生物群のオカレンスデータを用いてサンプリングの偏りを調べたところ、インド太平洋西部と中央部における空間的なギャップと、春と夏の月への時間的な偏りが明らかになり、1900年以前の記録は非常に少ないことがわかりました。著者らはまた、採集頻度の低い系統学的シグナルを検出し、このクレード内にある程度の分類学的偏りがあることを示しました。また、海草に関する利用可能な系統学的・進化学的知識の不足も指摘しています。

海草の31%が世界的に減少しており、保全活動にはこれらの不足に対処する必要があります。著者らは、海草のモニタリングプログラムや標本のデジタル化に対する資金を増やし、DNA塩基配列の決定などの技術的進歩を支援し、研究者が利用できる分析・計算ツールを改善することを提案しています。

Rock BM and Daru BH (2021)

USA

Impediments to Understanding Seagrasses' Response to Global Change

Frontiers in Marine Science

doi.org/10.3389/fmars.2021.608867



植生の世界的なパターンを理解するために 樹木の生物多様性データを統合



Spathodea campanulata Beauv. (among others) observed in Teacher Mante, Ghana by canyonkid91 (CC BY-NC 4.0)

生物多様性科学

種のおカレンス
44,267,167件

分布、個体数、形質、配列、保全など樹木の生物多様性データを効率的に統合し、世界の植生の全体像を把握する可能性を評価

陸上生態系において、樹木はバイオマスの大部分を占め、周囲の生物に構造、生息地、資源を提供しています。炭素と水の循環における役割を通じて地球気候に大きな役割を果たしている樹木は、最もよく研究されている植物群の一つです。

植生のより包括的な理解を目指して、研究者たちは樹木に関する利用可能なすべてのデータ統合のポテンシャルを評価し、その代表性の判定と、データのギャップとそれを埋めるために必要なステップの特定を行いました。

著者らは、GlobalTreeSearchとGlobal Inventory of Flora and Traits (GIFT) から得た58,000種以上の樹木リストをもとに、GBIFを介したオカレンスデータ、TRYの形質データ、sPlotの存在量データ、GenBankの分子配列、IUCNの保全評価など、利用可能なすべてのデータをまとめました。

全データベースでデータが利用可能な種は全体の約10%しかありませんでした。分布データのカバーレッジは非常に良好で、85%近くの樹木がGBIF

に少なくとも1つの記録を持っていました。複数の形質、分子データ、保全評価の利用可能性ははるかに低く、約45%でした。

この研究では、樹木を植生パターンを把握するための良いモデルとして強調していますが、特に熱帯地方ではデータの不足を指摘し、DNAバーコーディング、近赤外分光法、LiDARリモートセンシングなどの技術的進歩が、ギャップを埋めるためのハイスループットな解決策となりうることを示唆しています。

Keppel G, Craven D, Weigelt P, Smith SA, van der Sande MT, Sandel B, Levin SC, Kreft H and Knight TM (2021)

Germany, Australia, Chile, USA, Netherlands

Synthesizing tree biodiversity data to understand global patterns and processes of vegetation

Journal of Vegetation Science

doi.org/10.1111/jvs.13021



集団ゲノミクスとニッチ・モデリングを用いた スゲの分離



Carex jemtlandica (Palmgr.) Palmgr. collected by Kristian Nyvoll in Junkerdalen, Norway (CC BY-SA 4.0)

分類学

生態学

分子生物学科学

生物多様性科学

種のおカレンス
993件

ノルウェー



生態学的ニッチモデリングとDNAシーケンシングを組み合わせた研究により、種複合体が異なる進化的実体であることが明らかに

生物を適切な分類学的境界線に区切る科学は、分子情報に基づく解析の導入により大幅に向上しました。これにより、染色体数、タンパク質マーカー、その他の配列情報に基づく結論が可能となりました。

本研究では、形態学的解析と集団ゲノム解析、生態学的ニッチモデリングを組み合わせ、*Carex jemtlandica*-*Carex lepidocarpa* 種複合体における分類区分を評価しました。*Carex jemtlandica*-*Carex lepidocarpa*種複合体は、2,000種以上の草様植物を含む大型の *Carex* 属に属する植物で、一般にスゲとして知られています。

主にノルウェーの東部と中部で採集された192個体のDNA塩基配列の決定と解析により、著者らは主に *C. jemtlandica* と *C. lepidocarpa* に対応する2つの異なる遺伝的クラスターを明らかにしました。

著者らは、GBIFを介した *Carex* 属標本のおカレンスと生物気候データを組み合わせ、7つの異なる

アルゴリズムの平均モデルを作成するマルチモデルアンサンブル法を採用しました。その結果得られたモデルを比較すると、この2種はまったく異なる環境ニッチを占めていることがわかりました。

全体的な結果から、*C. jemtlandica* と *C. lepidocarpa* は別々の進化的に重要な実体であることが示唆されました。

Nygaard M, Kempainen P, Speed JDM, Elven R, Flatberg KI, Galten LP, Yousefi N, Solstad H and Bendiksby M (2021)

Norway, Finland, Switzerland

Combining population genomics and ecological niche modeling to assess taxon limits between *Carex jemtlandica* and *C. lepidocarpa*

Journal of Systematics and Evolution

doi.org/10.1111/jse.12743



気候変動に遅れをとる—北の負債、南のボーナス



Vaccinium uliginosum L. observed near Abisko Östra, Sweden by fjellrunner (CC BY-NC 4.0)

気候変動

種のおカレンス
111,549,494件

ヨーロッパの植物を調査したところ、寒冷なアルプスや寒帯地域では気候的な負債が見られるが、温暖な地中海沿岸地域では気候的なボーナスが見られた

気候が変化すると、種は空間を移動することによってその気候の最適条件を探索するか、あるいは新しい気候条件に適応し調節することができません。しかし、気候変動はしばしば、種が対応できる速度よりも早く生じ、種には未払いの「気候的負債 (climatic debt)」が残されることがあります。

このような負債が存在することを検証するため、フランスの研究者たちは、ヨーロッパで最も一般的な4,000種の維管束植物について、過去65年間の気候条件の時間的変化と占有率の傾向を調査しました。

著者らは、GBIFを介した1億以上の種のおカレンスと、気温と降水量に関する6つの生物気候学的変数を組み合わせ、種と変数ごとに年間種気候指数 (SCI) を算出し、種の占有傾向を推定しました。

SCIと占有傾向の負の相関関係(気候的負債を示唆)は大陸レベルでは有意ではありませんでしたが、2つの最も寒冷な生物地理学的地域(寒冷地

域とアルプス地域)では、時間の経過とともに負の占有傾向と関連した気温の上昇が見られ、不十分な範囲移動、すなわち気候的負債の存在が示唆されました。

驚くべきことに、最も温暖な地中海沿岸地域では逆のパターンが見られ、生息域全域で気温が上昇している種の占有率が上昇する傾向にあったことから、気候的な「ボーナス」の存在が示唆されました。

Duchenne F, Martin G and Porcher E (2021)

France

European plants lagging behind climate change pay a climatic debt in the North, but are favoured in the South

Ecology Letters

doi.org/10.1111/ele.13730



多様な植物へ触れることで子どもの がんリスクを低減させる



Rubus schmidelioides A.Cunn. observed in Hopkins Valley, New Zealand. Photo by jamesmifan (CC BY-NC 4.0)

健康

📍 ニュージーランド

ニュージーランドの大規模出生コホート研究により、植物の多様性の増加と小児白血病予防との間に統計的に有意かつ用量依存的な関連があることが明らかに

多くの病気は腸内細菌の多様性の低下と関連しているため、多様な腸内細菌叢はヒトの健康に不可欠です。維管束植物は細菌などの微生物にとって重要な生息地で、植物の多様性が増加すると微生物の多様性も増加します。

この研究では、いわゆる生物多様性健康仮説を検証し、植物の多様性への曝露と特定の健康上のアウトカムとの直接的な関連性の実証を目的として、1998年から2013年の間にニュージーランドで生まれたすべての子供(とその母親)を妊娠時から5歳まで追跡調査し、最も一般的な小児がんである急性リンパ芽球性白血病(ALL)の症例を特定しながら植物曝露を追跡しました。

著者らは、すべての子供(および妊娠中の母親)が住んでいる場所と、GBIFが介する植物のオカレンス、土地被覆データ、衛星画像に基づく植生指数、およびその場所を都市か農村かに分類する国勢調査データの複合指標に基づいて、各子供(および母親)の植物曝露量を推定しました。

5年後、追跡された約95万人の子供のうち、264人のALL症例が確認されました。算出された曝露指標に基づくと、植物の多様性が最も高い3分位の子供たちは、ALL発症リスクが35%減少することがわかりました。

Donovan GH, Gatzliolis D, t
Mannetje A, Weinkove R, Fyfe C
and Douwes J (2021)

New Zealand, USA

An empirical test of the
biodiversity hypothesis:
Exposure to plant diversity is
associated with a reduced risk of
childhood acute lymphoblastic
leukemia

Science of The Total
Environment

doi.org/10.1016/j.
scitotenv.2020.144627



地域スケールでの野生ハチ受粉マッピングのための階層的枠組み



Andrena fulva (Müller, 1766) observed near Kiel, Germany by florafoto (CC BY-NC 4.0)

生態系サービス

農学

種のおカレンス
125,681件

ドイツ

種の分布モデリングと生態系サービスマッピングを組み合わせ、受粉ポテンシャルを予測

野生のミツバチは作物栽培や野生植物の繁殖に重要な役割を果たす重要な受粉媒介者です。他の昆虫と同様に、野生のハチも汚染、土地利用の変化、農業の集約化、生息地の変化によって減少に直面しています。

この研究は、野生ハチによる受粉生態系サービスの潜在的な空間パターンを地域スケールで予測する高解像度モデルを開発するため、種分布モデリングと生態系サービスマッピングの利点を組み合わせたフレームワークを提案します。

第一段階として、研究者はGBIFを介したオカレンスデータを5つの生物気候変数と7つの土地利用・被覆クラスと組み合わせ、25種の重要なヒメハナバチ属 *Andrena* ハチ種の潜在的分布を世界スケールでモデリングしました。

次に、ドイツのシュレーズヴィヒ=ホルシュタイン州にあるボンハーヴェド湖水地方を調査地域とし、各種の生息地フィルターと採餌範囲を適用して、種分布モデルの出力を地域スケールで改良し、相対的な受粉ポテンシャルの地図を作成しま

した。

調査地域の菜種畑にトラップを設置することで、著者らはモデルの予測力をテストすることができ、予測された受粉サービスのポテンシャルと、観察されたヒメハナバチ属 *Andrena* の豊かさや個体数の間に相関関係を見出しました。

Perennes M, Diekötter T, Groß J
and Burkhard B (2021)

Germany

A hierarchical framework for
mapping pollination ecosystem
service potential at the local
scale

Ecological Modelling

[doi.org/10.1016/j.
ecolmodel.2021.109484](https://doi.org/10.1016/j.ecolmodel.2021.109484)



専門家による分布図の偏りと広範な適用可能性の評価



Amphispiza bilineata (Cassin, 1850) observed in Mexico by Enrique Perez Carrillo (CC BY-NC 4.0)

