

課題名 4D-1201 シマフクロウ・タンチョウを指標とした生物多様性保全—北海道とロシア極東との比較

課題代表者名 中村 太士（国立大学法人北海道大学 大学院農学研究院 環境資源学部門 森林管理保全学分野 森林生態系管理学研究室 教授）

研究実施期間 平成24～26年度

累計予算額 116,568千円（うち26年度39,514千円）
予算額は、間接経費を含む。

本研究のキーワード シマフクロウ、タンチョウ、遺伝的多様性、アンブレラ種、将来予測、復元計画

研究体制

- (1) タンチョウ・シマフクロウの生息環境解析（特定非営利活動法人タンチョウ保護研究グループ）
- (2) 遺伝的多様性と近交弱勢解析（北海道大学）
- (3) 指標種としての有効性解析（北海道大学）
- (4) 将来シナリオと生息地保全・復元計画（北海道大学）

研究協力機関

酪農学園大学、地方独立行政法人北海道立総合研究機構環境・地質研究本部環境科学研究センター

研究概要

1. はじめに（研究背景等）

我が国の湿地生態系の3分の2を抱える道東地方において、高度経済成長期以降に実施されてきた開発は、河川水辺の生態系を大きく改変した。生態系のアンブレラ種と考えられ、絶滅危惧種でもあるシマフクロウ、タンチョウについては、種の保存法に基づく保護増殖事業の成果もあり、個体数は緩やかな増加傾向にあるが、本来の生息環境は著しく改変されており、現状の自然条件下では十分な個体数を維持することは難しい。さらに、2005年比で2035年に道東地方の大部分の市町村の人口は4割程度減少すると予測されている。このため、大量の耕作放棄地の発生など、劇的な土地利用の変化が今後20数年の間に進行する可能性がある。

生息数が少なく夜行性のシマフクロウは直接観察が難しく、また自然環境下におけるタンチョウは植生や地形に阻まれ、野外個体の知見集積は十分ではない。また、両種は希少種に指定されているため調査方法が限定されるなど、特に環境利用や餌資源の詳細、個体の移動分散経路、行動圏の特徴が科学的に解明されていない。最近の鳥類研究(Heber and Briskie 2010)では、ボトルネックと遺伝的多様性の低下が孵化率の低下につながる事が報告されている。そのため、過去の個体数減少や個体群の分断化・孤立化を経験している2種では、遺伝的多様性の低下や孵化率・繁殖率の低下、遺伝的障害が起こり、絶滅へ向かう可能性が危惧されている。一方、ロシア極東にも、シマフクロウやタンチョウは生息するが、集団の遺伝的多様性や日本集団との系統的・遺伝的關係はこれまでまったく研究されていない。さらに、「アンブレラ種」とは、その生物種を守ることで他の多くの種も同時に守られる、いわば生態系を包括するような種であるが、科学的な検証は非常に少ない。

2. 研究開発目的

本研究では、高度経済成長期から、今後急激な人口減少社会を経験する北海道において、シマフクロウとタンチョウのアンブレラ種としての適性検証、それをふまえた河川水辺生態系の変動解析を実施する。特に、生息場所の解析と分断化・孤立化を経験している遺伝的多様性も考慮して解析を行う。自然状態で安定した個体群が維持されているロシア極東地方をリファレンスモデルとし、北海道の生物多様性の保全・再生プログラムを樹立し、東アジア地域の北方系河川水辺の生態系における生物多様性の保全に寄与することを目的とする。

研究は、4つのサブテーマに分かれて実施する(図1)。サブテーマ1では2種の生息・繁殖に適した環境条件を解明して道内における生息・繁殖適地を抽出することを目指し、北海道及びロシア極東の各生息地・行動圏の調査を行う。サブテーマ2では、2種の再導入・野生復帰に向けた遺伝的多様性情報蓄積のため、2種の北海道集

