

■自然へのアプローチ — 今、若い研究者がとりくんでいること — 16

野生生物の保全のための多様なアプローチ

京都大学大学院農学研究科森林科学専攻 高 柳 敦

Multiple approach to conservation and restoration of wildlife. Atsushi Takayanagi
(Laboratory of Forest Biology, Division of Forest and Biomaterials Science,
Graduate School of Agriculture, Kyoto University)

はじめに

京都大学大学院農学研究科森林科学専攻森林生物学分野（正式名称は「分野」だが、以下では研究室とする）は、1996年4月に農学部の改組によって旧林学から森林生態学研究室が別の専攻に移るのに伴い、森林科学専攻内に森林の生物を扱う研究室として創設された。その研究課題は、その当初は、植物の種生態学、樹木の虫害、野生動物の保護管理の3つの分野であったが、2007年に井鷲裕司教授が来られてからは、遺伝解析を駆使した希少動植物種の保全生物学の分野が中心的研究分野となっている。

希少植物の生態と保全

希少植物の中には、残存個体が数えられるほどしか残っていない種がある。それらの種は、個体数が限られた特殊な状況にあることから、生態学の研究対象から除外されがちであったが、保全生態学はまさしくこういう集団を対象にした研究である。そして、井鷲教授は、そのような集団の保全にユビキタスジェノタイピングという新しい発想で、より適切な保全施策を展開できる科学的アプローチの構築を目指している（井鷲、2012）。

ユビキタスジェノタイピングとは、生育地に残存する種内の全個体の遺伝子型を決定することを指し、それにより、クローン構造、遺伝的多様性、集団内の遺伝構造、集団間の遺伝的分化などを明らかにし、希少生物を遺伝学的視点からも最適な形で進めようとする方法である。

その研究サイトの一つが、熊本県の阿蘇山系に広大な面積が残されている半自然草原である。ここは希少な固有種が何種も残存する生物多様性のホットスポットとなっている。

ハナシノブはそのような希少固有種で、現存個体数は400個体程度と推定されている。現在5つの野生集団があり、それ以外に栽培集団が残されている。これらの集団を対象にマイクロサテライトマーカーによる遺伝解析を行ったところ、集団間で遺伝的多様性に大きな違いは見られないものの、個体数の多い野生集団は、推定された祖先集団に最も近い集団構造を持っていたのに対し、個体数の少ない野生集団は、ボトルネックを経験していることが推定された。栽培集団の遺伝構造は野生集団のそれを反映しておらず、現在の栽培集団をそのまま野生個体群の復元に用いることは望ましくないことが明らかになった。遺伝構造が残存個体数と関係しているのは、個体数が少ない集団には送粉者が少なく、そのため繁殖が十分に行

われていないことにも一因があることまで推定できている。しかし、それら小集団の個体数を増やそうにも、その周囲が造林地になってしまったりして、研究成果を活かして保全を進めるのが難しいのが現状である (Yokogawa et al., 2010; 井鷲, 2012)。

阿蘇山系と同様に日本を代表する生物多様性のホットスポットとして小笠原諸島がある。その固有性は東洋のガラパゴスと呼ばれるほど高いが、一方で人間による開発と外来生物によって大きな影響を受けている。ムニンフトモモは小笠原の希少固有種の一つで、確認されている個体数は2008年時点で326個体と極めて少ない。その父島の集団のうち、北部2集団、中部1集団、南部3集団の計6集団に兄島の2個体をあわせた105個体を用いて、その遺伝的多様性と構造を調べたところ、AFLPマーカーで得られた123のフラグメントのうち、多型が認められたのはわずか16しかなかった。これは、近縁種や小さな島嶼の希少種と比較しても極めて小さく、遺伝的多様性が著しく低いと言える。一方、マイクロサテライトを用いて遺伝構造を調べた結果から、距離による隔離が起きていることが明らかになり、兄島、父島北部、中部、南部でそれぞれ分化が起きていることが認められた。この遺伝構造が人為的な影響によるものかどうかは検証できていないが、ムニンフトモモの保全には、これら4集団それぞれを域内保全すること、域外保全などを行うときには、出自の集団をできる限り正確に把握しておくことが必要ことが明らかになった (Kaneko et al., 2008; 井鷲, 2012)。

