

# 生態系予報に向けた野外生態系自動モニタリングシステムの構築

生態系の動態、例えばある生物種の個体数変動や系内の物質循環、は生態系・生物多様性の保全という観点から重要であるだけでなく、人間社会にも直接的に影響を与える可能性があります。例えば自然生態系に存在している病原菌は人間や農作物に病気という形で負の影響を与えることがあるでしょう。従って、生態系動態を理解・予測し、制御することは生物多様性の保全のみならず健全な人間社会の維持のためにも重要です。私はこれまでに野外生態系動態の理解・予測のために野外サンプルの分析手法・データ解析手法の開発・改良およびそれらの実サンプル・実データへの適用を行ってきました。白眉プロジェクトではそれらの前段階、つまりデータ取得に関するプロセスを見直し、野外生態系からの大規模データの取得を自動化・迅速化することを目指します。最終的にはこれらの成果を「生態系の明日」を予測するためのシステム構築に利用することを目指します。

## 複雑な生態系動態の理解と予測

生物系の動態がどのように駆動されているかを理解すること、またその変動を予測することは環境学・生態学の大きな課題の一つです。生物群集の動態や物質循環には温度や降水量といった気象要因や生物群集内での生物間相互作用が重要な役割を果たしており、実際、気象 / 生物 - 生物間相互作用を考慮にいれると、ある注目する生物の個体数や形質のより良い予測が可能です。しかし、気象 / 生物 - 生物間相互作用の情報を利用し生態系動態の予測に活かすには、「生態系モニタリングデータの効率的な取得」や「時系列データからの的確な情報の抽出・予測への利用」を達成しなければなりません。

## 生態系動態を捉えるための新しいモニタリング技術

従来、野外生態系においては生物モニタリング手法として「直接観察」「カメラ/ビデオトラップ」といった方法が主に使用されてきました。これらは熟練した専門家が行えば信頼性の高い方法ですが、「結果に個人差が出やすい」「時間・コストがかかる」という問題もありました。そんな中、近年、環境 DNA と呼ばれる手法が登場し注目を集めています。環境 DNA とは環境サンプル中に含まれる排泄物などを介して混入した生物由来の DNA のことで、それらを分析することで従来法よりも大幅に網羅的・高感度で生物の検出が行えます。例えば、Ushio et al. (2018a) は、採水・ろ過サンプルと魚類 DNA を網羅的に増幅する

プライマーおよび内部標準 DNA を利用して、たった一度の DNA 解析で京都府舞鶴湾の魚類群集の季節的な変動を明らかにしました。加えて、環境 DNA 技術だけでなく「生態系の音モニタリング」「ドローンによる画像撮影」など、従来法を超える精度・網羅性で野外生態現象を捉えるための技術が発展してきています。

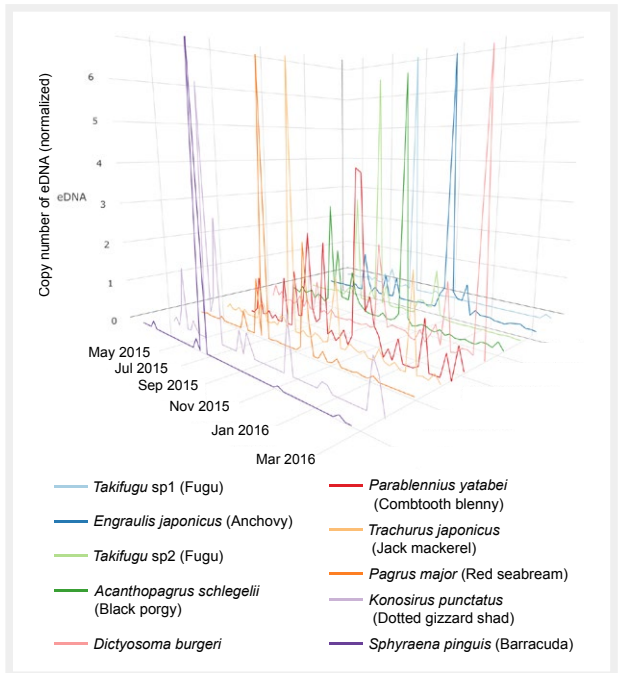


図1

環境 DNA メタバーコーディングと内部標準 DNA 法によって明らかになった定量的かつ多種の魚類環境 DNA の時系列 (Ushio et al. 2018a)。異なる色の線は異なる魚種の環境 DNA を示す。縦軸は標準化された推定環境 DNA コピー数を示す。