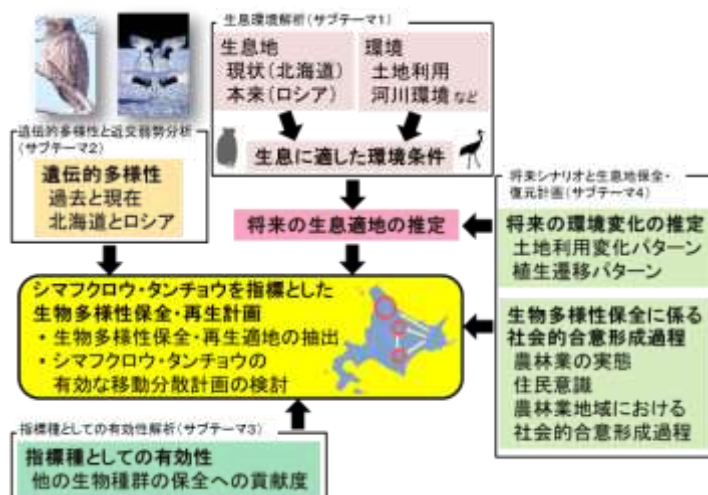


図1 プロジェクトの概要

団における遺伝的多様性の地理的・時間的パターンを把握する。サブテーマ3では、2種の指標種としての有効性(他の生物群集の多様性をどの程度包括しているのか)を評価する。サブテーマ4では、将来の2種の生息候補地を選定するために土地利用変化の将来予測を行い、生息候補地の植生復元手法と民有地に生息地を再生するための社会的合意形成方法の検討を行う。

3. 研究開発の方法

(1) タンチョウ・シマフクロウの生息環境解析

(1-1) シマフクロウの生息環境解析

シマフクロウは定住性が強いので、まず各研究の基礎となる生息地のモニタリングを行った。その結果に基づき、繁殖確認地点では雛の捕獲採血を行いサブテーマ2のDNA解析に提供した。また生息地位置情報をサブテーマ3の指標種解析、サブテーマ4の生息適地予測と分散シミュレーション解析に提供した。生息地の中から19地点を抽出し、CCDカメラを巣箱や天然巣に設置して、数百メートル遠方より繁殖成功率、給餌種などの情報を採取し解析を行った。また、行動や環境利用特性を把握するために、野生成鳥をくくり罠を使用して捕獲し、GPSロガーを装着して放鳥した。その後機器に蓄積されたGPSデータをUHF波を利用してダウンロードし、成長個体の利用環境を解析した。いっぽう、北海道の状況と比較するために、ロシア沿海地方において、繁殖地の発見とDNA解析用の羽毛の採取を行った。また、生息環境改善の基礎資料として、北海道森林管理局及び北海道道有林から借用した情報で、河川工作物データを整備した。さらに既存の魚類相データの収集整理を行い、河川工作物と魚類相の関係を解析した。

(1-2) タンチョウの生息環境解析

北海道では、軽飛行機を用いて、主な繁殖地である釧路湿原を中心とした湿地等を、2012年及び2014年の4-6月に調査した。また、ロシアのハンカ湖南東岸にある湿原において、ヘリコプターを用いて、2012年8月、2013年及び2014年5月に調査を行った。パイロットを除く調査員2-4名が搭乗し、個体の探索、飛行経路指示、位置記録、及び画像撮影を行った。それぞれの繁殖(生息)状況を基に、比較解析を行った。ロシアのハンカ湖東岸でヒナ1羽を連れた家族の成鳥1羽に衛星追跡送信機(以下、PTT)を装着した。日本時間で11:00、14:00、23:00の1日3回GPSデータ(誤差は±18m)を取得した。集めたデータは10日毎に衛星に送信され、衛星から地上の基地局に送られ、インターネットを利用して位置情報を得た。営巣地点データと植生図を基に、地理情報システム(GIS)を利用して、営巣環境解析を行った。主要な営巣地域である十勝・釧路・根室の営巣植生を基に一般化線形モデルを作成した。ここで、つがいのテリトリー面積に基づき2kmメッシュを解析単位とし、応答変数は、タンチョウの巣が存在した営巣メッシュを1、非営巣メッシュを0とした。非営巣メッシュは、営巣メッシュ数と同数を同地方内からランダムに選択した。また、説明変数をメッシュ内の植生面積(m²)とした。作成されたモデルを北海道全域に適用し、営巣適応度(ポテンシャル)を推定した。さらに、北海道の将来のタンチョウ個体群の変化を予測する個体群存続性解析を行った。