保全生物学

種のおカレンス
638,809,455件

5万種以上の動物を調査した結果、専門家による分布図は行政境界線に偏りがあり、既知の生息域をすべて把握できていないことが明らかに

種の正確な分布図を持つことは、保全の優先順位を評価し、ターゲットとなる保全戦略を策定するだけでなく、生物多様性の基本的なパターンを理解する基礎となります。

この研究では、5万種の動物について専門家による分布地図を分析し、これらの地図が種の範囲の一貫した標準化された推定値を提供するという仮定を検証しました。

種の範囲境界をラスタライズして積み重ねることにより、著者らは上位分類群(哺乳類、トンボとイトトンボ、両生類、鳥類、爬虫類)ごとにグループ化した境界密度マップを作成し、これらを行政境界などの異なる特徴と重ね合わせました。

この調査により、沿岸域以外の種の生息域境界の平均20~30%が国境と一致し、その多くは明確な地理的境界がないことが示されました。種の豊かさを考慮すると、種の空間的な入れ替わりが最も激しい地域の60%は、政治的な境界で発生していました。

最後に、著者らは専門家による地図とGBIFを介したデータを比較し、80%の分類群が、対応する範囲地図の外側に30%以上のオカレンスがあることを発見しました。

これらの結果を総合すると、行政境界における専門家による範囲地図の偏りが大きいことが明らかになりました。分布のパターンを再構築する別のアプローチが必要だと示唆しています。

Hughes AC, Orr MC, Yang Q and Qiao H (2021)

China

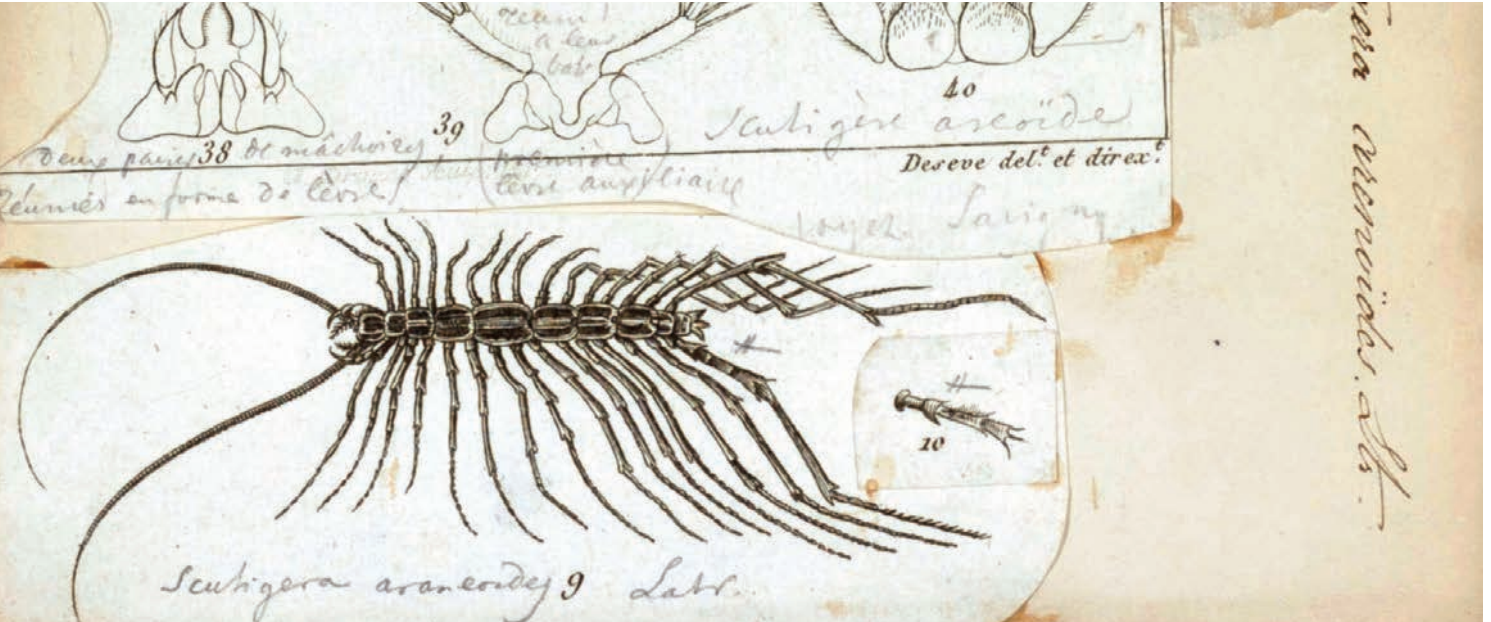
Effectively and accurately mapping global biodiversity patterns for different regions and taxa

Global Ecology and Biogeography

doi.org/10.1111/geb.13304



19世紀の動物学図版を用いた自動種同定



Scutigera in *Iconographia Zoologica* from the Special Collections of the University of Amsterdam, Public domain, via Wikimedia Commons

分類学

データ管理

生物多様性科学

大規模なゼロショット学習を用いた科学的図版の自動分類により、デジタル化に要する時間を短縮する研究

科学的図版は歴史的に、写真には必ずしも適していない微細構造を描写し、強調することで、種の特徴を伝えるための最も重要なメディアとして機能してきました。このような図版は、デジタル化されていない状態で博物館の収蔵庫やアーカイブに保管されていることが多く、一般的な利用ができないままになっています。

歴史的名称やその他のメタデータの解釈を含め、デジタル化に必要な時間と労力を削減する自動化された方法の使用は、このような歴史的知識の重要な情報源へのアクセスを促進するのに役立つかもしれません。

オランダの研究チームは、この問題に対処するために「ゼロショット学習」を研究しています。簡単に説明すると、このアプローチでは、学習中にオブジェクトクラスの直接的な例が観察されないオブジェクトを認識することができます。その代わりに、この方法は他の情報源からの埋め込みクラス情報に依存します。

著者らは、「*Iconographia Zoologica*」の7,973種の動物の14,502図版からなるデータセットに、GBIFのバックボーンタクソノミーに基づくクラス階

層、生物多様性ヘリテージライブラリ(BHL)の文献、iNaturalistの写真の次元特徴を埋め込み、モデルを訓練しました。

インドネシアの歴史的な動物相をデジタル化した図版からなるアノテーションなしのデータセットでモデルを評価したところ、研究者らは全体として約35%の分類精度を達成しました。これは低く見えるかもしれませんが、80のクラスから抽出された図版は、学習用の例がゼロであったにもかかわらず正しく分類されました。これは、埋め込みモデルを用いた種の分類のための計算手法の可能性を示しています。

Stork L, Weber A, van den Herik J, Plaat A, Verbeek F and Wolstencroft K (2021)

Netherlands

Large-scale zero-shot learning in the wild: Classifying zoological illustrations

Ecological Informatics

doi.org/10.1016/j.ecoinf.2021.101222



気候変動によりヨーロッパの頭足類の分布が北東に移動



Octopus vulgaris Cuvier, 1797 observed near Bastia, Corsica, France by Sylvain Le Bris (CC BY-NC 4.0)

気候変動

種のオカレンス
7,191件

地域海域における頭足類の研究は、環境適性の変化が英仏海峡の北側で個体数の増加、南側で個体数の減少を引き起こしていることを示唆

イカ、タコ、コウイカは世界中の漁業において重要な種です。この短命なグループは環境条件の変化に敏感なため、気候変動は彼らの持続可能な利用に悪影響を及ぼす可能性があります。

この研究では、OBIS、GBIF、SeaLifeBaseから、マダコ *Octopus vulgaris*、コウイカ *Sepia* のオカレンスを集計し、ヨーロッパ海域における生態学的ニッチをモデル化しました。

著者らは、塩分や水温といった様々な環境パラメータを、アンサンブル・モデリングの枠組みで検討しました。このアプローチでは、機械学習と回帰に基づく手法を統合した複数の異なるアルゴリズムを組み合わせ、各生物種の現在および将来の環境適合性と分布に関する予測を行いました。

全体として、モデルは英仏海峡以北の全地域で環境適性の増加を予測し、種の分布の中心を北東に移動させました。最も増加が見られたのは、イカとコウイカでは北海、タコではバルト海でした。しかし、ビスケー湾と地中海全域では、3種すべてで全体的な減少が観察されました。

Schickele A, Francour P and Raybaud V (2021)

France

European cephalopods distribution under climate-change scenarios

Scientific Reports

doi.org/10.1038/s41598-021-83457-w



気候変動が淡水魚に及ぼす影響の世界的評価



Boleophthalmus boddarti (Pallas, 1770) observed in Viet Nam by Владимир SaganSS Каранов (CC BY-NC 4.0)

気候変動

淡水

種のおカレンス
1,400,000件

16,000種以上を調査した結果、今世紀半ばまでに現在の淡水魚のほぼ半数が絶滅することが示唆

淡水魚に関するいくつかの研究では、気候変動が個々の種や特定の国に及ぼす影響について検討されており、その多くは、水文学的な変化を考慮すると、このグループが特に脆弱である可能性を示唆しています。

本研究では、GBIFを介したオカレンスに基づき、16,000種以上の淡水魚の現在および将来の分布をモデル化することで、世界中の流域の多様性と豊かさに対する予測される気候による変化を総合的に評価します。

2つの異なる気候シナリオの下で、この研究では2070年までに全淡水魚種の約半数の分布域が完全に消滅すると予測しています。この減少は熱帯の河川流域でより顕著で、東南アジアでは特に高く、主に体長の小さい種に影響を与えます。

すべての流域で平均すると、2050年までに約20%の種が失われると予測されます。最も重要な気候予測因子は、年間降水量と等温性(1日の平均気温と年間気温範囲の関係)であり、年間降水量と気温の季節性が高い流域では、種の豊かさがよ

り高い割合で減少することが観察されました。種の数の減少に加えて、予測される種の豊かさの減少は、系統的多様性と機能的多様性の著しい減少にもつながります。

Manjarrés-Hernández A,
Guisande C, García-Roselló
E, Heine J, Pelayo-Villamil P,
Pérez-Costas E, González-Vilas
L, González-Dacosta J, R. Duque
S, Granado-Lorencio C, Lobo JM
(2021)

Colombia, Spain

Predicting the effects of climate
change on future freshwater fish
diversity at global scale

Nature Conservation

[doi.org/10.3897/
natureconservation.43.58997](https://doi.org/10.3897/natureconservation.43.58997)



アパラチア山脈における保護地域の 現状と将来像



Plethodon hubrichti Thurow, 1957 observed near the Blue Ridge Parkway, Virginia, USA by gman122 (CC BY-NC 4.0)

保全生物学

気候変動

種のおカレンス
258件

アメリカ

気候変動によって種の生息域が変化し、ある種にとっては保護地域の範囲が拡大する一方、他の種にとっては悪化する可能性

保護区は、世界の生物多様性を保全するための重要な手段です。気候の変化に伴い、いくつかの種や生息地における保護区のカバー率は良くも悪くも変化する可能性があります。

この研究では、保全政策上の懸念がある両生類、鳥類、哺乳類、爬虫類258種の生息域について、アメリカのアパラチア山脈における現在と将来の保護区のカバー率を評価しました。著者らはGBIFを介したオカレンスデータを用いて、それぞれの種の現在の生物気候ニッチをモデル化し、循環モデルによる気候予測と温室効果ガス濃度経路を統合して将来の生息域シフトを予測しました。

現在の保護区のカバー率はかなり低く、90%以上の種に関して推定される生息域の15%以下しか保護されていないことがわかりました。種が自由に分散できると仮定すると、将来の気候条件では両生類と哺乳類のカバー率が悪化する一方、鳥類と爬虫類のカバー率が向上します。

著者らは、現在と将来の環境の両方が最も多くの種に適しているブルーリッジ地域を、保護を強化する候補地として提案しています。

Zhu G, Papeş M, Giam X, Cho S-H and Armsworth PR (2021)

USA

Are protected areas well-sited to support species in the future in a major climate refuge and corridor in the United States?

