



愛研技術通信

法令・告示・通知・最新記事・その他

○ WMO 温室効果ガス年報第17号

～ 2020年12月までの世界の観測結果に基づく大気中の温室効果ガスの状況 ～

2021年10月25日 気象庁報道発表資料抜粋

WMO全球大気監視（GAW）計画から得られた観測成果の最新の解析によると、2020年の二酸化炭素（CO₂）、メタン（CH₄）、一酸化二窒素（N₂O）の現場観測ネットワークによる地上での世界平均濃度は、それぞれ、413.2±0.2 ppm、1889±2 ppb、333.2±0.1 ppbとなり、解析開始以来の最高値を更新しました。これらの値は、工業化以前（1750年以前）の、それぞれ149%、262%、123%です。二酸化炭素の2019年から2020年までの濃度増加量は、2018年から2019年までの増加量よりわずかに小さく、最近10年間の平均年増加量よりわずかに大きくなりました。これは、新型コロナウイルス感染症（COVID-19）の世界的流行に関連する規制により、2020年に化石燃料起源の排出量が約5.6%減少したにもかかわらずです。メタンの2019年から2020年までの濃度増加量は、2018年から2019年までの増加量より大きく、最近10年間の平均年増加量より大きくなりました。一酸化二窒素の2019年から2020年までの濃度増加量は、2018年から2019年までの増加量より大きく、最近10年間の平均年増加量より大きくなりました。

表 主要温室効果ガスの2020年の世界平均濃度と増加量

	二酸化炭素 CO ₂	メタン CH ₄	一酸化二窒素 N ₂ O
2020年の世界平均濃度	413.2±0.2 ppm	1889±2 ppb	333.2±0.1 ppb
前年からの増加量	2.5 ppm	11 ppb	1.2 ppb
前年からの増加分の比率	0.61 %	0.59 %	0.36 %
最近10年間の平均年増加量	2.40 ppm/年	8.0 ppb/年	0.99 ppb/年
工業化以降の増加分の比率 (カッコ内は工業化以前の濃度)	49 % (約 278 ppm)	162 % (約 722 ppb)	23 % (約 270 ppb)