(2) 遺伝的多様性と近交弱勢解析

標識調査の際に捕獲された個体や、傷病保護個体、死亡個体から得られた、シマフクロウ405個体(1963年~2012年)及び、タンチョウ153個体(2006年~2014年)のDNAサンプルについて、ミトコンドリアDNA制御領域の塩基配列の決定、及び、マイクロサテライト遺伝子座の遺伝子型の決定を行った。これらのデータに基づいて、地域集団内の遺伝的多様性、地域集団間の遺伝的分化の程度を調べた。また、環境変化への適応に関わる遺伝的多様性を調べるため、免疫関連遺伝子(MHC遺伝子)について、次世代シーケンサーを用いて網羅的な多様性解析を行った。さらに、全国の博物館等に収蔵されていた剥製標本や出土骨から得られた、シマフクロウ31個体、及び、タンチョウ18個体のDNAサンプルについて、ミトコンドリアDNA制御領域の塩基配列の決定を行った。これにより得られたデータを、近年のサンプルと比較することで、過去から現在までの長年にわたる遺伝的多様性の変遷と各地域集団の成立過程について検討した。

(3) 指標種としての有効性解析

シマフクロウとタンチョウの指標種としての有効性を明らかにするために、北海道内に生息する森林性及び草地・湿地性の一般鳥類の多様性マップを作成した。マップ作成の元データには、北海道立総合研究機構 環境・地質研究本部 環境科学研究センターが開発・管理する野生生物分布データベース(鳥類)を使用した。このデータは、市民(野鳥の会会員を含む)によって収集されたデータで、データの件数と調査地点数が充実している。しかし、調査努力量が地理的に偏っており、調査地点は市街地周辺に多いものの、山地では少なかった。本研究では調査時の観察プロセスを考慮したモデル(発見確率モデル)と従来の観察プロセスを考慮しないモデル(POモデル)を構築して結果を比較し、観察プロセスを考慮することで調査努力量の地理的偏りが補正されるか

検討を行った。次に、発見確率モデルで作成した鳥類の種数マップ(森林性52種、草地・湿地性23種)とサブテーマ1より提供されたシマフクロウとタンチョウの繁殖地点データをもとに、両種のアンブレラ種としての有効性について検討した。解析では、基本地域メッシュ(1 km× 1 km 解像度)で作成した繁殖地点データと種数マップを重ね合わせ、両種の繁殖・非繁殖地における森林性及び草地・湿地性の一般鳥類の種数を比較し、t検定により統計的有意性について検討を行った。

(4) 将来シナリオと生息地保全・復元計画

(4-1) 放棄・未利用農地発生パターンの解明と将来の土地利用変化の予測

北海道の未利用・放棄農地発生パターンを解明するため、国土数値情報で公開している1976年から2009年の土地利用細分メッシュデータの比較により抽出した放棄農地(農地→森林・荒地)の発生率(年代別に3次メッシュごとに集計)を目的変数に、農地サイズや通作距離内の人口などを説明変数とする放棄農地発生予測モデルを構築し、年代ごとの放棄農地発生要因を比較した。このうち、2006年から2009年の放棄農地発生予測モデルに、国立社会保障・人口問題研究所の2040年推計人口の値を外挿したものを、2040年人口下における放棄農地発生率とした。ここで予測された放棄地のうち、過去の地形図で森林の履歴を持つ放棄地は森林が再生し、湿地の履歴を持つ放棄地は、湿地が再生すると仮定し、履歴別に集計した。