Biological Conservation

doi.org/10.1016/j.biocon.2021.108982



野生ハナバチの多様性が世界的に減少



Eufriesea mariana (Mocsáry, 1896) observed in Argentina by Santiago (CC BY-NC 4.0)

農学

気候変動

保全生物学

20世紀後半以降、世界的にハナバチの種類が減少していると判明

野生のハナバチは昆虫の中で最も重要なポリネーター集団であり、数十万種の野生植物と全栽培植物の85%の繁殖に不可欠です。野生のハチ個体群に減少傾向があることを示す証拠は増えてつありますが、これまでの研究のほとんどは、より小規模な分類群や、国や地域を前提とするものに限定されていました。

この研究では、ハナバチの世界的な減少傾向が個体数の減少や生息域の縮小として現れ、その結果、ハチを観察する機会が減少し、GBIFに記録される種の数が増減すると推論しました。

著者らはまず、6科のハナバチの全オカレンスを分析することで、1900年から2015年まで、年間オカレンス数が明らかに増加していることを実証しました。また、GBIFで調査可能な種の年間オカレンス数も、今世紀前半を通じて着実に増加しましたが、1990年以降は特に減少しました。

ハナバチの地理的分布を大陸別に調査したところ、世界的な多様性への寄与と減少期間に顕著な違いがあることがわかりました。ヨーロッパと北アメリカはGBIFの時間的・空間的カバー率が最

も高く、最も急激な減少が見られました。しかし、オセアニアを除くすべての大陸が、世界的なハナバチの多様性減少に寄与しているようです。

これらの結果は偏ったデータ収集の影響を受けている可能性があります。著者らはこれらの傾向がハナバチの多様性減少の実際のシナリオを表している可能性が高いと考えています。最良のシナリオでは、何千もの種が希少になりすぎて観察できなくなっただけと考えられますが、最悪のシナリオでは絶滅してしまった可能性が考えられます。

Zattara EE and Aizen MA (2021)

Argentina, USA, Germany

Worldwide occurrence records suggest a global decline in bee species richness

One Earth

doi.org/10.1016/j.oneear.2020.12.005



インドネシア産薬用植物保全の優先順位付け



Dendrobium faciferum J.J.Sm. observed in Maluku, Indonesia by Colin Trainor (CC BY-NC 4.0)

保全生物学

ヒトの健康

種のおカレンス
6,704件

インドネシア

インドネシアにおける優先的な薬用植物の多様性を分析し、短期的・長期的な保全活動に関する推奨事項を提供

薬用植物(薬用目的で使用される高等植物)は、世界で5万種以上あり、世界の輸出額は33億ドルを超えると推定されています。

2つの生物多様性ホットスポットを含むインドネシアは、7,500種もの薬用植物を有するメガダイバーサな国です。この研究では、GBIFを介した233の優先種のおカレンスをギャップ分析に利用し、域内および域外保全に理想的な場所を特定しました。

この研究では、ジャワ島西部が最も豊かな地域で、82種もの固有種が生息していることが確認されました。域内保全の候補地として50×50kmのセルが41箇所特定され、そのうち33箇所は保護区と重複していました。

域外保全については、ジャワ島西部とマルク島がさらなる採集の必要性が最も高い地域と指摘されました。既知の生息数が5未満の種が38種あり、そのうち国による域外保全が行われているのは6種のみでした。

この研究の著者は、保護区内の優先薬用種を積極的に保全することを提案しています。また、自然の生息地への再導入を支援するため、すでにリビングコレクションに存在する6種の優先種の保存と増殖に力を入れることも提案しています。

Cahyaningsih R, Magos Brehm J and Macted N (2021)

UK, Indonesia

Gap analysis of Indonesian priority medicinal plant species as part of their conservation planning

Global Ecology and Conservation

doi.org/10.1016/j.gecco.2021.e01459



北米の蝶のインベントリー知識のギャップ



Speyeria atlantis Edwards, 1862 observed in North Cochrane District, ON, Canada by Jack Farley (CC BY-NC 4.0)

生態学

生物多様性科学

種のおカレンス
2,421,261件

カナダ、アメリカ、メキシコ

カナダ、アメリカ、メキシコにおけるチョウのインベントリーの完全性を評価する研究により、データのギャップは縮小しているが、偏りは増加していることが明らかに

一般に公開されている生物多様性データにはギャップがあるため、重要な生態学的・進化的問題を解決する試みが制限されています。どこで、いつギャップが生じるかを知ることは、分析のスケールを選択するためだけでなく、そのようなギャップを埋める努力に優先順位をつけるためにも重要です。

この研究では、北米のチョウのインベントリーの完全性、すなわち、どれだけの種が記録されているのか、どれだけの種が予想されるのかを評価しました。予想される豊かさのベースラインとしてフィールドガイドから得られた範囲マップを用い、著者は記録された豊かさの比較対象としてGBIF、iDigBio、eButterflyから得られた種のおカレンスを用いました。

全体として、90%以上の生息地が分布図に記載された区画内にありました。インベントリーの完全性は空間的に不均一で、カナダの極北部、米国中西部、メキシコ北部では顕著なギャップが見られました。標本に基づくおカレンスデータとコミュニテ

ィの観察に基づくおカレンスデータを比較したところ、後者の方が完全記録率の平均がわずかに高くなっていました。サンプリングが不完全な地域は、急激な気候変動による最も深刻な脅威に直面している地域、特にハドソン湾周辺地域で最も多くなっていました。

この研究では、計画的な調査だけでなく、日和見的なサンプリングを増やすために、地域社会との連携による取り組みを提案しています。人間の影響範囲がインベントリー完全性の主要因であることが判明したため、著者らは、データギャップを埋めるために、人口密集地域から遠く離れた場所に調査努力を向けなければならないと主張しています。

Shirey V, Belitz MW, Barve V and Guralnick R (2021)

USA

A complete inventory of North American butterfly occurrence data: narrowing data gaps, but increasing bias

Ecography

doi.org/10.1111/ecog.05396

DOI



生物多様性情報のトレンドに関する評価と 意思決定を支援する指標



Collared lory (*Phigys solitarius*). Photo by Bird Explorers via iNaturalist Research-grade Observations, licensed under CC BY-NC 4.0

保全生物学

生物多様性科学

種のオカレンス
454,000,000件

世界と国内の生物多様性データのカバー率を評価するために導入されたフレームワークは、インセンティブをデータの数から価値へとシフトする必要性を示唆し、よ里的を絞ったデータ動員や能力構築への支援を提供

生物多様性の保全と管理は、ベースラインを設定し、変化を追跡するための包括的な根拠に依存しています。このダイナミックな環境は、信頼性の高い指標の必要性和重要性を浮き彫りにし、その指標は柔軟な分析フレームワークに統合され、容易に更新できるものでなくてはなりません。

本論文では、生物多様性情報の動向に関する世界的な評価、モニタリング、意思決定を支援するために、2つの新しい指標-種状態情報指標 (SSII) と種サンプリング効果指標 (SSEI) を提案します。また、将来的にこれらの指標を継続的に追跡するためのプラットフォームも提供しています。

この指標の枠組みを実証するために、著者らはGBIFを介した5億件近い種のオカレンスを利用し、31,000件以上の陸上脊椎動物を評価しました。その結果、42%の国が過去10年間で調査範囲の増加傾向を示しており、これは主に鳥類データの急増によるものでした。鳥類以外の分類群について増加傾向が見られた国は、全体の20%以下でした。市民科学のイニシアチブは生物多様性データにとって貴重な貢献ですが、これらの調査結果は、知識のギャップを埋めるにはまだ最適化さ

れていないことを示しています。データの網羅性を確実に向上させるために、著者らは、収集した記録や種の数から、貢献した記録の価値へとインセンティブをシフトさせることを推奨しています。

以前は包括的なサンプリングを行っていた地域、例えば西ヨーロッパやオーストラリアでは、その進歩が鈍化しているように見えました。このような場合、目標に遅れをとっている国のデータ動員や能力構築を支援するために投資をシフトすることが、国連生物多様性条約 (CBD) で定められた目標達成に貢献する可能性があります。そのようなプロジェクトの例として、著者らはGBIFのBIDとBIFAプログラムを取り上げました。

Oliver RY, Meyer C, Ranipeta A,
Winner K and Jetz W (2021)

USA, Germany

Global and national trends,
gaps, and opportunities in
documenting and monitoring
species distributions

PLOS Biology

doi.org/10.1371/journal.pbio.3001336



インド西太平洋マングローブ林の保全目標の優先順位付け



Sonneratia alba Sm. observed in Darwin, Australia by David Spencer Muirhead (CC BY-NC 4.0)

保全生物学

気候変動

種のおカレンス
12,101件

マングローブ10種の生息地適性をマッピング、将来の豊かさの減少を予測し、優先地域と種を特定する研究

マングローブ林は、沿岸地域社会の生計に直接影響を与える様々な重要な生態系サービスを提供しています。気候変動と一般的な人間の活動全般がマングローブを脅かす中、特にマングローブの多様性が豊かでありながら対応能力が限られている地域では、保全対象を特定することが極めて重要です。

この研究では、中国の中山大学の著者たちが、異なる科から10件の代表的なマングローブ種を選択しました。これらの種は属レベルでインド西太平洋 (IWP) 地域に限定されており、この地域には50以上の種が生息しています。これらのうち、7種は本物のマングローブで、3種はマングローブの仲間でした。

GBIFを介した種のおカレンス記録を、5kmのグリッドセルに希釈し、30件の環境変数を用いて、研究チームは8つの異なるアルゴリズムに基づくアンサンブルモデルを開発し、過去、現在、未来の気候におけるIWPの10種の潜在的分布をマッピングしました。

作成されたマップから、IWP地域の約10%が現在マングローブとその仲間に適していることが明らかになりました。

かになりました。全体的な生息適地は2050年までに増加すると予測されたが、その増加は低い種の豊かさによるものであり、中程度から高い種の豊かさを持つセルでは急激な減少が予測されました。

この研究では、過去の避難場所として特定された地域を含む、数カ国における保全活動の優先地点を特定し、同時に5つの種を最優先事項としてランク付けしました。著者らは、保護区に指定されている場所の現在の範囲を評価し、特に発展途上国における具体的な特定のマングローブに対する管理計画の必要性を強調しました。

Banerjee AK, Feng H, Lin Y, Liang X, Wang J and Huang Y (2022)

China

Setting the priorities straight
- Species distribution models
assist to prioritize conservation
targets for the mangroves

Science of The Total
Environment

doi.org/10.1016/j.scitotenv.2021.150937



保全評価のための、種の分布をマッピングする データ駆動型地理空間ワークフロー



Booted racket-tail [*Ocreatus underwoodii* (R.Lesson, 1832)] observed near Cali, Colombia by Delmar W. Bachert (CC BY-NC 4.0)

保全生物学

種のおカレンス
18,664,669件

ワークフローは、保全活動のために種をマッピングすることを容易にし、専門家が作成した範囲マップよりも高い精度で推定値を作成する

保全活動のための種の絶滅リスクの評価には、通常、種の分布に基づく様々な指標が関与します。種の分布モデリングは、適切な生息域の範囲を予測するために使用される一般的なアプローチですが、そのようなモデルは特異な決定に依存する可能性があり、複数の種に対して実施するのは困難です。