京都大学  
生態学研究センター  
特定准教授

潮 雅之

Masayuki Ushio

生物学

## 生態系動態を捉えるための新しいデータ解析技術

次々に登場する新たなモニタリング技術からは多くの「生態系時系列」が生成されますが、これらの解析でも近年大きな進展がみられます。例えば時系列を扱う一般的な統計モデルである状態空間モデルや、変数間の因果関係を類推できる移動エントロピーなどは有効な方法でしょう。中でも私は特に Empirical Dynamic Modeling (EDM) と呼ばれる手法を利用しています (例 . Sugihara et al. 2012)。EDM は得られた時系列を多次元空間内にプロットして興味の対象である系の動態を「かたち」として再現し、その「かたち」に基づいて様々な解析を行うという解析法です(図2)。「かたち」に基づく解析のために、事前にその系の動態を定式化することなく解析を進めることができます。EDM を利用することで、事前の定式化の難しい野外生態系動態を相手にしながらも「近未来予測」「因果推論」などが可能になります。特に最近では、野外生態系の動態の安定性を評価するための枠組みも提案しています (Ushio et al. 2018b)。

## 生態系予報に向けた自動生態系モニタリングシステムの構築

このように現在は「網羅的で高頻度の野外生態系の時系列データ」があればそこから多くの情報を抽出することができます。このことは将来的には「未来に野外生態系で何が起こるのか？」を予測できる可能性があることを示しています。しかし、これだけ多くの技術が登場した今でも「野外でのデータ取得」は多くの部分を人力に頼っています。水域の環境 DNA 分析でも現場での採水・ろ過は人による作業に頼る部分が大きく、最終的な結果を得るまでの律速段階になっています。そこで、白眉プロジェクトでは「データ取得」の自動化・迅速化を目指して研究を行います。まずは採水・ろ過の作業をターゲットとし、小型マイコンや 3D プリンターといった工学分野の知識・技術を取り込んで野外生態系での時系列データの自動取得を目指していきます。

### 参考文献

- M. Ushio, H. Murakami, R. Masuda, T. Sado, M. Miya, S. Sakurai, H. Yamanaka, T. Minamoto, M. Kondoh, "Quantitative monitoring of multispecies fish environmental DNA using high-throughput sequencing", *Metabarcoding & Metagenomics*, Vol. 2, e23297, 2018a.
- G. Sugihara, R. May, H. Ye, C-h. Hsieh, E. Deyle, M. Fogarty, S. Munch, "Detecting causality in complex ecosystems." *Science*, Vol. 338, 496–500, 2012.
- M. Ushio, C-h. Hsieh, R. Masuda, E. Deyle, H. Ye, C-W. Chang, G. Sugihara, M. Kondoh, "Fluctuating interaction network and time-varying stability of a natural fish community", *Nature*, Vol. 554, 360–363, 2018b.

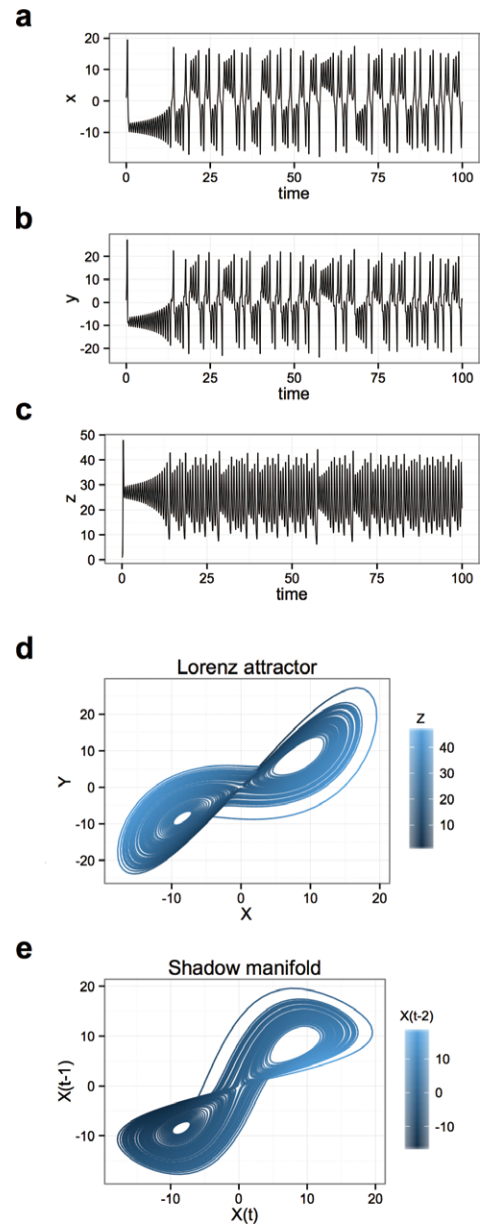


図2

時系列を用いた動態の再構成。微分方程式によって生成された3変数のモデル時系列(ローレンツアトラクター)(a-c)。3変数  $x, y, z$  を用いた動態の再構成 (d)。時間遅れ埋め込みの技術を利用した一変数のみ、 $\{x(t), x(t-1), x(t-2)\}$ 、による元の動態の再構成(e)。このようにして生成された元の動態の shadow manifold は元の動態の数学的特徴を保持している。