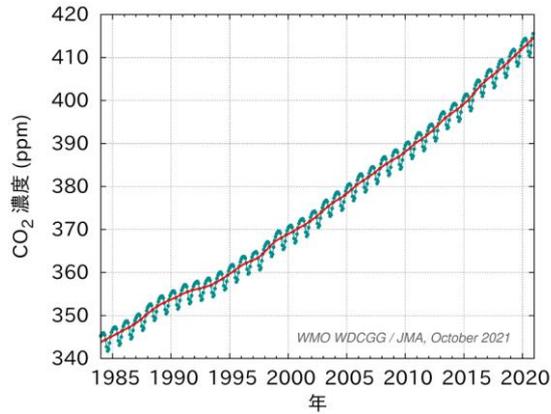


図1 二酸化炭素の世界平均濃度の経年変化

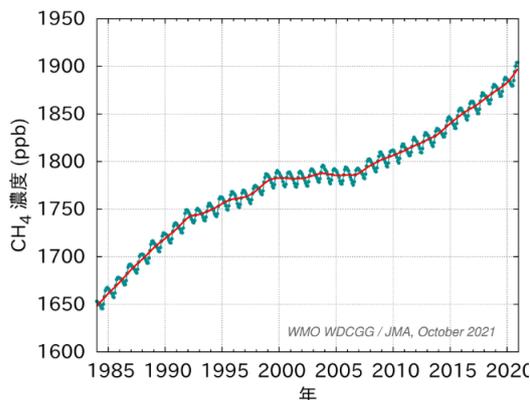


図2 メタンの世界平均濃度の経年変化

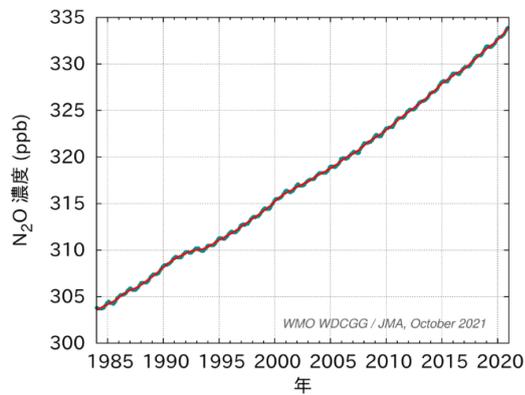


図3 一酸化二窒素の世界平均濃度の経年変化

○ 海洋投棄された廃タイヤがヤドカリを捕殺している

2021年11月5日弘前大学報道発表資料抜粋

弘前大学のグループが、海洋投棄された廃タイヤによりヤドカリのゴーストフィッシング（幽霊漁業）が起きることを明らかにしました。

【 本件の概要 】

陸域に不法集積・不法投棄された廃タイヤが、悪臭や蚊、火災の発生源、水質・土壌の汚染源となる事は広く認知された環境問題です。水域においても有害物質の溶出や環境の物理的破壊など、廃タイヤによる水域生態系への負の影響が近年示唆されています。弘前大学農学生命科学部の曾我部篤准教授は、沿岸の砂泥海底に不法投棄された廃タイヤの内側に、大量の巻貝の殻やヤドカリが存在する事を発見し（下図）、廃タイヤから脱出できなくなったヤドカリが死んでいるのではないかと考えました。すなわち、海洋投棄された魚網や蟹カゴなどの漁具によって、意図しない水産生

物の捕殺が引き起こされる「ゴーストフィッシング（幽霊漁業）」と同様の現象が、廃タイヤによっても引き起こされている可能性があります。

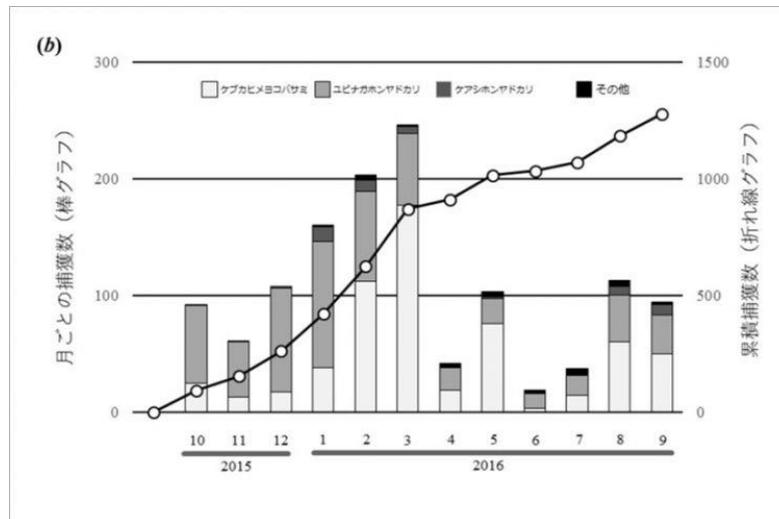
そこで、野外に実験的に設置した廃タイヤの長期モニタリングにより、廃タイヤに捕獲されるヤドカリの種類と個体数の季節変動を追跡するとともに、水槽下の行動実験を通じて、タイヤの内側に侵入したヤドカリが外側へ脱出できるか検証しました。



図：廃タイヤから脱出できなくなったヤドカリ

陸奥湾沿岸の水深8mの砂泥海底に6基の廃タイヤを設置して、タイヤ内側に侵入したヤドカリを月1回採取し、その数と種類、体サイズを1年間継続的に調査したところ、主にケブカヒメヨコバサミとユビナガホンヤドカリからなるヤドカリ類が1年間で計1,278匹見つかりました。採取される個体数は冬期に増大し、春から初夏にかけて減少する傾向があり、平均するとタイヤ1基で1日あたり0.58匹のヤドカリがトラップされていました。