本研究で著者らは、逆距離重み付け (IDW) と呼ばれる使いやすく確定論的な手法に依拠した、シンプルな5ステップの地理空間ワークフローを開発し、種の範囲内の生息域 (AOH) をマッピングしました。これは、保全計画や意思決定に適しています。

著者らは、GBIFを介したアメリカ大陸の森林性鳥類のおカレンスデータを用いて、723種をケーススタディとして選び、IDWワークフローの性能を評価しました。彼らはおカレンスデータを使って、それぞれの種の出現範囲 (EOO) を描いて定義をし、種が一度も記録されなかったeBirdホットスポットからの欠損データを導出しました。

BirdLifeによる専門家によって描かれた地図と比

較すると、IDWワークフローは、省略および誤植の両方のエラーが大幅に少ない、40%と高い精度の地図を生成しました。範囲の大きさに有意差は見られありませんでしたが、専門家が描いた地図のAOH値は、IDWで推定した値よりも一貫して小さくなっていました。

種の分布モデリングよりも技術的な敷居が低く、専門家が描いた地図よりも全体的に精度が向上し、信頼度が高いことから、著者らは、再現可能なIDWワークフローは、保全活動のための重要地域の特定や保護区の設定に確実に使用できると主張しました。

Palacio RD, Negret PJ,
Velásquez-Tibatá J and
Jacobson AP (2021)

USA, Colombia, Australia

A data-driven geospatial
workflow to map species
distributions for conservation
assessments

Diversity and Distributions

doi.org/10.1111/ddi.13424



植物標本の植民地時代の遺産



Erythroxylum pelleterianum A.St.-Hil. collected in Brazil via the National Museum of Natural History, Smithsonian Institution, USA

生物多様性科学



種のおカレンス
50,303,354件

研究によれば、植物標本の植民地的搾取は、自然に存在する場所と科学的に重要な証拠を記録・収蔵する場所との関係を逆転させる

世界中の植物標本館にある4億点の標本は、地球上の植物相を理解するための基礎となっています。もともとは種を記載し、経済的価値のありそうな種を同定するために収集された植物標本は、さらなる技術革新の基礎として何度も役立ってきましたが、これらのコレクションは、初期の植物学的探求にしばしばつきまとう搾取の枠組みから生まれた、根強い植民地時代の遺産を背負っています。

『Nature Human Behaviour』誌に掲載された研究では、Park氏と各大陸31カ国の同僚らが、8,500万点以上の植物標本のデータを用いて、標本の地理的収集・保管パターンを分析しました。著者らは、GBIFを介した5,000万件以上の記録と、39カ国92植物園からのデータを利用しました。

第二次世界大戦(WWII)前後の国別マトリックスを作成したところ、植民地主義がコレクションに強く刻印されていることが明らかになりました。世界の植物相の大部分は温帯地域に保管され、米国とヨーロッパ数カ国の機関には、これらの国に生息する種の2倍以上の数が保管されていました。世界各地からヨーロッパと北米への標本の移動の歴史的傾向は、第二次世界大戦後もほぼ一定でした。他の大陸から収集された標本の割合は第二次世界大戦後に増加し、米国が海外標本の最大の収集国に浮上しました。

著者らは、今後のハーバリウムのキュレーションや利用において包括性を確保するために、標本の解釈や科学研究における役割とともに、植民地時代の遺産に対する謝辞をコレクションに記載すべきだと提案しました。また、格差に対処する可能性のある手段として、「Biodiversity Information for Development (BID)」のような的を絞った資金援助イニシアティブを強調しました。最も重要なこととして、植民地支配下にあった人々のニーズや希望が、これらのコレクションの植民地支配の歴史に取り組む努力の指針とならなければならないことを強調しました。

Park et al (2023)



USA, Indonesia, Japan, Venezuela, Hungary, France, Argentina, Netherlands, Belgium, Peru, Czechia, India, Switzerland, Finland, Australia, South Africa, Uzbekistan, Korea, Republic of Singapore, Italy, Kenya, Russian Federation, Poland, Germany, UK, Canada, Austria, Ukraine, Norway, China



The colonial legacy of herbaria



Nature Human Behaviour



doi.org/10.1038/s41562-023-01616-7



01616-7



メソアメリカ作物の野生近縁種の絶滅リスク



Vanilla hartii Rolfe (EN), observed in Chiapas, MX by Guillermo SG (CC BY 4.0)

農学

保全生物学



種のおカレンス
3,284件



メキシコ、グアテマラ、
エルサルバドル、ホン
ジュラス

専門家グループが、メソアメリカの重要な作物の近縁種200種以上を評価した結果、高い割合が深刻な脅威にさらされていることを発見

作物野生近縁種(CWR)とは、家畜化された農作物の野生の近縁種で、気候変動やその他の脅威に直面して重要な食糧源を強化するのに役立つ遺伝的多様性の重要な源です。メソアメリカは、トウモロコシ、カボチャ、アボカド、バニラ、綿花など、多くの重要作物の家畜化、野生種の多様性、原産地の重要な中心地です。

本研究では、ステーキホルダー・ワークショップにより、メソアメリカで栽培または家畜化された作物に関連する224件の優先CWR分類群を選定し、IUCNレッドリストのカテゴリーと基準に従ってその絶滅リスクを評価しました。GBIFやその他の情報源から得られたおカレンスデータを用いて、専門家が種の分布図と豊かさマップを作成し、対象種ごとに出現範囲(EOO)と占有範囲(AOO)を算出しました。

評価されたCWR分類群のうち、35%が絶滅危惧IA類(CR)7種、絶滅危惧IB類(EN)48種、絶滅危惧II類(VU)16種とされました。絶滅のおそれのある近縁種の割合が最も高い作物はバニラ *Vanilla* で100%(8分類群、すべてCRまたはEN)、次いでワタ属(*Gossypium*)が92%、アボカド(ワニナシ属 *Persea*)が60%、そしてトウモロコシ(*Zea*品種)で44%、*Tripsacum*属(イネ科)で33%でした

CWR分類群の多様性が最も高いのはメキシコのハリスコ州(31分類群)とオアハカ州(28分類群)

で、絶滅の危機に瀕している分類群の多くはベラクルス州に存在しました。脅威のプロセスとしては、農業や農作業によってもたらされる土地利用の変化、害虫、侵略的外来種が支配的でした。

気候変動が既存の作物や農法に影響を及ぼし、CWRとその遺伝的可能性が脅かされていることから、本研究は、将来の食糧安全保障を確実にするために、メソアメリカにおいてより持続可能な農業を推進し、CWR保全を支援する政策を実施する必要性を浮き彫りにしました。

Goettsch B, Urquiza-Haas T, Koleff P, Acevedo Gasman F, Aguilar-Meléndez A, Alavez V, Alejandro-Iturbide G, Aragón Cuevas F, Azurdia Pérez C, Carr JA, Castellanos-Morales G, Cerén G, Contreras-Toledo AR, Correa-Cano ME, De la Cruz Larios L, Debouck DG, Delgado-Salinas A, Gómez-Ruiz EP, González-Ledesma M, ... and Jenkins RKB (2021)

UK, Mexico, Guatemala, El Salvador, Colombia, Argentina, USA

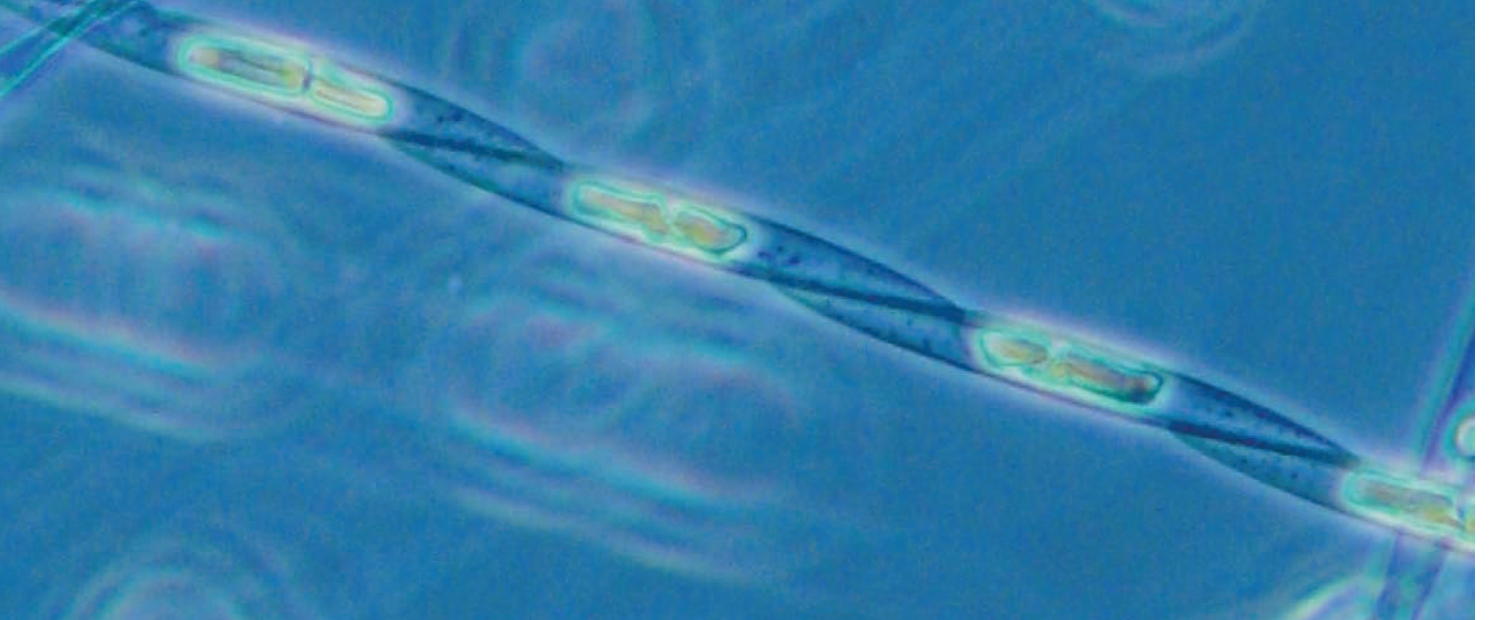
Extinction risk of Mesoamerican crop wild relatives

PLANTS, PEOPLE, PLANET

doi.org/10.1002/ppp3.10225



地球温暖化が海洋プランクトン群集を 入れ替える



Pseudo-nitzschia seriata (Cleve) H.Peragallo, 1899 observed in Sausalito, CA, USA by glanglois (CC BY-NC 4.0)

海洋生物学

気候変動

生態系サービス

種のおカレンス
790,103件

世界のプランクトン分布のアンサンブルモデルを用いた研究は、世紀の終わりに向けてプランクトン群集が大規模に再編成され、プランクトンを介した生態系サービスへの潜在的な脅威を示唆

海洋食物連鎖の基盤を形成する海洋プランクトンは、炭素隔離を含む多くの生態系サービスに不可欠です。海水温の上昇は、種の分化と多様性を促進する可能性がある一方で、種はより適した気候へと生息域を移動せざるを得なくなります。

本論文では、GBIFやその他の情報源から得られたおカレンスデータと、地表温度、酸素濃度、太陽放射照度、多量栄養素レベルなどの環境変数に基づいて、800種以上の植物プランクトンおよび動物プランクトンの種分布モデルのアンサンブルを構築しました。

現在のところ、構築されたモデルは、赤道から極地に向かって年間平均値が減少する、強い緯度方向の豊かさ勾配を予測しました。植物プランクトンは熱帯の上昇流で豊かさのピークを示し、動物プランクトンは亜熱帯でピークを示しました。