(4-2) 将来シナリオ下における生息地分布の推定

(4-2-1) シマフクロウの生息地分布の推定

シマフクロウの生息適地を推定するため、同種の安定的な個体群が存在する北海道東部の13市町村を対象に、現在の同種の生息地データ(サブテーマ1及び環境省から提供、4km×4kmメッシュで集計)を目的変数に、自然林面積、河川から300m以内の自然林面積、人工林及び二次林面積、河川から300m以内の人工林及び二次林面積、河川長、同種の主要な餌4魚種の潜在生息有無のデータを説明変数とするロジスティック回帰モデルによって同種の生息確率モデルを構築した。このモデルを全道に外挿し、現在の北海道における同種の潜在生息確率を予測し、生息地適性とした。これと、分散距離や繁殖成功率などの情報(サブテーマ1から提供)を用いてMigClimにより、1)現在の環境が続いた場合、2)生息地のコア地域である森林部で保全策を講じた場合、3)生息地間の移動経路にあたる平野部の放棄農地に森林を再生した場合の3つのシナリオで分散シミュレーションを行い、今後50年間で同種の分散が可能な地域を予測し、分散を促進する保全策の空間配置を検討した。

(4-2-2) タンチョウの営巣地分布の推定

タンチョウの営巣適地を推定するため、タンチョウの主要な営巣地域である十勝、釧路、根室振興局における2007、2008、2012年の飛行調査から得られた営巣地点データ(サブテーマ1から提供、3次メッシュ4つ分を1つとするおよそ2km×2kmのメッシュで集計)を目的変数に、湿地面積、道路非隣接率、傾斜を説明変数とするロジスティック回帰モデルを用いてタンチョウ営巣適地予測モデルを構築した。ここで、農地面積が5%以下のメッシュの営巣地は自然状態、5%以上のメッシュの営巣地は農業活動に依存しているとみなして、個別にモデルを構築した。このモデルを全道に外挿し、現在の北海道の環境下と湿地履歴を持つ放棄農地に湿地を再生した場合の環境下でのタンチョウの営巣適地を推定し、現状との比較を行った。

(4-3) 休耕農地における植生遷移パターンの解明と植生復元手法の検討

標津町、中標津町を流れる標津川下流部の湿原域と当幌川中下流域を調査地とした。2013年、営農中の牧草地、耕作停止後5年、12年、14年、25年が経過した休耕牧草地、残存する湿地を対象として2m×2mの方形区をそれぞれ5区以上設置し、出現種及びその植被率(夏と秋)、地下水位(秋)、周囲の植生面積を調査した。また、翌年、直径5cm×深さ10cmの土壌コアを採取、圃場で撒き出し実験を行った。土壌深度2水準(0cm～5cm、5cm～10cm)、湛水深度2水準(0cm、5cm)を設け、発芽してきた植物種を同定した。氾濫原域に生育する種を湿生植物種、牧草として播種されている種を牧草種、その他に分類し種数と個体数を集計した。出現種の植被率でNMDS(非計量多次元尺度構成法)による種組成分析を実施した。

(4-4) 生物多様性保全に係る社会的合意形成方法の検討

(4-4-1) 林業地域における野生生物(シマフクロウ)への生息地提供可能性

民有林において森林施業の規範を設定しているのは森林計画であり、とりわけ市町村が策定する森林整備計画が地域の森林のマスタープランとして、森林整備・保全・利用の方針を設定しているため、北海道内の市町村整備計画の策定プロセスと作成内容についての資料収集・聞き取り調査を行った。森林生物多様性保全型の施業を進めるためには森林所有者の意向が重要であることから、アンケート調査を行った。アンケート調査は北海道庁森林計画課の協力を得て、足寄・本別・浦幌町及び鶴居村の全森林所有者を対象として行った。