アカガシラカラスバト (図1) は、カラスバトの日本固有亜種とされ、小笠原諸島と火山列島にのみ分布し、個体数は100羽程度と推定されている。その遺伝的多様性を調べたところ、基亜種のカラスバトよりかなり低いことが明らかになった。



図1. アカガシラカラスバトは中国・韓国・日本に分布するカラスバトの日本固有亜種。小笠原諸島にのみ分布し、個体数は100羽程度と推定され、伐採による生息環境の減少、クマネズミとの餌を巡る競争、ノネコによる捕食などで絶滅の恐れが高いとされ、絶滅危惧IA類に指定されている (安藤温子氏撮影)。

一方で、小笠原諸島の集団と火山列島の集団間で遺伝的交流が認められ、各集団の遺伝的多様性を失わないように保全するだけでなく、集団間の交流が維持できるような保全施策が必要であることがわかった (Ando et al., 2011)。

当研究室ではこれらの種以外にも、多くの希少種を対象として研究が行われている。例えばスズカケソウでは徳島県の1集団約130個体が1クローンからなることを明らかにしたり、千葉県のスズカケソウが新種であることを確定するに至る発見をするなど、研究成果が保全の現場に直結している。現在は、半自然草原に見られるスズサイコ、伊豆諸島の御蔵島など限られた場所にしか分布していないニオイエビネなど、多くの希少種についても、遺伝解析などにより最適な保全施策を探る研究が進められている (井鷲, 2012)。

繁殖生態の解明

植物の繁殖では、受粉と種子散布に関して、動物に依存する種がある。それらの植物では、花粉媒介者や種子散布者が限定されることがあり、それらの種との間に種間関係が形成され、それが繁殖生態に大きな影響を及ぼすことがある。

シマクサギは、伊豆半島と三浦半島にも局所的に分布するものの、ほぼ伊豆諸島にのみ見られる準固有種である。一方、近縁種であるクサギは本土で普通に見られる広域分布種であり、伊豆諸島にも分布する。両者はよく似ており、花の形態の違いなどから1997年になってはじめて別種と認定されたほどである。

シマクサギが伊豆諸島周辺で分化したメカニズムについて、本州にいる送粉者が島嶼では欠落し、新しい送粉者に適応して種分化したとの仮説を立てて研究したところ、本州ではクロアゲハやカラスアゲハのような黒色系アゲハが主要な送粉者であるのに対し、伊豆諸島では、ハウジャク類が主な送粉者であることが明らかになった。花の形態を比較すると、シマクサギはクサギより雄蕊・花弁は共に短く、花筒はわずかに長かった。訪花試験を行ったところ、アゲハ類の送粉効率は両種で差はなかったが、ハウジャク類の送粉効率はシマクサギで著しく高く、花の形態の違いが、島嶼部での主要な送粉者であるハウジャク類への適応であることが示唆された (Mizusawa et al., 2012)。

受粉において重要なのは、健全な種子が生産されることである。自家不和合性を持つ植物では、自分の花粉で受粉しても繁殖には効果的でない。ホオノキは、初夏につける大きな花が目立つ樹木であるが、このような大きな花を持ち大量の花粉を生産する花は、甲虫媒に適した花形態とされるが、ホオノキの花にはハナムグリなどの大型の甲虫以外にもマルハナバチ類や小型甲虫も訪れてい

る。これらの花粉媒介者の受粉への貢献度を、体表に付着している花粉一粒の遺伝情報を花粉粒の直接遺伝解析法で調べたところ、ハナムグリ類は、体に付着している花粉量が多いだけでなく、そのうち他家花粉が占める割合が、マルハナバチ類や小型甲虫類に比べて圧倒的に高かった。マルハナバチ類は多くの花粉を身につけているものの、その大半が自家花粉であり、強い近交弱勢を示すホオノキにとっては決して効率的な花粉媒介者ではないことがわかった (Matsuki et al., 2008; 松木・井鷲, 2012)。