水槽内に設置した廃タイヤの内外にヤドカリを放して、タイヤの内外への移動を観察したところ、タイヤ外側から内側への侵入はユビナガホンヤドカリでは全実験の66.7%、ケブカヒメヨコバサミでは50%で起こっていますが、タイヤの内側から外側への脱出は2種いずれでも起こりませんでした。



図：廃タイヤ内に侵入したヤドカリの月ごとの捕獲数（棒グラフ）と累計捕獲数（折れ線グラフ）

以上の結果から、海洋投棄された廃タイヤの内側に侵入したヤドカリが、タイヤの構造上脱出する事が出来ずに死んでしまうゴーストフィッシングが、自然界で起きている事が強く示唆されました。廃タイヤによるこのような環境影響を明らかにしたのは、本研究がはじめてです。ヤドカリは生物の死骸や有機物片を摂食する「海の掃除屋」として、また、肉食性の魚類や大型甲殻類の餌と

して、沿岸生態系の物質循環に大きく貢献しており、ヤドカリ個体数の減少は様々な生態的影響を引き起こすおそれがあります。不法投棄に限らず、廃タイヤが船体の衝撃吸収材や魚礁として二次利用されていることから、相当量が海洋に供給されていると推測され、ゴーストフィッシングを防ぐための対策が必要です。

○ 絶滅に瀕したサンゴを救う「病原菌からサンゴを守る善玉菌」を 海水から容易に取得可能に！

2021年10月29日大阪府立大学報道発表資料抜粋

大阪府立大学、琉球大学、東京大学の研究グループは、サンゴに共在する細菌が海水から取り入れられていることに着目し、サンゴ礁周辺の海水から、サンゴの主な病原菌とされている悪玉菌（*Vibrio*属細菌）の生育を抑えることが期待される善玉菌（*Ruegeria*属細菌）を特異的に検出することに成功しました。これにより、今まではサンゴを破壊しなければ得ることができなかった細菌が、サンゴを傷つけることなく簡単に採取できるようになったほか、海水から目的の細菌を取得する効率を高めることができました。

【 研究背景 】

サンゴ礁は海洋における生物多様性の要であり、世界の漁業に年間数十億ドルをもたらすとされています。しかし、地球温暖化やそれに伴う病原菌の活発化によってサンゴの白化・壊死が引き起こされており、国際的な問題となっています。サンゴ礁を構成する造礁サンゴの多くは2030年までに絶滅するとされており、サンゴ保護は非常に重要な課題です。近年、サンゴに共在する一部の細菌が、環境ストレスや病原菌によって引き起こされるサンゴの白化を抑えることが報告されており、サンゴ共在細菌をプロバイオティクスとして用いることでサンゴを保護できる可能性に注目が集まっています。



写真：サンゴ礁海域の海水を採取している様子

(2019年1月琉球大学山城教授撮影)

本研究グループは、2018年よりサンゴの保護に向けて、サンゴに共在する細菌の中からプロバイオティクスとして活用が期待される複数の細菌を同定し、その機能を解析してきました。その中でも、一部の*Ruegeria*属細菌は、サンゴの主要な病原菌とされる*Vibrio*属細菌の生育を抑えることから、新たなプロバイオティクスの候補として注目を集めています。サンゴ保護に向けてプロバイオティクスを実用化するためには、プロバイオティクスとして用いる細菌の候補を集めるとともに、サンゴに共在している微生物種の構成を解析する必要があります。しかし、従来手法では、細菌の収集やサンゴの菌叢解析を行う際に、サンゴを破壊して目的の細菌を取得し調査する必要があり、将来的な保護のためにサンゴを破壊するという問題を抱えていました。今回、本研究グループは、サンゴに共在する細菌が海水から取り入れられることに着目し、サンゴの周囲にある海水から