(4-4-2) 農業地域における野生生物(タンチョウ)への生息地提供可能性

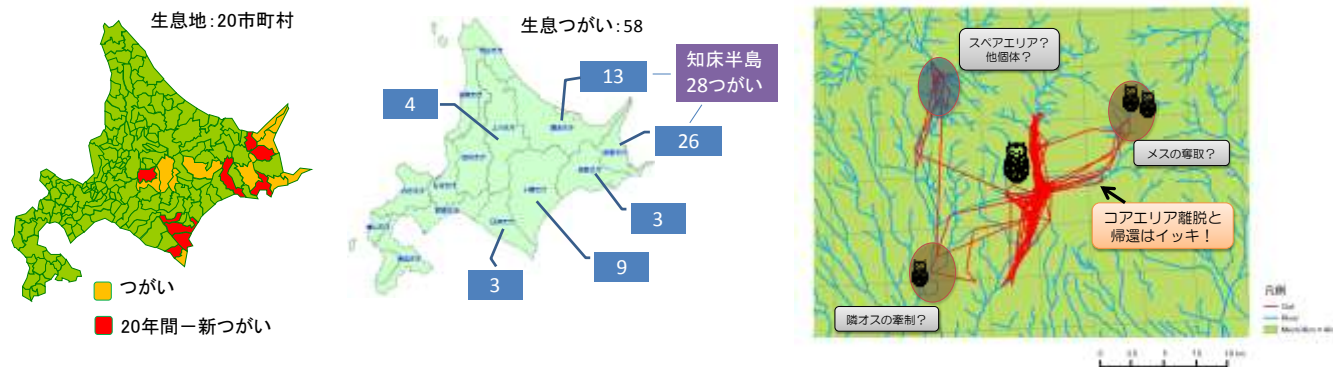
北海道の草地酪農地帯を対象として、野生生物(タンチョウ)の生息環境としてのポテンシャルを有する「保全対象農地」の存在状況を把握するために、農地の権利移動(特に売買)に際して、圃場1筆ごとの「農地評価」が実施されていることに着目した。具体的には、釧路管内の浜中町農業委員会の協力を得て、売買移動の実績を基礎データとして用いることとした。売買の場合の農地評価に際しては、特徴的な「農地区分」が採用されており、大きくは「農地」と「採草放牧地」に分けられる(両者を合わせて「農用地」と呼称されている)。無条件で生産的利用の対象となる「農地」は評価面から5区分され、ha当たり40~60万円の基本地価が設定されている。後者の「採草放牧地」は「可耕地」「湿地A」「湿地B」「その他」の4区分から成る。農地は土地改良投資により性質が改善し得るが、「湿地B」は「草地利用に不適」と評価されている。その基本地価はha当たり1万円と極端に低価格である。

4. 結果及び考察

(1) タンチョウ・シマフクロウの生息環境解析

(1-1) シマフクロウの生息環境解析

シマフクロウは2014年には62地点(58つがい)が確認され、生息数増加と分布拡大がみられ、一部ではロシア生息地以上の高密度で生息していることが確認された(図(1)-1左、中)。巢内に設置したCCDカメラにより、生息地の立地(沿岸域や内陸、地域性)で利用魚種が大きく違うことが明らかになったが、餌の供給が十分でも繁殖成功率は26%と低く、その原因として天候不順やクロテンによる捕食が確認され、さらに個体の高齢化や個体間競争の可能性も考えられた。GPSロガーによる成鳥個体の行動調査では、個体が河川沿いに15kmの行動圏を持ち、近接つがいの縄張りへの積極的な侵入行動をとることなどが明らかになった(図(1)-1右)。同一営巣地で誕生した雛の複数年の試料を用いて、DNA解析によって親子判定を行い各年のつがいペアの識別を行ったところ、生息数が増加している地域では、つがいペアの入れ替わりが頻繁に生じている可能性が示された。以上の結果から、生息数は増加しているものの、高密度化により個体間競争が激化し、個体の入れ替わりや繁殖成功率の低下が発生している可能性が示唆された。高密度化は、地域外縁部の生息環境の悪い場所が環境障壁となり、若い個体の地域外への分散が阻害されていることに因るものだと考えられる。生息環境の改善には主要な餌資源である魚類生息環境の改善が重要だと考えられるが、河川工作物の位置情報と実際の魚類データを活用することで、河川工作物の魚類への影響を抽出できる可能性があることが示唆された。