受粉も繁殖に大切なイベントであるが、できた種子をどう散布するかも、移動できない植物にとっては繁殖の重要なテーマである。できた種子が遠くに運ばれ、新たな生息適地を確保できれば、次世代の確保に有利になることが期待できる。しかし、ある母樹からの種子の散布距離を直接観察だけで明らかにすることは極めて困難である。その困難な課題に遺伝解析の手法を用いて取り組んでいる。茨城県の小川学術参考林でミズキの種子が鳥類によってどのくらい運ばれるかを、内果皮などの母樹由来の組織を対象にマイクロサテライト遺伝解析を行い、母樹と散布種子との距離を調べてみると、多くが母樹下に落とされる一方で中には100mを超える距離を移動したり、調査区外から持ち込まれる種子も見られた。結実ピーク時には、鳥に種子散布される種子が増え、種子散布量・距離ともに大きくなることが明らかになった (山崎ほか, 2013)。

鳥類では、このような種子散布がすぐ頭に浮かぶが、それだけではない。種子を食べてしまう種子食の種もある。その一つであるイカルについて、大学構内に生えているコバノチョウセンエノキとエノキの採食を比較したところ、同属近縁種であるにも拘わらず、コバノチョウセンエノキを強く選好し、その種子散布量を大きく減少させてしまっ

ていた。種子食鳥はどちらかというと狭食性の食性を持ち、特定の種に大きな影響を与えている可能性が示唆された（Yoshikawa et al., 2012）。

NGSを用いた遺伝学的研究の新たな展開

遺伝解析技術は、今、飛躍的に発展しようとしている。それは、2007年に開発された次世代シーケンサー（Next Generation Sequencer；NGS）の影響である。従来のシーケンサーがせいぜい100のDNA断片しか一度に処理できなかったのに対し、NGSは数千万から数億のDNA断片を処理することができる。1回の運転で数千億塩基の情報を得ることができる。それもただ量が多いだけでなく、一度に読む塩基（リード）の塩基数を指定できるため、小数の断片を丁寧に読むか、大量の断片を少しずつ読むかなどの操作も可能となる。このような桁違いの処理が可能になることで新たな解析が進められている。

希少種の保全において、その食性を明らかにすることは基本情報として不可欠である。先ほど述べたアカガシラカラスバトでも食性の詳細がわかっていない。希少種の場合、食性を調べるには非侵襲的な手法が必要であり、その代表に糞分析がある。しかし、糞に出てくる組織片による判別には限界があり、特にハトの仲間は砂嚢で食べ物を粉砕してしまうため糞分析では極めて断片的なことしかわからない。これに対し、DNAバーコーディングという短い遺伝マーカーによって種を判別する手法を用いて、食性を明らかにして、生息環境管理に関する情報を得るための研究が進められている。例えば、52のサンプルを解析にかけ、50のサンプルから37,197リードの解読に成功し、このうち32,291リードが予め用意したデータベースに一致し、44種の植物が検出された（安藤ほか、2013）。多量のDNA情報を解読することができる

ので、糞に含まれる食物のDNAを網羅的に検出することができる。この手法は多くの生物に応用でき、現在、糞分析によるシカの食性解析を種レベルで行うことができるかどうかの研究も進めている（中原ほか、2012）。

熱帯雨林は生物多様性が高く、菌類でも日本で見られないような多様な種が存在すると予想されるが、種の同定ができていないこともあって、菌類相の研究は困難である。植物の葉に生育する葉圏菌相について、メタゲノム解析という手法でその多様性の解明に取り組んでいる研究が行われている。メタゲノム解析は、微生物群集を培養などによって個別の微生物を特定することができなくても、その群集に含まれるDNAをそのまま全て抽出し、NGSで網羅的に解読することで、そこにある生物相の特徴を把握したり、その環境との相互作用について解明したりする手法である。フタバギ科の造林樹種と同所的に生育する他の植物種を対象に、その葉10枚を採取してメタゲノム解析を行ったところ、6,052,286リードが抽出され、そのうち708,056リードについて解析したところ、種同定できたのはわずか10%に過ぎず、未知の菌類が多数存在している可能性が示唆された（伊津野ほか、2013）。

