

2020年生物多様性グローバル枠組

のための遺伝的多様性に関するターゲット と指標の提案

Hoban et al. 2020. Genetic diversity targets and indicators in the CBD post-2020 Global Biodiversity Framework must be improved. *Biological Conservation*. <https://doi.org/10.1016/j.biocon.2020.108654>

概要

ポスト2020年生物多様性枠組における遺伝的多様性（指標）評価のための遺伝的多様性目標や測定基準は、かけがえのない生物多様性の喪失を防ぎ、生物多様性条約（CBD）のターゲットを達成するために改善されなければなりません。全ての種の遺伝的多様性は適切な測定基準を用いて保全され、測定され、観測されなければなりません。ポスト2020枠組に適した形で、我々は遺伝的多様性に関するゴールと行動ターゲットを提示し、3つの新しい遺伝的指標、さらに現在のCBD指標の改訂を提案します。

背景

遺伝的多様性は、人間社会や生物圏の生物維持システムのサポートに寄与していますが、人間活動により地球規模では減少しています。この遺伝的多様性により、種が環境に適応したり、生態系サービス（例えば水質浄化や食糧）を維持したりすることで、遺伝的多様性は気候変動に対する種や生態系のレジリエンスの確保にも不可欠な存在です。CBDのポスト2020枠組の「ゼロ・ドラフト」は、ターゲットの多くが未達成である生物多様性保全のためのCBDの戦略計画2021-2020を引継ぎます。遺伝的多様性の維持はポスト2020戦略において5つの主要な2050年目標の一つとして認識されています。しかし、

1. 遺伝的多様性についてのCBDのゼロ・ドラフトゴールは弱く不明確です。(Laikre et al. 2020, Science)
2. 2030年行動ターゲットにおいて遺伝的多様性は含まれていません。
3. 現在のCBDの遺伝的多様性の指標は、栽培種、家畜種およびその近縁野生種のみに限られており、ほとんどの野生種が見過ごされています。野生種は、特に気候変動下の生態系の健全さやサービスにとって不可欠な存在です。
4. また現在の指標は、遺伝的多様性の変化を不足なく観測するためには不十分です。



Luc Hoogenstein

他の多くの種と同様にアカガエル的一种（*Pelophylax lessonae*）は複数の接続した集団に生息しています。遺伝的多様性を計測する場合にはこの点を考慮する必要があります。

指標の提案

グローバル保全目標を達成するために、全ての種の遺伝的多様性は適切な測定基準によって保全され、測定され、観測されるべきであると我々は提案します。

現在のCBDゼロ・ドラフトの修正に加えて、ポスト2020のCBD枠組に使われるべき3つの新しい指標を我々は提案します。CBDの遺伝的多様性目標の達成状況をモニタリングするためには、一つの指標だけでは不十分です。これらの指標は以下の条件が必要です。

- ・ 全ての種に適合可能か。
- ・ ただちに利用可能か。
- ・ 空間的に拡張可能か、すなわち、局所、地域、広域で計算可能か。
- ・ 種間、または、異なった分類群を通して集計可能か。
- ・ 遺伝的なデータを必要としないか（指標1、2）。

詳しくは我々の論文をご参照いただくか、Sean Hoban shoban@mortonarb.org もしくは Linda Laikre linda.laikre@popgen.su.se にご連絡ください。

指標の提案

1. 種内で500個体以上の有効な集団サイズを持った集団（もしくは繁殖群）の数を500個体以下のものと比較します。

N_e が500個体以下とは、環境変化への適応力が低下した集団であることを意味します。もし、遺伝的、人口統計学的、家系のデータが得られない種の場合は、 **N_e は集団で観測された個体数（繁殖個体数）のおおよそ10分の1と考えられます。**

2. 種内に維持される（分）集団（もしくは地理的な範囲）の割合

遺伝的に隔離された野生集団（農学分野では繁殖群、在来品種や変種と同様）の喪失は種内の遺伝的多様性の大きな減少につながります。この指標では**歴史的なベースラインに対する遺伝的な隔離集団の相対数を比較します**。もしくは、種の歴史的な分布域が維持されている割合が十分であるかを評価します。

3. DNAを用いた解析による遺伝的多様性を測定した種と集団の数

遺伝的多様性の損失防止のためには、集団内、集団間の遺伝的多様性の大きさや、多様性に影響する環境因子、集団間の結合性を知る必要があります。しかし、**指標は単独で使われるべきではありません**。なぜなら、遺伝的多様性を観測する種や集団の数は、より多くの種や集団を解析することに影響される可能性があることと、さらに価格が安く広範囲に適用可能な遺伝学的テクノロジーに影響される可能性があるためです。

現在のCBDゼロ・ドラフトゴール3つの指標の修正

- 遺伝的な指標としてIUCNレッドリストインデックスは使うべきではありません。
- 生息域外コレクションの最小限の要件として、（種の）代表性、再現性、そして回復力を確保すべきです。
- 栽培種やその近縁野生種だけでなく、**全ての種**を含むべきです。

有効な集団サイズ (N_e) とは遺伝的な集団サイズの推定値です。全ての個体が繁殖を行うわけではなく、また、繁殖個体も異なる数の子孫を残すために、 N_e は観測個体数よりも小さくなります。集団の近親交配などの要因によって N_e の大きさは更に減少します。

2030年ゴール

現存する遺伝的多様性を維持し、全ての種の遺伝的多様性の喪失を抑制します。将来の遺伝的多様性の喪失を防ぐ戦略を開発し、開始します。

2050年ゴール

種の集団内の**適応能力**と遺伝的多様性の**長期的な維持**を保証及び回復します。

行動ターゲット

2030年までに、野生種および飼育（収集）個体の遺伝的多様性の喪失を抑制し、種と集団の遺伝的多様性と適応能力を維持、保証し、回復させます。また、集団の有効サイズ500個体以上を維持し、重要な種の遺伝的多様性と遺伝的な接続性はDNAを用いた手法によって観測します。さらに、種内の隔離集団の喪失を抑制します。



Microcycas calocoma（絶滅危惧種）の生育域外の保存個体のほとんどが、1個体由来です。生息域外保存施設コレクションは、遺伝的多様性を保全するために、より回復力に富み、代表性があり、反復性再現性がなければなりません。