温室効果ガスが大量に排出される将来の気候シナリオにモデルを当てはめると、今世紀末には、主に海洋表面水温の変化によって、平均的な種の

豊かさが全体的に増加することがわかりました。しかし、モデルでは、種の分布が35km/10年の速度で極方向に移動し、温帯緯度地域では種の多様性が増加し、熱帯地域では減少することも予測されました。

種の生息域が移動するにつれて、プランクトン群集の構成は、新たな種の相互作用によって再編成されるでしょう。著者らは、このような複合的な変化によって、プランクトンの炭素隔離による生物炭素ポンプ効果(carbon pump effect)が弱まり、特に影響を受けやすい地域では、機能的生態系が崩壊する危険性があることを示唆しています。

Benedetti F, Vogt M, Elizondo UH, Righetti D, Zimmermann NE and Gruber N (2021)

Switzerland

Major restructuring of marine plankton assemblages under global warming

Nature Communications

doi.org/10.1038/s41467-021-25385-x

DOI

ヨーロッパにおける大型菌類の分布と多様性



Hairy curtain crust (*Stereum hirsutum* (Willd.) Pers.) observed in Gribskov, Denmark by dschigel (CC BY 4.0)

生態学

種分布



種のおカレンス
1,222,432件



フィンランド、フランス、
スペイン、ドイツ、ノルウ
ェー、オランダ、デンマ
ーク、スウェーデン

大型菌類の多様性と分布に対する人為的攪乱の思いもよらぬポジティブな影響を発見、スカンジナビア南部の潜在的生物多様性ホットスポットを特定

栄養循環や炭素貯蔵に重要な役割を果たす菌類は、動物や植物に比べて知見が乏しく、保全や環境管理の妨げとなっています。

大陸規模での菌類の多様性と分布を明らかにするため、研究者らはGBIFを介した1,845種のおカレンスデータと25件の環境変数のデータを組み合わせ、ヨーロッパ8カ国にわたり、5kmの解像度で事前予測モデルを作成しました。この研究では、外生菌根菌（相利共生生物）と腐生菌（分解者）という2つの主要な機能グループを区別しました。

モデル出力を分析した結果、著者らはデンマーク東部とスウェーデン南部で最も高い分布確率と種の豊富さを発見し、両機能群について新たな真菌生物多様性ホットスポットを特定しました。一方、フランスとスペインは、分布確率が低く、種の豊かさも比較的低くなりました。

モデルによって明らかになったパターンは、優占樹種、樹木の被度、人間の足跡によって最もよく説

明されました。腐生菌の多様性はブナ属 (*Fagus spp.*) の木の本数が多いほど増加し、外生菌根菌の種はトウヒ属 (*Picea spp.*) が優占する地域で最も発生しやすいとわかりました。

人為的活動は、一般的に生物多様性にマイナスの影響を与えることが分かっていますが、本研究では菌類の分布確率と正の相関を示しました。著者らは、人為的な変化が、特定の菌類にとって有益な、従来は希少な生息地を新たに作り出しているのではないかと推測しています。

Yu H, Wang T, Skidmore A,
Heurich M, Bässler C and Kivlin
S (2021)

Netherlands, Australia, Germany

The critical role of tree species
and human disturbance in
determining the macrofungal
diversity in Europe

Global Ecology and
Biogeography

doi.org/10.1111/geb.13372



気候変動がインドネシアの薬用植物に 脅威をもたらす



Gentiana quadrifaria Blume, one of the 10 species with the smallest areas of suitable climate across all future scenarios. Observed by Hani Ristiawan in Central Java, Indonesia (CC BY-NC 4.0)

気候変動

健康

種のおカレンス
4,446件

インドネシア

種分布モデルは、インドネシアの薬用植物種の3分の2について、将来、生息に適した気候が著しく失われることを予測

2つの生物多様性ホットスポットを抱えるインドネシアは、世界でも有数の生物種が豊富な国で、地域的にも世界的にも計り知れない潜在的価値を持つ、医療に関連する多くの植物が生息しています。しかし、気候の変化はこれらの種の分布に影響を与え、脅威をもたらしています。

本論文の著者らは、GBIFを介したインドネシアにおける139種の優先的な薬用植物のおカレンスを調査し、現在の気候条件下と、2050年と2080年の温室効果ガス排出量の予測に基づく将来の条件下における種の分布モデルを作成しました。

モデルは、インドネシアの薬用植物の3分の2が、気候に適した地域を獲得するどころか、むしろ失うだろうと予測しました。調査対象となった植物種の半数以上が、分布適地の最大80%を失うことになり、パプア、ジャワ、スラウェシで最も大きな損失が見られました。

国際自然保護連合(IUCN)のレッドリスト基準に従って薬用植物の将来の脅威レベルを評価することにより、著者らは、この国で推奨される長期的

な保全努力の最優先事項として20種を特定しました。

Cahyaningsih R, Phillips J,
Magos Brehm J, Gaisberger H
and Maxted N (2021)

UK, Indonesia, Italy, Austria

Climate change impact on
medicinal plants in Indonesia

Global Ecology and
Conservation

[doi.org/10.1016/j.gecco.2021.
e01752](https://doi.org/10.1016/j.gecco.2021.e01752)



市民科学の写真から植物の形質分布を 予測する機械学習の利用



Calceolaria hyssopifolia Kunth observed in Cuenca, Ecuador by bb_593 (CC BY-NC 4.0)

気候変動

種のおカレンス
10,000,000件以上

形質データと観察写真を組み合わせ、植物形質の世界分布を自動予測するニューラルネットワークモデルを作成

生態系が地球規模の変化にどのように対応するかは、生態系内の種間で利用可能な機能的形質を調べることによって、最もよく把握することができます。生態系の迅速なモニタリングは、機械学習技術によって支援される、効果的な群集形質測定によって促進される可能性があります。

この論文で著者らは、写真から植物の形質を予測することを目的とした畳み込みニューラルネットワーク(CNN)を設計し、葉面積、種子量、茎密度などの既知の種の形質に関するTRYデータベースを用いて訓練し、GBIFを介したiNaturalistの写真による観察と組み合わせました。

さらに、形質の可塑性と、観測の開始時点における地域の気候に関するデータを加え、著者らは、高い再現性と低いエラー率を示すアンサンブルモデルを作成しました。このモデルは、成長形態、分類群、および生物帯にわたってうまく一般化されました。

このモデルの可能性を実証するために、著者らはiNaturalistの別個の観測データセットを用いて、

植物の形質分布のグローバルマップを作成しました。作成されたマップは、葉面積、高さ、種子量などの形質について、赤道付近をピークとする単峰性の緯度分布を表し、同時に葉の窒素濃度も北温帯と極域でピークを示しました。

北米では、葉面積が高い(東部)から低い(西部)という縦断的な勾配が明らかになりましたが、窒素濃度と茎密度については逆の傾向が観察されました。これらの予測を組み合わせは、既存の植物形質の世界地図と有意な相関が見られました。

Schiller C, Schmidlein S,
Boonman C, Moreno-Martínez A
and Kattenborn T (2021)

Germany, Netherlands, Spain

Deep learning and citizen
science enable automated
plant trait predictions from
photographs

Scientific Reports

doi.org/10.1038/s41598-021-95616-0



IUCNレッドリストのデータ不足カテゴリーに含まれる種の半数以上が絶滅のリスクに直面



Oedipina capitalina Solis, Espinal, Valle, O'Reilly, Itgen & Townsend, 2016 observed in Comayagüela, Honduras by Josue Ramos Galdamez (CC BY-NC 4.0).

保全生物学

GBIFを活用した新しい研究によると、機械学習によって導き出された絶滅の可能性の確率を分析すると、データが不足しているとされる両生類の最大85パーセントが消失する可能性があることを示唆

この研究では、ノルウェー科学技術大学 (NTNU) の研究者らが、新しい機械学習分類器の結果を提案し、IUCNのレッドリスト(絶滅危惧種リスト)でデータ不足(Data Deficient)に分類されている種の半数以上が絶滅の可能性が高まっていることを示唆する、結果を発表しています。

特に驚くべきなのは、DDに掲載された両生類の85%、DDに掲載された海洋無脊椎動物、昆虫、哺乳類、爬虫類の半数以上が絶滅の危機に瀕していると分類学者は予測しています。レッドリストでは約15万種の評価対象種のうち15%近くがデータ不足とされており、これはしばしばリスクが低いという印象を与え、生物多様性への影響や変化に関する研究から除外されることにつながります。いくつかの先行研究と一致するように、今回の分析では、データが十分にある(Data Sufficient)種よりもデータ不足(DD)種の方が、実際に絶滅の危機に瀕している割合が高い可能性を示唆しています。

この分け方は、分類学、生息地の嗜好性、専門家による生息域マップ、GBIFを介したオカレンスなど、400を超える事前要因、人的圧力、環境ストレス要因に基づき、気候、土地被覆、人間の足跡、殺虫剤使用、その他いくつかの要因に関する変数

導き出しました。著者らは、28,363種のDS種のデータセットを分類器のトレーニングとテストに使用し、85%の総合的な精度を得ました。7,699種のDD種のデータセットに適用したところ、絶滅の危機に瀕している確率はDS種よりも平均して高くなりました。

この論文の著者は、ユーザーが分類法のアルゴリズムをテストし、DD種とその絶滅リスク推定値の全データセットを探索できるインタラクティブなウェブサイトを作成しました。

今年初め、GBIFとIUCNは、データ不足を含む世界的なIUCNレッドリストのカテゴリー別に生息地をフィルタリングできる新機能をリリースし、両者の協力関係のマイルストーンを達成しました。

Borgelt J, Dorber M, Høiberg MA
and Verones F (2022)

Norway

More than half of data deficient
species predicted to be
threatened by extinction

Communications Biology

[doi.org/10.1038/s42003-022-](https://doi.org/10.1038/s42003-022-03638-9)

03638-9



研究結果: 東南アジアで毎年6万人以上がARS 関連コロナウイルスに感染している可能性



Hipposideros larvatus (Horsfield, 1823) observed in Pahang, Malaysia by Xavier Rufray (CC BY-NC 4.0)

健康

種のおカレンス
209,529件

バングラディッシュ、ブー
タン、ブルネイ、コロ
ンビア、中国、香港、マカ
オ、インド、インドネシ
ア、ラオス、マレーシア、
ミャンマー、ネパール、フ
ィリピン、シンガポール、
スリランカ、タイ、東ティ
モール、ベトナム

東南アジア全域の23種のコウモリを宿主とするSARS関連コロナウイルスによるヒト感染のリスクを推定する研究結果を発表

この研究では、23種のコウモリに由来するSARS関連コロナウイルス(SARSr-CoV)に、東南アジアで毎年66,000人以上が直接感染していると推定しています。

2002年のSARS、2012年のMERS、2019年のCOVID-19の出現以来、これらと同じウイルスが世界中で大規模な混乱を引き起こしています。コウモリからのSARSr-CoVの伝播は、家畜の食用動物やヒトと密接に接触している野生動物などの中間宿主を介して起こったと考えられています。最近の証拠はヒトとコウモリの直接感染も指摘しています。軽度またはほとんど症状のない多くの感染は、ほとんど人から人への伝播がないため検出されない可能性があります。それでもウイルス適応の機会、ヒトからヒトへの感染拡大のリスクを示しています。SARSr-CoVによるヒト感染のリスクを推定するために、本研究の著者らは、ある地域に住む人の数と、ヒトとコウモリの接触確率および感染の検出確率の組み合わせとしてリスクを定義する確率論的評価を利用しました。