図(1)-1 2014年シマフクロウが分布する市町村(左)と振興局別つがい数(中)及びGPS個体の行動(右)

(1-2) タンチョウの生息環境解析

北海道釧路湿原とロシアの調査範囲において2014年に確認された巣及びつがいについて、巣・つがい間距離、及び湿原(湿地)の面積当たりの巣・つがい密度を比較した(表(1)-1)。ここで、北海道の釧路湿原の面積は約210km²、ロシアの調査範囲である湿原の面積は約590km²であった。北海道釧路湿原の巣及びつがいは、ロシアの調査湿原のそれと比べて明らかに近い距離に他の巣あるいはつがいが存在した。また、密度に関しても、ロシアの調査湿原と比べて北海道釧路湿原では、3倍以上の密度で巣及びつがいが確認された。

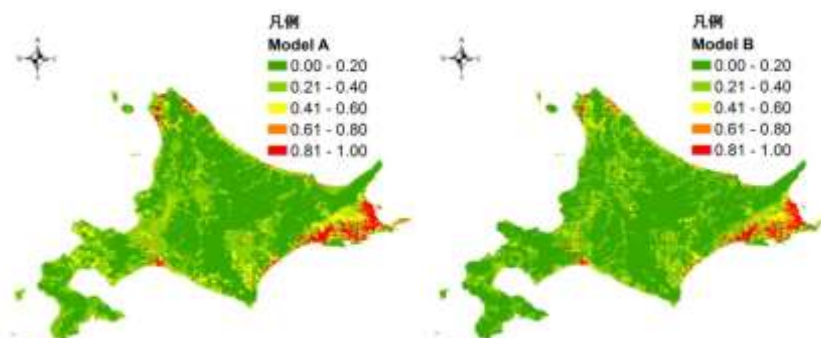
表(1)-1 北海道釧路湿原とロシアの調査湿原における巣及びつがい間の距離と密度

	N	平均最短距離(m)	最小(m)	最大(m)	密度(/km ²)
巣(北海道)	41	1,475	161	3,806	0.20
巣(ロシア)	34	2,619	1,097	4,978	0.06
つがい(北海道)	53	1,194	161	3,432	0.25
つがい(ロシア)	45	2,405	744	6,426	0.08

PTTを装着した個体の行動圏面積を100%最外郭法で算出した繁殖テリトリーは約3.5km²、位置情報から算出した回帰移動距離は、越冬地への渡りでは6日間で884km、繁殖地への渡りでは3日間で807kmだった。

「ヨシクラス」、「ハンノキ群落」等の25植生を初期説明変数とし、2kmメッシュ内の説明変数である植生面積を、GISソフトウェアを使用して算出した。主要な営巣地域である十勝、釧路、根室の3地方の営巣メッシュ数は、3カ年で合計469であった。ここでは、2種類のモデル(A, B)を作成した。Model Aは非営巣メッシュとして、3地方のメッシュをすべて含み、Model Bでは、3地方のメッシュから森林割合が高いメッシュを除いた。一般化線形モデルを作成すると、「ヨシクラス」と「ハンノキ群落」の湿地植生が営巣に正の影響を、「落葉針葉樹植林」や「下部針広混交林」等の森林植生が負の影響を与えることが明らかとなった。

このモデルに基づき、北海道全域における各2kmメッシュの営巣適応度を算出すると、現在主要な営巣地である十勝、釧路、根室の3地方以外では、近年分散傾向が見られる道北地域に適応度が高いメッシュが存在したほか、道央地域の湿地・原野がある場所にも営巣に適応すると推定されるメッシュが存在した(図(1)-2)。



図(1)-2 北海道全域における各2kmメッシュの営巣適応度(左: Model A、右: Model B)