遺伝解析と分布予測モデルを応用した

植物の分布変遷の解明

分子系統地理学は、生物のDNAに刻み込まれている遺伝構造に関する情報から、種の分布変遷に関する情報を推定する学問分野であり、近年では分布予測モデルなどを組み合わせた学際的な研究分野として発展してきている。

ハリギリ（図2）は、東アジアでもっとも広域分布する高木種の1種で、様々なタイプの森林で見られる。そこで、日本・中国・韓国の標本およ



図2. 中国広東省のハリギリ。ウコギ科の樹木で、高さ30m、直径1.5mにもなる落葉高木である。集団といっても成木の分布密度は非常に低く、単木間の距離が離れているため、分布適地でもまとまった数の個体を探し出すのはかなりの苦勞が必要である（阪口翔太氏撮影）。

び研究者からの情報提供を受けて402地点の分布情報を得て、それらの分布情報から、気温・降水量などを基にハリギリの生態ニッチの特性を把握し、モデル化した。そして気候シミュレーションモデルから推定されている過去の気候データを組み合わせることで、分布域を推定する生態ニッチモデルによってハリギリのこれまでの歴史的な分布変遷を復元した。それにより、もともと温暖な間氷期には、ハリギリは中国、朝鮮半島、日本列島に分かれて分布していたものが、最終氷期最盛期には中国大陆から日本にかけて形成された東シナ海陸橋でつながり、その後、再び、現在のような隔離分布まで拡大したと予想された（阪口，2013）。

一方、3カ国の75集団2,205個体の葉のサンプルを基にした遺伝解析では、葉緑体のハプロタイプでは、中国東部から日本列島にかけての地域、中国の東経110度よりも西で長江より南の地域、長江より北の地域、の3つのグループに分けられた。このうち中国南西部の集団と中国東部から日

本列島にかけての集団は、過去に分布の拡大を経験していることが示された。核のマイクロサテライトマーカーを用いた分析でも同様の遺伝分化が見られたが、中国東部の集団と南日本の集団は別の系統に属することが明らかになり、温暖期に出現する東シナ海が障壁となって分化が起きたことが示唆された。また、葉緑体ハプロタイプ、核DNAともに集団間の地理的距離が増大すると遺伝距離も増大しており、種子や花粉の移動を介した遺伝子流動が地理的距離の制約を受けていることがわかった（Sakaguchi et al., 2012）。

ハリギリは花粉も化石に残りにくい植物であり、過去の分布情報を得ることはほぼ不可能に近い。その条件の中で、生態ニッチモデル、葉緑体のハプロタイプと核のマイクロサテライト遺伝構造の、それぞれの解析結果がよく対応したことで、各解析で独自に推定された分布変遷シナリオが正しいことの裏付けとなったとともに、それぞれの特徴から広域分布植物の分布変遷を引き起こしたより詳しいメカニズムを考察することができた（阪口，2013）。

カシノナガキクイムシの寄主木選択

ブナ科樹木萎凋病、いわゆるナラ枯れによる集団枯損被害は、近年、東日本で拡大しているだけでなく、近畿圏でも深刻さを増している。京都市でも、東山で毎年、多数の枯死木が発生する状況が終息してない。

京都府では、ナラ枯れの被害は1991年に丹後半島から始まり南東方向へ拡大しており、2002年には芦生研究林に、2008年には八丁平周辺の二次林にまで及んでいる。

ナラ枯れは、カシノナガキクイムシ（図3）が運ぶ病原菌により水分通導が阻害されることによって起こる。ただし、枯死に至るほどの阻害は、少

数のカシノナガキクイムシの加害だけでは発生せず、集中加害（マスアタック）があって初めて被害木は枯死に至る。体長 5 mm ほどの昆虫が、広い範囲にいくつも存在する加害可能な樹木個体から、どうやって加害する木を選択し、集中加害するのかがわかれば、被害の発生機構の解明に大きく寄与すると考えられる。当研究室の山崎理正助教が、この課題に学生達と共に長年取り組んでいる（山崎，2009）。毎年、4 回生や修士の学生が、山崎助教のアイデアを活かすべく地道に研究を続けてきた結果、その一端が明らかになってきている。