有用な細菌を狙って検出・取得する方法を検討しました。

【 研究内容 】

本研究では、沖縄の瀬底島周辺にあるサンゴ礁を研究対象地域として選定し、造礁サンゴのひとつであるアザミサンゴに共在している細菌を調べました。

① サンゴを破壊せず、サンゴ周辺の海水から目的の細菌を採取することに成功

まず、サンゴの一部を砕いて得られた抽出液を培養用プレートに塗布して培養し、出現したコロニーを一つずつ単離して細菌の同定作業をおこなったところ、複数の*Ruegeria*属細菌株を含むサンゴの共在細菌を得ることができました。また、先行研究で構築した手法を用い、*Ruegeria*属細菌を特異的に検出できるプライマーを設計しました。このプライマーを使って、サンゴの抽出液から出現したコロニーに対してPCRを実施したところ、共在細菌の中からサンゴ病原菌である*Vibrio coralliilyticus*の生育を抑制する*Ruegeria*属細菌の近縁種を検出することがわかりました。次に、サンゴ周辺から採取した海水中に存在する*Ruegeria*属細菌を、このプライマーを用いたPCRにより検出できるかを検証しました。培養により出現したコロニーをランダムにPCRにかけたところ、目的の*Ruegeria*属細菌が確認され、サンゴを破壊しなくても、サンゴ周辺の海水から採取できることが実証されました。

② 海水から目的の細菌を取得する効率を高めることに成功

従来の手法では、培養したコロニーを一つずつ単離し、細菌を同定する必要がありました。しかし、PCRを用いてコロニーを調査する今回の手法では、一度にたくさんのコロニーを調べられるため、従来の方法に比べて、海水から目的の細菌を取得する効率を高めることができました。

③ 海水の中から特定の細菌の存在割合を迅速に検出することに成功

本研究ではさらに、海水の中から特定の細菌の存在割合を迅速に検出する方法についても検討しました。サンゴ礁の近くから順に、サンゴ礁内・サンゴ礁外・外海の3地点を海水のサンプリングポイントとして設定し、先行研究で設計したプライマーを用いて、海水中に存在する生物のDNA（環境DNA）を高感度のリアルタイムPCRを実施したところ、標的の一部である*Ruegeria*属細菌を検出することができました。これにより、本研究で採用したプライマーを使用することで、特定の細菌が海水中に存在する割合を迅速に検出できることが検証されました。

④ *Ruegeria*属細菌の存在割合が季節によって変動することが初めて明らかに

上記の3地点で2019年の1月、6月、11月に採取した海水サンプルを調査したところ、標的とした一部の*Ruegeria*属細菌が海水中に存在する割合は、サンゴ礁からの距離ではなく季節によって変動しているということが初めて明らかになりました。

【 社会的意義、今後の予定 】

本研究成果で構築した技術は、*Ruegeria*属細菌をプロバイオティクスとして用いることで、絶滅に瀕したサンゴの保護を実現するための基礎技術となるほか、将来的にはサンゴ礁を破壊すること

なく、サンゴの健康状態を診断する応用技術への展開が期待されます。また、研究の過程で取得した細菌群は、国内の微生物バンク（NBRC）に順次登録を進めています。これにより、有用な細菌群を世界中の研究者が自由に利用できるようになることで、サンゴ保護に向けたプロバイオティクス研究の加速を後押しし、絶滅に瀕したサンゴの保護に貢献できると考えられます。こうした活動は、サンゴ礁が提供する生物資源の保全にもつながると考えられ、持続的な開発に向けて海洋資源を保全するSDGsの達成にも寄与します。