著者らは、東南アジアに生息する既知のコウモリSARSr-CoV宿主種26種の生息域マップをIUCNの生息域マップから導き出し、生息適性によって改良し、GBIFを介したおカレンスデータで検証しました。その結果、SARSr-CoVに感染しているコウモリの生息域は500万km²以上に及び、5億人

近くの人々が生活していることがわかりました。ヒトとコウモリの接触に関する文献、コウモリとの遭遇を報告したヒトのウイルス陽性血液サンプル、ヒトのSARS抗体持続期間などのデータを加味して、著者らはこのコンセンサスエリア内では毎年中央値で66,280人がSARSr-CoVに感染していると推定しています。

この知見とそれに付随する地図は、最もリスクの高い地域を特定し、的を絞った監視と波及事象の早期発見、新規コウモリコロナウイルスの同定を促すことで、公衆衛生対策、パンデミック対策、将来のアウトブレイク予防を改善する可能性があります。

Sánchez CA, Li H, Phelps KL,
Zambrana-Torrelío C, Wang
L, Zhou P, Shi Z, Olival KJ and
Daszak P (2022)

United States, China, Singapore

A strategy to assess spillover
risk of bat SARS-related
coronaviruses in Southeast Asia

Nature Communications

doi.org/10.1038/s41467-022-
31860-w



海藻を養殖し、食糧、電力、そして地球を救う



Ascophyllum nodosum (L.) Le Jol. observed in Jersey by Nicolas Jouault (CC BY-NC 4.0)

海洋生物学

農学

気候変動

持続可能な開発目標を達成するための大規模な海藻養殖の可能性を探り、二酸化炭素排出を抑制するブルーエコノミーを通じて環境的・社会経済的利益を提供

大規模な海藻養殖は、農地転換を減らし、温室効果ガス排出を緩和し、経済的に価値のある食料、飼料、バイオ燃料の代替供給源となる可能性はあるのでしょうか？

本研究ではまず、GBIF、オーストラリア生物多様性アトラス(ALA)、海洋生物多様性情報システム(OBIS)のオカレンスデータと、空間的に明示的な海洋データレイヤー群を組み合わせ、34種の海藻の分布をモデル化することで、世界的な養殖の可能性を推定しました。そして既存の文献を用い、この一連の種が人間の食料、家畜の飼料、バイオ燃料として生産される可能性と持続可能性について検討しました。

これらの知見に基づき、著者らは、海藻代替が陸上農業と世界の持続可能性に与える影響について、食品、飼料、バイオ燃料のいずれかに焦点を当て、それぞれ単独で、あるいは組み合わせて、さまざまなシナリオをモデル化しました。また、家畜の飼料を特定の海藻(アスパラゴプシス)で補うという特別なシナリオも検討しました。アスパラゴプシスはメタンの生成を減少させる特性があります。

分布モデルにより、海藻の養殖に適した海域が6

億5,000万ヘクタール(Mha)で、これはすべての主要なシナリオの需要を満たすために必要なサイズの約3倍であることがわかりました。海藻が世界の食生活の10%を占める食料シナリオだけで、1億1000万ヘクタールもの自然土地が節約され、年間10億トン以上のCO₂排出を削減できます。

反芻動物の飼料の0.5%をアスパラゴプシスで補うだけで、CO₂換算排出量を年間約26億トン削減できる可能性があり、他のすべてのシナリオと比較すると、必要な海域はごくわずかです。これは、2021年の世界の排出の約7.5%に相当していて、インドの化石燃料からの炭素排出と同等です。

Spillias S, Valin H, Batka M, Sperling F, Havlík P, Leclère D, Cottrell RS, O'Brien KR and McDonald-Madden E (2023)

Australia, Austria

Reducing global land-use pressures with seaweed farming

Nature Sustainability

doi.org/10.1038/s41893-022-01043-y



人獣共通感染症の発生における コミュニティエコロジーの役割



Macaca radiata (É.Geoffroy Saint-Hilaire, 1812) observed in Nalkeri Forest, Karnataka, India
by Kiran JM (CC BY-NC 4.0)

健康

種のおカレンス
2,826件

インド

インドの西ガーツ山脈の森林伐採地における哺乳類の豊かさの減少が、K- yasanur森林病ウイルス(KFDV)の発生リスクと関連

人獣共通感染症であるウイルス性疾病の発生がますます増加しており、人間が野生生物の生息地により多くの圧力をかけるにつれて、より一般的になりつつあります。そのため、病原体の循環と波及のプロセスに対する地域社会の生態系の影響を理解することが、これまで以上に重要になります。

Kyasanur Forest disease virus(KFDV)は、インドの西ガーツ山脈地域で新たに出現したマダニ媒介病原体で、研究者たちはこの研究で、種の豊かさと森林喪失が発生を形成する上で果たす役割を検証することに焦点を当てました。種の豊かさの尺度として、著者たちはまず、気候、森林被覆、および人間の影響などの変数を用いてGBIFを介して得られた24種の哺乳動物の分布をモデル化しました。

このモデルをKFDVの発生分布と並べると、病気、種の豊かさ、森林損失の間に有意かつ実質的な関連があることが明らかになりました。その結果、哺乳類の豊かさはKFDV発生の増加と関連していましたが、これは森林損失が最小の場合に限られました。森林の減少が進むと、関連性は逆転し、種の豊かさが低いほど病気のリスクが高まりました。

この研究では、特定の霊長類であるボンネットモンキー(*Macaca radiata*)、クロアシラングール(*Semnopithecus hypoleucos*)、カンムリラングール(*Semnopithecus priam*)が特定され、これらの霊長類の相対的な生息数はKFDV発生の増加と関連していました。著者たちは、これらの種のモニタリングを監視プログラムに組み込み、これらをKFDVの循環の監視員として活用することを提案しました。

全体として、本研究は、生息地の分断と生物多様性の損失から波及拡大の経路を示すこれまでの知見を補強するものでした。ウイルスの維持と感染生態の具体的なメカニズムを特定することはできませんでしたが、景観の変化に強い種がKFDVの波及に最も関係している可能性が示唆されました。

Walsh MG, Bhat R, Nagarajan-Radha V, Narayanan P, Vyas N, Sawleshwarkar S and Mukhopadhyay C (2021)

Australia, India

Low mammalian species richness is associated with Kyasanur Forest disease outbreak risk in deforested landscapes in the Western Ghats, India

One Health

doi.org/10.1016/j.onehit.2021.100299



複数の生物多様性指標を統合して、 保全において重要な新しい地域を特定する



Agapetes praeclara C.Marquand observed in Nyingchi, Tibet, China by stinkyshi (CC BY-NC 4.0)

生物多様性科学

保全生物学

生物地理学

加重された特有性の指標を使用して、チベット高原において保全の価値がある一連の地域的な種豊富なエリアを明らかにする

生物多様性の尺度は種の豊かさだけでなく、ある地域に存在する種の数も重要ですが、固有性、系統的多様性、進化的特異性といった要素も、生物多様性保全の優先地域を特定する際には重要です。

チベット高原を対象としたこの研究では、12,000種の種子植物に関するGBIFのデータを用いて、50×50kmの範囲における種の豊かさ、重み付け固有性、系統的多様性、系統的固有性、生物地理学的重み付け進化的特異性など、生物多様性のいくつかの尺度を評価しました。

全体的な結果は、この地域の南東部から北西部にかけて、一貫して徐々に多様性が減少していることを示しました。また、必ずしも種数が多いとは限らない固有性の高い地域を特定するために、修正された加重固有性(CWE, *corrected weighted endemism*)という指標を用い、これまで認識されていなかったユニークな多様性地域をいくつか発見しました。これらは、すでに知られているホットスポットと重なる他の多様性指標とは対照的でした。

新たに確認された固有性の高い地域のうち9ヵ所は、保護が行われていないか不十分な場所に位置しており、地域の保全戦略を再評価する必要性が示唆されました。

Yu H, Deane DC, Zhang Y, Li S, Miao S, Xie G, Yin X and Favre A (2021)

China, Germany

Integrating multiple indices of geobiodiversity reveals a series of regional species-rich areas worthy of conservation in the region of the Qinghai-Tibet Plateau

Biological Conservation

doi.org/10.1016/j.biocon.2021.109238



サンプリング・バイアスが自然界の見方を形成する



A murmuration of starlings (*Sturnus vulgaris* Linnaeus, 1758) observed near Diss, South Norfolk, UK by Wendy Herniman (CC BY 4.0)

生物多様性科学

大規模な調査により、陸域および海域で入手可能な種のおカレンスデータには、分類学および地理学的に大きな偏りがあること明らかにし、世界の未開発で遠隔でアクセスが難しい地域でのサンプリングの増加の必要性を強調

GBIFとOBISから得られた7億4,000万以上の種のおカレンスに関する包括的な世界的分析において、研究者たちは、偏りとその潜在的な要因を特定するために、脊椎動物と無脊椎動物の代表的なグループの空間的および分類学的範囲を調査しました。

その結果、5kmの解像度では、地球表面の7%以下（海洋の5%、陸地の11%）しかサンプリングされていないことがわかりました。鳥類を除外すると、そのカバー率は海洋のわずか4%、陸地の7%にまで減少しました。

分類学的な偏りの観点では、OBISのデータでは属の半分以上、GBIFのデータではわずか100種の鳥類が、それぞれ全記録の50%以上を占めていました。地理的には、GBIFデータの80%近くがわずか10カ国からのもので、その範囲は一人当たりGDPと強い相関関係がありました。

また、全記録の80%が道路から2.5km以内にあることもわかりました。哺乳類では22%、クモ類では47%の記録が都市から1km以内で発見されました。陸地の9%しか占めていないにもかかわらず

ず、温帯広葉樹林は陸上記録の約50%を占めました。

海洋領域では、記録の18%と種の41%が、海洋のわずか2%を占める最も交通量の多い航路と一致していました。全海域の65%を占める外洋では、海洋記録の32%が記録されていました。

この研究は、博物館の標本のデジタル化、戦略的な標準化された調査、およびデータ共有のための支援の強化を求めています。また、高い山や深い海などアクセスの難しい地域のカバレッジを向上させるために、BIDやBIFAなどのGBIFの取り組みを例に挙げ、市民科学のアプローチが不十分な場合に特に重要です。

Hughes AC, Orr MC, Ma K,
Costello MJ, Waller J, Provoost P,
Yang Q, Zhu C and Qiao H (2021)

China, New Zealand, Denmark,
France

Sampling biases shape our view
of the natural world

Ecography

doi.org/10.1111/ecog.05926

DOI



サンゴの絶滅が、世界の熱帯魚の半数を絶滅させる可能性



School of *Caesio caerulea* Lacepède, 1801 observed at Hastings Reef, Australia
by imogenisunderwater (CC BY-NC 4.0)

気候変動



種のおカレンス
7,408件

統計モデルによると、サンゴ礁の白化現象によるサンゴの絶滅は、予想よりもはるかに多くの種に影響を与え、世界のサンゴ礁の魚類の豊かさを40%以上減少させる可能性

サンゴ礁は、魚類やその他のサンゴ礁生物の生息地として、餌と構造の複雑さに貢献しています。多くのサンゴ礁魚類は海水温の上昇に耐えることができますが、サンゴはより敏感で、白化によって引き起こされる絶滅の影響は、サンゴに厳密に依存している種をはるかに超える可能性があります。