芦生研究林の長期固定調査区でのミズナラ枯死木の変遷を調べると、集中分布する太いミズナラほどカシノナガキクイムシの加害を受けやすいことが明らかになった。これからカシノナガキクイムシは、天然林内にあるミズナラの集中斑を何らかの方法で検出し、その中で繁殖により好適な樹木個体を選択しているらしいことが推測された



図 3. カシノナガキクイムシの成虫。体長約 5 mm。左がオス、右がメス。元々は衰弱木に穿孔する二次性昆虫とされていたが、ナラ枯れ被害地では健全木に穿孔し、問題となっている。メスの胸部の背中の中丸い点が集中している場所がマイカンギアと呼ばれ、幼虫の餌となる酵母と樹木を枯死させる病原菌がここに付着している（山崎理正氏撮影）。

（Yamasaki & Sakimoto, 2009）。

集中加害の発生機構を確かめるため、八丁平の周囲を取り囲む二次林 90ha を対象に、前年の被害木を枯死していないものまで丁寧にピックアップする調査を、ここ数年続けてきている。その結果、枯死確率は、ミズナラとクリという樹種によっては異なっているが、同じ樹種の中では太さによる違いがないことがわかった。さらに、被害木は強い集中分布を示していることから、飛来時に加害に適した個体の集中斑を見つけることが寄主木選択において重要なプロセスであることまで明らかになった（Yamasaki & Futai, 2012）。

集中斑の検出過程についてはまだ明らかになっていないが、その機構が明らかになれば、そこを阻害することで被害を軽減できる道が見えるかもしれない。

ニホンジカによる植生改変と植生の回復試験

増加したニホンジカによる植生改変は、下層植生の喪失のみならず、中上層木の減少まで引き起こしている。生態系が変わってしまうだけでなく、土壌の流出など生態系の喪失にまでつながりかねない状況も発生している（図 4 左）。京都大学芦生研究林でも、シカの採食による下層植生の消失が著しい。豊かな天然林として知られる芦生の森を次世代にまで残すために、今、何が起きていて、これからどうすべきなのかについて明らかにすることが求められている。なお、筆者はシカの自然植生への影響について“被害”という人間の価値判断を含んだ用語でなく、改変という言葉をししば用いる。植物の立場だけでなく、影響を被る他の種の立場からも被害の方が適切な用語かもしれないが、広い視点で動物と植物の相互作用を考えたときに、被害を定義するのが難しく、植生改変と呼んでいるので、ご理解いただきたい。



図 4. シカの採食圧と芦生の植生. 豊かな植物群集を誇っていた芦生の植生も2000年前後頃からのシカの採食とササ類の一齐開花・枯死によって下層植生がなくなり、今では土壌流出が心配されるほどである（左：2013年 5 月 6 日撮影）。2006年 6 月に大規模防鹿柵で囲って作った集水域防護試験区は、12月から翌 4 月まで雪による倒壊を避けるために柵を開放しているが、その中の植生は明るい谷筋を中心にかなり回復してきている（右：2013年 5 月 18日）。

芦生研究林では、下層植生の衰退などの変化について研究し、芦生の生物相を科学的に保全するための研究プロジェクト「芦生生物相保全プロジェクト」が、当研究室出身の研究者を中心に多数の人の協力のもとに実施されている。その中心的な研究サイトが、一つの谷をぐるりと防鹿柵で囲い、小集水域単位でシカの影響を評価する集水域防護試験区（図 4 右）である。2006年に13haの集水域防護区を設置し、隣接する19haの対照区と植生や水質の変化を比較してきた。すでにシカが高密度で生息することが土壌動物相や水生昆虫相、溪流水の水質へ及ぼす影響が他の研究室の研究者によって調べられている。大面積防鹿柵が森林の保全にもたらす効果として、低頻度でしか出現しない希少種を保全するのに有効であること（阪口ほか，2008）や強く攪乱を受けた状態を保護した時に発達する林床植生は、ササが優占していたかつての森林における下層植生の発達とは異なっていると推定されることが示されている（阪口ほか，2012）。