○ 森林を守ることが海の生物多様性を守ることにつながる

2021年10月25日 京都大学報道発表資料抜粋

京都大学、国立環境研究所、北海道大学らの研究グループは、日本全国22河川を対象とし、環境要因・社会要因・土地利用要因などのビッグデータと環境DNA分析による沿岸魚類群集データとを統合して解析することにより、森林を守ることが海の生物多様性を守ることにつながることを実証しました。

【 背景 】

近年、地球温暖化や集中豪雨のような極端な気象など、人間活動に由来すると考えられる地球環境問題が深刻さを増しています。これは人類の未来に対する脅威であり、これらの問題に対処するために、SDGsをはじめとして環境を保全し自然と共生することによって、人類の持続的な発展をめざす施策が進められつつあります。

生物多様性は生態系の健全性を表すきわめて重要な生物指標です。しかし、水中に何種類の魚類が生息しているのかを調べるのは容易ではありません。そのため、陸域の人間活動が河川を通して河口や沿岸の生態系にどのような影響を与えるのかについては、流域と沿岸域の間に存在する要因の複雑さと水圏生物研究の難しさから、少数の河川に焦点を当てたケーススタディーをのぞいて、一般的な関係の解明はほとんど不可能でした。これに対し近年、生息する生物の排泄物や皮膚などに由来し水中に存在するDNAを網羅的に調べることにより、そこに生息する生物の種類を特定できる手法「環境DNA メタバーコーディング法」が開発され、生物多様性研究に応用されるようになってきました。本研究では、環境要因、社会要因、土地利用要因などのビッグデータを集め、それを環境DNAの分析結果と統合して解析することにより、世界で初めて広域的に森と海の関係を探ることができました。

【 研究手法・成果 】

我が国にある109の一級河川から長さが150kmを超える巨大河川を除き、日本全国に分散するなどのいくつかの条件で機械的に北海道から九州までの22河川を選考し、2018年6月～8月に河口域で干潮と満潮時の2回河川水を採水して、環境DNA メタバーコーディング分析を行いました。調査時の環境データに加えて、対象河川の河口域で様々な機関「（地方自治体、国土交通省、環境省など）が報告した環境データ「（流量、溶存酸素濃度、全窒素濃度、懸濁物濃度、pH）、2015年国勢調査お

よび2014年国交省国土数値情報などから流域の土地利用データ「(流域面積、人口密度、森林面積、水田面積、水田以外の農地面積、建物用地面積、荒地面積など)を収集しました。さらに、河口域の護岸率を「Google Map」画像をもとに計測しました。環境DNA メタバーコーディング分析により各河川で検出された全魚種数およびレッドリスト掲載種数と、水質環境、土地利用、人口密度などの説明変数との関係を、冗長性分析「(RDA:「Redundancy「Analysis) および一般化線形モデル (GLM:「Generalized「Linear「Model) により解析しました。

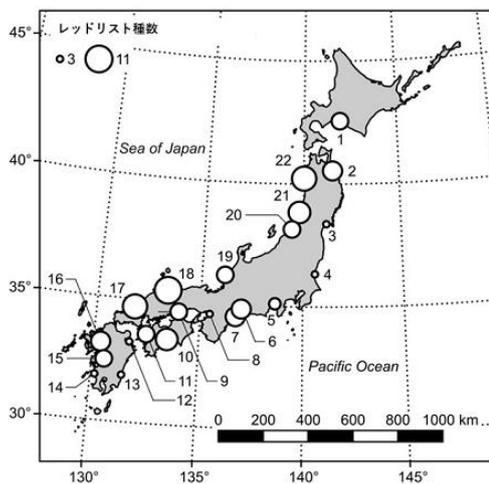


図1. 調査22河川（一級河川）と出現したレッドリスト種数。

1鵜川、2馬淵川、3鳴瀬川、4那珂川、5富士川、6矢作川、7宮川、8大和川、9旭川、10仁淀川、11肱川、12大野川、13大淀川、14川内川、15球磨川、16筑後川、17高津川、18日野川、19九頭竜川、20荒川、21赤川、22米代川