(2) 遺伝的多様性と近交弱勢解析

(2-1) シマフクロウの遺伝的多様性

ミトコンドリアDNA制御領域の塩基配列情報から、近年のサンプルと、剥製標本等古い年代のサンプルを含めた5つのハプロタイプが検出された。個体数が最も少なくなったと考えられている1970-80年以前では、ほとんどのハプロタイプが北海道全域でみられ、地域間での遺伝的分化は検出されなかった。このことから、かつては北海道の広域で遺伝的交流があったと推測される。一方で、1980年以降では、ハプロタイプの出現頻度に地域的な偏りがみられるようになり、地域集団間で有意な遺伝的分化が検出された。また、1980年代以降に、遺伝的多様性の低下がみられた。近年の遺伝的多様性の低下と地域集団間の遺伝的分化は、マイクロサテライト、及び、MHCクラスIIB遺伝子を用いた分析でも観察された。このことから、現在では、地域間の個体の移動がほとんどなく、各地域集団が孤立していることが示唆される。一方、マイクロサテライト分析では、1997年以降の大雪地域の集団において、遺伝的多様性の増加がみられた。さらに、一部の個体で、他の地域集団に特有の遺伝的組成をもつ個体が観察された。これは、地域間の個体の移動を示唆しており、実際に野外調査からも少数ながら地域間の個体の移動が確認されている。

以上の結果を総合すると、現在と比べて、以前の北海道集団では、遺伝的多様性も高く、道内全域での個体の往来があったが、20世紀以降の生息地の減少・分断化に伴う個体数の減少によって、地域集団内での遺伝的多様性が低下し、これにより、現在見られるような地域集団間の遺伝的分化が生じたと考えられる。一方、分断化されている地域集団の中でも、比較的個体数の多い知床集団はより高い遺伝的多様性を示すことが明らかとなった。また、わずかな数の個体の移動であっても、集団構造や遺伝的多様性に大きな影響を与えることが示唆されている。よって、知床集団を供給源として他の集団への人為的移動・分散を行うことは、今後、シマフクロウ集団における多様性の向上・維持のために有効であると考えられる。

(2-2) タンチョウの遺伝的多様性

ミトコンドリアDNA制御領域の塩基配列を用いた分析の結果、タンチョウ北海道集団には3つのハプロタイプ(Gj1, Gj2, Gj13)が存在することが明らかとなった。このうち、Gj1及びGj2は、先行研究で報告されていたものであり、Gj13は本研究で新たに発見されたハプロタイプである。先行研究において、大陸由来の個体から、これまでに北海道集団とは異なる10ハプロタイプ(Gj3-12)が報告されている。これと比較して、タンチョウ北海道集団では、ミトコンドリアDNAにおける遺伝的多様性は非常に低いと考えられる。また、解析に用いた全153個体のうち、89.5%の個体のハプロタイプはGj2であり、9.8%がGj1、0.7%(1個体のみ)がGj13であり、地域間でハプロタイプの出現頻度に大きな違いはみられなかった。剥製標本を用いたミトコンドリアDNA分析の結果、過去約100年間において集団内の遺伝的組成・多様性に大きな変化は観察されなかった。マイクロサテライトを用いた分析

においても、ミトコンドリアDNAの分析結果と同様に、地理的な遺伝的構造は観察されず、画一的な遺伝的組成を有することがわかった。さらに、免疫関連のMHCクラスIA遺伝子及びクラスIIB遺伝子の分析の結果においても、タンチョウ北海道集団の多様性が非常に低いことが明らかとなった。また、いずれの遺伝子においても、地域間で対立遺伝子頻度に大きな差はみられなかった。