プロジェクトでは芦生研究林上谷地域における

シカの影響評価も行っており、下層植物の減少は、蜜源の減少となって訪花昆虫へ影響を及ぼすのではないかという視点から、トラマルハナバチについて、過去に採取された標本と現在の個体の遺伝的多様性を測定したところ、有効対立遺伝子数、対立遺伝子多様度の推定値などの指標に違いは見られないという意外な結果が出て、広い生態系を対象として間接効果の影響を測定する困難さが示された（井上，2009；Inoue et al., 2010）。一方で、シカの生息しない地域との比較によって、林床植物の開花密度の減少が無報酬花をつけるナツエビネの繁殖成功度に負の影響を及ぼしている可能性が示唆されている（Sakata et al., 2013）。また、林内における車での移動時のシカ目撃頭数を個体数密度の相対指標として評価する研究も行われている（合田ほか，2008；Inoue et al., 2012）。

芦生研究林では、今年から初夏の有害捕獲も開始されている。現在、これまでの研究に加えて自動撮影などを用いながら、シカの生息地利用とその影響や保全のための効果的な施策の在り方など

について研究を進めているところである。

おわりに

手前味噌になってしまうが、当研究室は、現在の野生生物保全の3つのホットトピックを味わうことができる希有な環境にあるとも言えよう。この環境を活かして新たな保全の流れを担う人材が育ってゆくことを期待したい。最後に自分の専門外の分野については、ほとんど手探り状態で書き上げた。そのつたない文章を快く修正していただき、写真をご提供いただいた、研究室の山崎理正先生、安藤温子氏、並びに東京大学大学院総合文化研究科の阪口翔太氏に、心よりお礼申し上げたい。

引用文献

- Ando, H., S. Kaneko, H. Suzuki, K. Horikoshi, H. Takano, H. Ogawa & Y. Isagi. 2011. Genetic diversity of the Japanese wood pigeon, *Columba janthina*, endemic to islands of east Asia, estimated by newly developed microsatellite markers. *Zoological Science*, 28(12): 891-896.
- 安藤温子・鈴木節子・堀越和夫・鈴木 創・梅原祥子・村山美穂・井鷲裕司. 2013. DNAバーコーディングを用いた糞分析に基づく、絶滅危惧種アカガシラカラスバトの食物構成とその季節変化の解明（日本生態学会第60回全国大会ポスター発表資料. P1-308）.
- 合田 緑・井上みずき・高柳 敦. 2008. 芦生研究林における林道走行中のシカ目撃モニタリング. *森林研究*, 77: 89-94.
- 井上みずき. 2009. 案外したか？ 環境が激変した森でのトラマルハナバチの遺伝的多様性. 「昆虫科学が拓く未来」（藤崎憲治・西田律夫・佐久間正幸編），pp. 91-94. 京都大学学術出版会，京都.
- Inoue, M., S. Sakaguchi, K. Fukushima, M. Sakai, A. Takayanagi, D. Fujiki & M. Yamasaki. 2012. Among-year variation in deer population density index estimated from road count surveys. *Journal of Forest Research*, Online first.
- , M. Yamasaki, T. Kakutani & Y. Isagi. 2010. Negligible impact of deer-induced habitat degradation on the genetic diversity of extant *Bombus diversus* populations in comparison with museum specimens. *Journal of Insect Conservation*, 14: 191-198.
- 井鷲裕司. 2012. 絶滅危惧種の分子保全遺伝学. 「森の分子生態学 2」（津村義彦・陶山佳久編），pp. 137-158. 文一総合出版，東京.
- 伊津野彩子・山崎理正・田辺晶史・東樹宏和・Sapto Indrioko・井鷲裕司. 2013. メタゲノム解析による熱帯多雨林の葉圏菌類多様性の解明（日本生態学会第60回全国大会ポスター発表資料. P1-184）.
- Kaneko, S., Y. Isagi & F. Nobushima. 2008. Genetic differentiation among fragmented populations in an oceanic island: the case of *Metrosideros boninensis*, an endangered endemic tree species in the Bonin Islands. *Plant Species Biology*, 23: 119-128.
- Matsuki, Y., R. Tateno, M. Shibata & Y. Isagi. 2008. Pollination efficiencies of flower-visiting insects as determined by direct genetic analysis of pollen origin. *American Journal of Botany*, 95(8): 925-930.
- 松木 悠・井鷲裕司. 2012. 花粉粒の直接遺伝解