この研究では、GBIF、OBIS、IUCN のデータを使って、サンゴと熱帯魚の豊かさの世界分布をマッピングしました。そして、限られた自然史情報と、サンゴの豊かさが魚類に及ぼす間接的な環境影響について統計モデルを用いて、魚類の豊かさのサンゴへの依存度を推定しました。

サンゴのない世界をシミュレートしたところ、熱帯サンゴ礁の魚種の41%がサンゴに依存しており、これらも失われると予測されました。サンゴの消失が魚類群集に与える影響をより包括的に見るために、著者らは系統的多様性と機能的多様性も考慮し、モデルではそれぞれ32%と23%の減少が予測されました。

サンゴ礁の全滅は悲観的に聞こえるかもしれませんが、気候変動に基づく予測では、最も深刻な炭素排出シナリオの場合、2060年までに世界のサンゴ礁の100%が少なくとも1回の白化現象にさらされると予測されています。

Strona G, Lafferty KD, Fattorini S, Beck PSA, Guilhaumon F, Arrigoni R, Montano S, Seveso D, Galli P, Planes S and Parravicini V (2021)

Finland, USA, Italy, Maldives, France, French Polynesia

Global tropical reef fish richness could decline by around half if corals are lost

Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences

doi.org/10.1098/rspb.2021.0274



土壌のハイドロメカニクスを用いた ミミズの世界分布予測



Lumbricus terrestris Linnaeus, 1758 observed in Baltimore, MD, USA by akamediancat (CC BY-NC 4.0)

種の分布

生態学

農学

種のおカレンス
72,013件

研究者らが、主要な地下の“生態系エンジニア”の生息地適性と観察された分布との間に強い相関関係を示す、機械的なバイオメカニカルモデルを開発

ミミズは重要な「生態系エンジニア」と考えられています。ミミズが穴を掘って形成する土壌間隙は、水の流れ、通気、成長する根による再利用のための通路として機能するためです。これまでの研究では、例えばミミズの活動によって特定の作物の収量が最大25%向上する可能性が示唆されています。

スイスの研究チームは、ミミズが土壌をどのように攪乱するかを調べるため、ミミズの水力学的骨格が支える最大圧力を200キロパスカル(kPa)と計算することから始めました。この測定値を土壌湿度と質感に関する世界的なデータに当てはめ、世界中の0.1度のグリッドをモデル化し、平均膨張限界圧力に基づいてミミズが穴を掘ることができる場所を特定しました。永久凍土、酸性pH、砂の含有量、その他の制限因子がある地域を除外した後、機械的な生物物理学モデルを微調整し、気候が変化してもミミズが移動できる可能性のある土壌ゾーンを予測しました。

GBIFを介したミミズのデータを用いて、予測された分布と観測されたオカレンスを比較したところ、報告されたミミズの86%がモデルの分類と一致しました。しかし、残りの偽陰性を検証したところ、これらの記録は河川堤防や異常降水帯などの局所的な地理的特徴と一致することが多いことがわかりました。

Ruiz SA, Bickel S and Or D (2021)

Switzerland, UK, USA

Global earthworm distribution and activity windows based on soil hydromechanical constraints

Communications Biology

doi.org/10.1038/s42003-021-02139-5





外 来 種

この特別章について



カイル・コーパス
コミュニケーションマネージャー

侵略的外来種は、依然としてGBIFを利用した研究において主要なトピックで、この8つの論文からなる小さなサブサンプルは、その関心と興味範囲において、より大きなコーパスを反映しています。これらの論文は、過去、現在、未来の視点から見た侵略のダイナミクスとバイオセキュリティの脅威を理解する上で、GBIFネットワークから得られた場所固有の生物多様性データが広く適用できることを示しています。

GBIFの生物多様性データは、過去、現在、未来の視点から見た侵略のダイナミクスやバイオセキュリティの脅威を理解する上で、幅広く活用することができます。また、何世紀にもわたって地球上に侵入してきた生物に目を向けることもあります。一方、気候変動の影響によって侵入種がもたらす多くのコストが変化したり強化されたりする中で、新しい環境や変化する環境における形質や相互作用の進化的な相互作用を分析し明らかにする能力は、より緊急性を増しています。どのような場合においても、GBIFは、生物学的侵入による脅威を防止または軽減するための行動を支援するために不可欠な情報への容易なアクセスを提供することで、信頼されるリソースであり続けているのです。

人間の開発に伴う人為的な生息地の攪乱が 植物の帰化を左右する



Currently naturalized in 70% of suitable areas, *Syringa vulgaris* L., here observed in Lowell, MA, USA by grakk (CC BY-NC 4.0)

外来種

種のおカレンス
135,189件

気候要因と社会経済要因の両方が、ヨーロッパ産植物の世界的な広がり の違いを説明するのに役立つ

世界で広く帰化している種の半分はヨーロッパ原産で、ヨーロッパ大陸に自生する維管束植物の20%以上はヨーロッパ大陸外に帰化しています。この膨大な数の導入種は、偶然に予想される数の3倍以上で、ヨーロッパ植物相は帰化パターンを研究するための明らかな候補地となっています。

この研究では、GBIFを介した維管束植物のおカレンスを利用して、ヨーロッパ以外に生息する1,485種のヨーロッパ固有種の潜在的分布をモデル化しました。これらの結果を、Global Naturalized Alien Flora (GloNAF) データベースに存在する同じ種の実際の分布範囲と比較し、「帰化債務」、すなわち、他の適切な地域をまだ占めていない種の割合を算出しました。

その結果、ヨーロッパの固有植物は、ヨーロッパ以外の適切な地域の5%未満でしか帰化していないことがわかりました。つまり、面積に換算すると、期待される帰化の95%以上がまだ観察されていないことになります。

社会経済的な要因について調査した結果、人間の開発に関連する人為的な生息地の攪乱の程度が増すにつれて、自然化負債が減少することがわかりました。つまり、より発展した地域でより多くの自然化された種が観察されるということです。

逆説的にも、不適当な環境での帰化に失敗した平

均割合は、侵略的外来種に関連する国際条約が多い先進地域ほど低くなりました。しかしこれは、条約が侵略を促進するというよりも、侵略的外来種が多い地域が条約に加入した結果である可能性が高いと考えられます。

Pouteau R, Thuiller W, Hobohm C, Brunel C, Conn BJ, Dawson W, Sá Dechoum M, Ebel AL, Essl F, Fragman-Sapir O, Fristoe T, Jogan N, Kreft H, Lenzner B, Meyer C, Pergl J, Pyšek P, Verkhovyna A, Weigelt P, ..., and Kleunen M (2021)

China, France, Germany, Australia, United Kingdom, Brazil, Russian Federation, Austria, Israel, Slovenia, Czechia, Serbia, Italy, Switzerland, Spain, Hungary, North Macedonia, Greece, Denmark, Mali, Türkiye, Ukraine, Canada, Poland

Climate and socio-economic factors explain differences between observed and expected naturalization patterns of European plants around the world

Global Ecology and Biogeography

doi.org/10.1111/geb.13316



インドにおける外来植物の帰化と侵入の 成功に影響する要因



Parthenium hysterophorus L., recorded as introduced in 55 countries, observed here near Bilaspur, Chhattisgarh, India by Vivek Kumar Patel (CC BY-NC 4.0)

外来種

進化学

種のおカレンス
93,072件

インド

ケーススタディでは、700種以上の植物について、生物地理学、導入経路、利用、特性、および気候の変数を探索し、なぜ一部の自然化した種が侵入的になるかを明らかに

ある植物が新しい地域に導入された場合、ある障壁を乗り越えることができれば、その植物は帰化し、後に侵入植物となります。研究によれば、導入された植物種のうち帰化するのはわずか10%程度で、そのうち侵略的になるのは10分の1程度です。

外来種から移入種への移行を成功させるパラメータを特定するため、本研究では、世界の植物多様性の11%を有し、3つの主要な生物多様性ホットスポットが存在するインドに焦点を当てて、国内の715種の外来植物のデータを収集しました。それぞれの種について、定着度、自生地と帰化地の大きさ、導入経路、関連する機能的形質など13の変数を決定し、GBIFを介したオカレンスデータをもとに、気候の嗜好性、土地利用クラス、導入からの期間を推定しました。

全体として、侵略的外来植物は帰化植物や野生植物に比べて、帰化範囲が広く、多くの用途があり、葉面積が大きいことがわかりました。生息域の

広さに加え、パス分析から、成長形態が帰化の成功に直接影響すること、一方、導入からの時間が侵入の成功に直接影響し、さらに在来種の同属植物の数に影響されることが示されました。

著者らは、国の政策枠組みとして在来種の保護を促進する一方で、外来植物に関する取引規制を盛り込むことを強調しています。時間が侵略の成功に直接影響することから、すでに帰化している外来植物は、早期発見と除去の対象とされるべきです。

Banerjee AK, Prajapati J,
Bhowmick AR, Huang Y and
Mukherjee A (2021)

India, China

A case study of Indian alien flora
provides management insights

Journal of Environmental
Management

doi.org/10.1016/j.jenvman.2021.113054



海洋侵入の影響を形成する温度の役割



Sabella spallanzanii (Gmelin, 1791) observed in Castor Bay, New Zealand by AUTsquidlab (CC BY-NC 4.0)

外来種

気候変動

海洋生物学



種のおカレンス
5,700件

海洋侵略の生態系への影響は、侵略者の温度ニッチ内で最も深刻

海洋種がバラスト水のような人間の輸送システムによって再分布される場合、定着の成功と生態学的影響の大きさは様々な要因に左右されます。温度は種の生理学的性能の基本的な原動力ですが、侵略的海洋種の影響を形成する上でのその役割はまだほとんど解明されていません。

本研究では、海洋生態系における移入種の影響を定量化し、それらが温度の違いとどのように関係しているかを探ることを目的としました。著者らは、生態系への影響が記録されている50種を特定し、GBIFを介したデータを用いて種の生息域を評価し、実現した温度ニッチの特徴を明らかにしました。

彼らの分析によれば、多くの侵入は種の生息域の冷涼な端から極地方へ移動しており、平均的な緯度の移動量は6.8度でした。これらの場所の熱中点は、平均して在来種の生息域のものよりも1.2度低くなりました。

侵入が固有分類群の個体数に及ぼす生態学的影響は、侵入者の生息地より温度が2.2°C低い地点で最も深刻で、気温の差が大きくなるにつれて

その影響は減少する傾向がありました。

この研究は、一見無害に見える種が、将来の海洋温暖化によって大きな影響を及ぼす可能性があるため、本来の分布域外に生息する種を監視する必要があると結論づけています。

Bennett S, Santana-Garcon J, Marbà N, Jorda G, Anton A, Apostolaki ET, Cebrian J, Geraldini NR, Krause-Jensen D, Lovelock CE, Martinetto P, Pandolfi JM and Duarte CM (2021)

Australia, Spain, Saudi Arabia, Greece, USA, Argentina, Denmark

Climate-driven impacts of exotic species on marine ecosystems

Global Ecology and Biogeography

doi.org/10.1111/geb.13283



植物と昆虫の侵入はグローバル化の波に従って起こる



Colony of harlequin ladybirds, *Harmonia axyridis* (Pallas, 1773), by M. Kofoed-Hansen in Nykøbing Falster, Denmark (CC BY 4.0)

外来種

種のオカレンス
161,941,569件

3世紀にわたる植物と昆虫の侵入ダイナミクスを分析し、世界貿易の開放度や、戦争や金融危機などの主要な世界的なイベントとの関連性を見つけ、取引の減少が明確な影響を与えていることを示す