22河川の河口域から、62科、132属、186種（亜種等を含む）の魚類が検出されました。この中には、49種のレッドリスト種と7種の外来種が含まれます。河川ごとの出現種数は20種～60種、レッドリスト種は3種～11種でした。河川ごとの全魚種数と環境要因および土地利用との間に明瞭な関係は認められませんでした。そこで、レッドリスト種数と説明変数との関係に絞って冗長性分析で調べたところ、森林率と水田以外の農地率がそれぞれ正と負の統計的に有意な影響を与えていることが明らかになりました。さらに、一般化線形モデルでは森林率のみが統計的に有意に影響しており、森林率が高い流域を持つ河川の河口域には、より多くのレッドリスト種が生息していることが示されました。また一般化線形モデルでは、森林率以外の全ての要因について、レッドリスト種数との間に統計的に意味のある関係は認められませんでした。

【 波及効果・今後の予定 】

「森は海の恋人」すなわち豊かな森林が豊かな沿岸域を育むことについて、広域的なデータをもとにした科学的証拠が初めて得られました。これは、森林保護の効果の評価において極めて重要なポイントのひとつになると考えられます。一方、豊かな森と豊かな海をつなぐ科学的なメカニズムについては、わからないことが多く残されています。地域的には、森林の保水力を通して洪水や渇水などの極端な水量変化を和らげること、生態系に悪影響を与えると考えられている微細粒子の河

川への排出を抑えること、植物プランクトンや海藻などの基礎生産において鍵を握る栄養物質の供給源など、複数の要因が複雑に関係していることが推察されています。今後、流域ごとのケーススタディーを地道に積み上げて、普遍的に重要な要因の抽出を行うことが必要です。また、本研究で対象とした22河川で国土交通省がこれまでに実施してきた河口域の魚類調査（水辺の国勢調査）では、レッドリスト種は1河川で最大3種類しか確認されておらず、従来の調査法と比較して環境DNAメタバーコーディング法の有効性が明確に示されました。環境DNA分析は、今後も森から海までのつながりを研究するうえで、強力な研究手法になるものと期待されます。

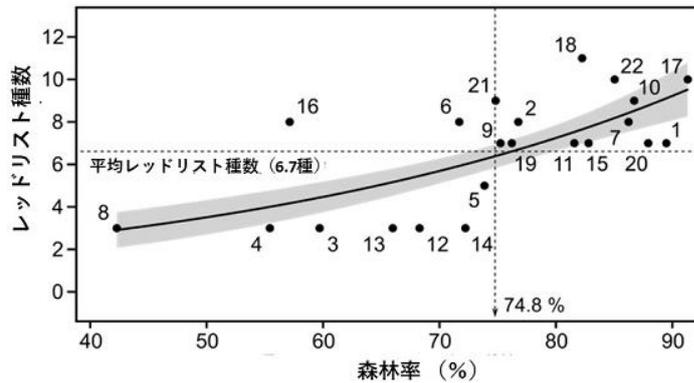


図2. 一般化線形モデル (GLM) による森林率とレッドリスト魚種数との関係。
河川番号は図1を参照。

編集後記

先日 1 年ぶりに昼神温泉に行ってきました。昨年は新型コロナウイルスの影響で閑散としていた温泉街に、少し賑わいが戻ってきたようでした。紅葉も見ごろで、心も体もリフレッシュできました。ただ、まだ人混みに行くのに抵抗感があり、お土産屋には寄らずに帰ってきてしまいました。(A. K)

おかげさまで、愛研は創業 50 周年を迎えます。



株式会社 愛 研

(<https://www.ai-ken.co.jp>)

本 社 〒463-0037 名古屋市守山区天子田 2-710

電話(052)771-2717 FAX(052)771-2641

半田営業所 〒475-0088 半田市花田町 2-65

電話(0569)28-4738 FAX(0569)28-4749