- 析法を用いたホオノキ訪花昆虫の送粉効率評価。林木の育種, 242: 3-9.
- Mizusawa, L., G. Takimoto, M. Yamasaki, Y. Isagi & M. Hasegawa. 2012. Comparison of pollination characteristics between the insular shrub *Clerodendrum izuinsulare* and its widespread congener *C. trichotomum*. Plant Species Biology, Online first.
- 中原文子・安藤温子・塩田幸弘・津村義則・高柳 敦. 2012. シカの食性解析におけるDNA バーコーディングの有用性 (日本森林学会第123回大会ポスター発表資料, Pa-166).
- 阪口翔太. 2013. 日華植物区系におけるハリギリの生物地理. 「系統地理学」(種生物学会編), pp. 101-123. 文一総合出版, 東京
- ・藤木大介・井上みずき・高柳 敦. 2008. 芦生上谷流域の植物多様性と群集構造—トランセクトネットワークによる植物群集と希少植物の検出—. 森林研究, 77: 43-61.
- ・——・——・山崎理正・福島慶太郎・高柳 敦. 2012. ニホンジカが多雪地域の樹木個体群の更新過程・種多様性に及ぼす影響. 森林研究, 78: 57-69.
- Sakaguchi, S., Y. X. Qiu, Y. Liu, X. S. Qi, S. H. Kim, J. Han, Y. Takeuchi, J. R. P. Worth, M. Yamasaki, S. Sakurai & Y. Isagi. 2012. Climate oscillation during the Quaternary associated with landscape heterogeneity promoted allopatric lineage divergence of a temperate tree *Kalopanax septemlobus* (Araliaceae) in East Asia. Molecular Ecology, 21: 3823-3838.
- Sakata, Y., S. Sakaguchi & M. Yamasaki. 2013. Does community-level floral abundance affect the pollination success of a rewardless orchid, *Calanthe reflexa* Maxim.?. Plant Species Biology, Online first.
- 山崎理正. 2009. 環境変化がもたらす森林の衰退—ナラ枯れとカシノナガキクイムシ. 「昆虫科学が拓く未来」(藤崎憲治・西田律夫・佐久間正幸編), pp. 99-113. 京都大学学術出版会, 京都.
- Yamasaki, M. & K. Futai. 2012. Discrimination among host tree species by the ambrosia beetle *Platypus quercivorus*. Journal of Forest Research, 17(2): 149-155.
- & M. Sakimoto. 2009. Predicting oak tree mortality caused by the ambrosia beetle in a cool-temperate forest. Journal of Applied Entomology, 133: 673-681.
- 山崎良啓・直江将司・正木 隆・井鷲祐司. 2013. 鳥類のフンと含有種子双方の遺伝解析による果実食鳥の種子散布パターン解析 (日本生態学会第60回全国大会ポスター発表資料, P1-145).
- Yokogawa, M., S. Kaneko, Y. Takahashi & Y. Isagi. 2010. Genetic consequences of rapid population decline and restoration of the critically endangered herb *Polemonium kiushianum*. Biological conservation, 157: 401-408.
- Yoshikawa, T., T. Masaki, Y. Isagi & K. Kikuzawa. 2012. Interspecific and annual variation in pre-dispersal seed predation by a granivorous bird in two East Asian hackberries, *Celtis biondii* and *Celtis sinensis*. Plant Biology, 14(3): 50-514.