世界的な貿易と人の移動の増加は、外来種や侵入種の世界域的な拡散を促進しました。産業革命以降、世界は生物学的侵入を加速させたと思われるグローバル化の波を何度か経験していますが、これらの波が侵入の力学に与えた影響はまだ不明です。

この研究では、スイスの研究者たちが、Alien Species First Recordsデータベースから10,000件以上の昆虫と植物のデータを用いて、1750年から2000年までの外来種の初記録率について世界的・時間的な分析を行いました。サンプリング作業のばらつきを考慮するため、著者らはGBIFから同期間の50万種以上の在来種の初記録を抽出しました。

分析の結果、外来種の初記録率の増加はサンプリング量と強い相関関係があることが明らかになりました。昆虫については、1820年から1870年の間に侵入の波が観察され、初記録率は予想より143%高くなっていました。植物の侵入はより早く始まり、1750年から1870年までの初記録率は予想より39%高くなっていました。

両グループとも、1900年頃から1960年頃にかけて、世界的な大事件（第一次世界大戦、世界恐慌、第二次世界大戦）と時を同じくして、侵入率が減少し、観測された最初の記録は、モデルの予想より20%ほど少なくなっていました。

グローバル化の大規模な変動が全体的な侵略の動態に与える影響を検証するため、著者らは、輸出入総額と国内総生産（GDP）の関係に基づいて算出される世界貿易開放度指数を使用しました。その結果、いずれのグループにおいても、貿易開放度と侵入との間に強い相関関係が認められ、過去数世紀にわたる増加と減少の両方が説明できたことから、グローバル化は生物学的侵入の主要な社会経済的予測因子だと判明しました。

Bonnamour A, Gippet JMW and Bertelsmeier C (2021)

Switzerland

Insect and plant invasions follow two waves of globalisation

Ecology Letters

doi.org/10.1111/ele.13863



ビワハゴロモ:世界のワイン市場を破壊する ブドウの害虫?



Lycorma delicatula (White, 1845) nymphs observed in Bernardsville, New Jersey, USA by Nils Helstrom (CC BY-NC 4.0)

農学

外来種



種のおカレンス
8,349件

侵略の可能性を即座に緩和しない限り、 世界的なワイン市場の汎侵略と混乱が 起こる可能性があることを示唆

中国原産のビワハゴロモ(シタベニハゴロモ *Lycorma delicatula*; SLF)は、アメリカ東部で蔓延、定着、侵入し、ブドウ園のブドウを食害して、ブドウの木が枯れ、収量がほぼゼロになるなど、ワイン生産を脅かしています。

SLFは新興の汎侵入種で、3,000億ドルの世界的ワイン産業に対する潜在的脅威だと認識したペンシルバニア州の研究者らは、米国で最初の侵入が行われた2014年頃に、汎侵入の重症度評価フレームワークを開発し、本研究で発表しました。

米国疾病管理予防センター(Centers for Disease Control and Prevention)のパンデミック評価法を侵略プロセス理論に適合させたものに基づき、この枠組みは、侵略されていない米国の州および世界各国における3つの侵略可能性の推定に依拠しています。すなわち、輸送(侵略された州から輸入される商品のトン数)、定着(GBIFを介したおカレンスを用いた種分布モデルのアンサンブル)、影響(ブドウとワインの生産トン数)です。

イリノイ州、テキサス州、カリフォルニア州は、侵略された州との交易が最も盛んで、定着の可能性も最も高く、カリフォルニア州については影響の可

能性が最も高くなっていました。侵略の可能性が一致するこのパターンは世界規模でも同様で、主要なブドウ生産地域(すなわち、影響の可能性が最も高い)は、輸送と定着のリスクも最も高くなっていました。

SLFが世界のワイン市場を破壊するリスクは全体で80%と推定され、研究者らは、輸送、定着、影響の可能性を世界的に低減するための早急な協調努力を強く推奨しています。さらに、SLFが侵入する地域が増えるにつれ、SLFの輸送可能性を定期的に更新すること、また、SLF特異的RNAベースの殺虫剤など、長期的な防除方法の研究を行うことを提案しています。

Huron NA, Behm JE and Helmus
MR (2022)

USA

Paninvasion severity
assessment of a U.S. grape pest
to disrupt the global wine market

Communications Biology

doi.org/10.1038/s42003-022-03580-w



機能的および生態学的形質を用いた 気候変動下における海洋侵略者の予測



Devil firefish [*Pterois miles* (Bennett, 1828)] observed near Crete, Greece by Kay Stoeffler (CC BY-NC 4.0)

外来種

海洋生物学

気候変動

種のおカレンス
36,457件

種の侵略的潜在力 (IP) を評価するための新しい形質ベースの指標は、地中海沿岸の侵略者の拡散観測とよく相関している

侵略的外来種は海洋生物多様性に対する主な脅威のひとつです。人間の活動は新たな侵入経路を提供することで侵入のパターンに影響を与えており、同時に気候変動は環境適性を変化させています。

地中海における潜在的な魚類の侵入を研究した論文の中で、研究者たちは繁殖、栄養、形態、導入手段に関連する一連の形質を評価し、種の侵入可能性 (IP) の経験的指標を開発しました。

この枠組みを紅海や大西洋を起源とする13の候補種に適用したところ、IPと現在観測されている種の広がりとの間に有意な相関関係があることが示されました。特に繁殖に関連する形質が高い侵入可能性を決定づけました。

著者らは、海洋生物多様性インフォメーションシステム (OBIS) や GBIF などのオカレンスデータと、海底地形、沿岸までの距離、表層の塩分濃度、水温変数などのデータを組み合わせて使用し、IP スコアが最も高かった種の現在および将来の分

布をモデル化しました。

モデルでは、地中海の南東部において、移入種に対する現代の適合性が全体的に最も高く、北部とアドリア海の適合性は比較的低いことがわかりました。しかしながら、これらの海域では、将来の気候シナリオの下での予測では、適性の大幅な増加が予測され、この地域における保護区と漁業の管理戦略を見直す必要性が強調されました。

Schickele A, Guidetti P, Giakoumi S, Zenetos A, Francour P and Raybaud V (2021)

France, Italy, Greece

Improving predictions of invasive fish ranges combining functional and ecological traits with environmental suitability under climate change scenarios

Global Change Biology

doi.org/10.1111/gcb.15896



ヨーロッパにおける外来種導入の ホットスポットの予測



Rhynchophorus ferrugineus (A.G.Olivier, 1791), or red palm weevil, observed in Estacion de Cartama, Spain by Fernando Pérez (CC BY-NC 4.0)

外来種

種のおカレンス
170,460件

害虫侵入のリスク・ホットスポット・マップを高い予測精度で作成するための機械学習アプローチを用いた研究

侵略的な植物害虫は、ヨーロッパに多大な社会的影響を与え、毎年数十億ユーロの損失をもたらしています。侵略的ホットスポット（侵略を引き起こす危険性が最も高い地域）を正確に予測することで、予防と防除に力を注ぐことができます。

この研究のために、研究者たちは有害生物侵入のリスクマップを作成するための機械学習法を開発しました。単一の種に焦点を当てるのではなく、243種の侵入種を網羅したデータセットでモデルを検証しました。

著者らの“elastic-net”アルゴリズムに供給される最終データセットは、170,460件のGBIFを介したおカレンスからなり、気候、土壌、侵食リスク、土地被覆、水の指標に加え、人口密度、道路密度、人為的圧力、都市や港湾までの距離、GDPの代用としての夜間照度などを含む多岐に渡る特徴セットで強化されています。

分析の結果、ベネルクス三国、北イタリア、バルカン半島北部、イギリスでの侵入リスクが最も高く、アントワープ、ロンドン、リエカ、サンクトペテルブ

ルクなどのコンテナ港周辺は、侵入の可能性のある潜在的なホットスポットとして特に注意が必要だと判明しました。

Schneider K, Makowski D and van der Werf W (2021)

Netherlands, France

Predicting hotspots for invasive species introduction in Europe

Environmental Research Letters

doi.org/10.1088/1748-9326/ac2f19



人間の活動が広範な侵略種の 遺伝的動態に与える影響



Poa annua L. observed in South Georgia and the South Sandwich Islands by Hugo Hulsberg (CC BY-NC 4.0)

外来種

系統学

種のおカレンス
516,947件

南アフリカ

密接に位置する2つの亜南極諸島における侵略的イネ科植物種の研究は、遺伝的多様性と個体群構造に対する明確な人間活動の影響を示す

人間の活動は外来植物種の拡散や侵入に影響を与えますが、外的要因と内在的な個体群動態を区別することは困難で、人間が存在する地域と存在しない地域の両方における侵入を比較する必要があります。

この研究では、亜南極地域における理想的なモデルシステムを特定しました。それは、南アフリカの2つの島、マリオン島とプリンス・エドワード島で、生物学的・非生物学的条件が類似しており、共通の侵入生物 (*Poa annua* L.) も存在します。マリオン島には通年操業の研究ステーションがありますが、プリンス・エドワード島にはほとんど人が訪れていません。

侵略の程度をよりよく理解するために、著者らはGBIFを介したおカレンスを利用して、両島の *P. annua* の生態学的ニッチをモデル化しました。両島の異なる個体群からサンプルを集め、ゲノムサイズ、遺伝的多様性、構造の変化を分析しました。

両島のニッチモデルから、現在の分布は海岸線に限られているものの、ほぼ全域が芝草に適した気候であることが示されました。 *P. annua* に占有されているマリオン島では、個体群の遺伝的多様性

が高く、構造的多様性は低い水準でしたが、占有されていないプリンス・エドワード島ではその逆でした。

これらの結果を総合すると、マリオン島での人間活動の継続が、遺伝子の流れと多様化を促進したことが示唆されます。プリンス・エドワード島での拡散と乱舞の増加を緩和するため、本研究では、さらなる持ち込みを制限し、島の *P. annua* 個体群の遺伝的多様性を増加させないよう、人間活動を最小限に抑えることを推奨しています。

Mairal M, Chown SL, Shaw J, Chala D, Chau JH, Hui C, Kalwij JM, Münzbergová Z, Jansen van Vuuren B and Le Roux JJ (2021)

South Africa, Australia, Spain, Norway, Germany, Czechia

Human activity strongly influences genetic dynamics of the most widespread invasive plant in the sub-Antarctic


Molecular Ecology

doi.org/10.1111/mec.16045





- ✓ Cover illustration: *Cinchona pubescens*, Köhler's Medizinal-Pflanzen in naturgetreuen Abbildungen mit kurz erläuterndem texte. Gera-Untermhaus, 1887. Via [Biodiversity Heritage Library](#).
- ✓ Back cover illustration: Lion fish (*Pterois antennata*) from the Atlas des poissons vénéneux. Dr P. Savtschenko - Médecin major de la marine imperiale russe, 1886. Via [Biodiversity Heritage library](#).
- ✓ Special section background illustration: A. E. Brehm, La vita degli animali. Società l'Unione Tipografico-Editrice, 1870. Via [Biodiversity Heritage Library](#).
- ✓ Inner cover illustration: Hippopotamus (*Hippopotamus amphibius*), Dictionnaire universel d'histoire naturelle, Paris 1949. Via [Biodiversity Heritage Library](#).
- ✓ Flap illustration: Wapiti (*Cervus canadensis* Erxleben, 1777), Wild animals of North America, Washington, D.C. The National geographical society [c1918]. Via [Biodiversity Heritage Library](#).

 **GBIF Secretariat (2023) GBIF Science Review N° 10**

 doi.org/10.35035/37pp-tt84

 **CC BY 4.0**