以上のように、集団内の遺伝的多様性が低く、地域集団間で遺伝的な差異がほとんどみられないという結果は、現在のタンチョウの北海道集団が、極少数の個体から回復したボトルネックの経緯を反映していると考えられる。また、免疫反応に関わるMHC遺伝子においても多様性が低いことから、タンチョウ北海道集団では病原体に対する感受性が低下していることが示唆される。現時点では、集団の分布域が狭い範囲に限られているうえに、高密度で生息しているため、感染症等が発生した場合のリスクが大きいと考えられる。よって、タンチョウの今後の保全計画としては、まず、繁殖地や越冬地の分散化を図ることが重要であり、人為的な個体の移動を行う際には、供給源となる個体の地域性を考慮する必要はないと考えられる。

(3) 指標種としての有効性解析

調査時の観察プロセスを考慮することで調査努力量の地理的偏りが補正できるかについて検討した結果、観察プロセスを考慮するかしないかで、解析結果は大きく異なった。観察プロセスを考慮しないPOモデルでは、ほとんどの森林性鳥類で非森林地帯を好むと予測される種の割合が多かった。一方、発見確率モデルによる解析では、森林地帯を好むと予測される種の割合が増加した。これは、解析に用いたデータに、森林面積の多い地点の観察記録が少ないため、POモデルでは森林面積の係数が低く推定されたと考えられる。このことから、調査努力量の地理的偏りを考慮せずに解析した場合には、誤った結論が導かれる可能性があることが示唆される。草地・湿地性鳥類でも同様に、POモデルでは湿地地帯のみを好む種の割合が多かったが、発見確率モデルでは草地・湿地地帯の両方を好む種が増加した。しかし、両モデルの結果の差異は、森林性鳥類ほど明瞭ではなかった。これは、湿地や草地が森林に比べて低地に多く分布すること、湿地の成立する環境(場所)が限られているために、少ない調査努力量でも環境の範囲全体を網羅するように調査が行われているためと考えられる。以上のことから、観察プロセスを考慮することによって、調査努力量の地理的偏りを補正することが可能であることが明らかとなった。

発見確率モデルで作成した鳥類の種数マップ(森林性52種、草地・湿地性23種)とサブテーマ1より提供されたシマフクロウとタンチョウの繁殖地情報とをもとに、両種のアンブレラ種としての有効性を検討した。その結果、両種ともに繁殖地のほうが非繁殖地よりも一般鳥類の種数は多かったが、種数の増加傾向は2種で異なっていた。タンチョウでは草地・湿地性の一般鳥類の平均種数は、非繁殖地よりも繁殖地で有意に多かった。しかし、森林性鳥類の平均種数には、タンチョウの繁殖地・非繁殖地で有意な差は認められなかった。シマフクロウでは、森林性鳥類の平均種数は非繁殖地よりも繁殖地のほうが有意に多かったが、草地・湿地性鳥類では有意差は認められなかった。以上のことから両カリスマ種の繁殖地を保全・再生することで、他の一般鳥類も守られることが示唆された。しかし、指標種として有効な種群が、2種で異なったことから、両種のハビタットをそれぞれ保全・再生することが、北海道内で繁殖する森林性及び草地・湿地性の鳥類全体の保全に寄与することが示された。

表(3)-1 シマフクロウとタンチョウの繁殖地(B)・非繁殖地(NB)における森林性及び草地・湿地性鳥類の種数(平均、標準偏差)とt検定による統計的有意性

	シマフクロウ				タンチョウ			
	森林性		草地・湿地性		森林性		草地・湿地性	
	B	NB	B	NB	B	NB	B	NB
平均値	30.66	23.54	6.11	6.71	21.02	23.69	11.60	6.72
標準偏差	7.09	9.32	0.72	1.60	7.09	9.32	3.87	2.32
P (t-test)	0.002		0.120		<0.001		<0.001	

(4) 将来シナリオと生息地保全・復元計画

(4-1) 放棄・未利用農地発生パターンの解明と将来の土地利用変化の予測

放棄農地の発生は、耕作地条件の悪さや人口の少なさによって予測された。耕作地条件の悪さはどの年代においても放棄農地率を増加させる要因であったが、人口の少なさは1997年以降において放棄農地率を増加させる要因となることが示され、これまでは耕作に不適な条件の農地が放棄されていたが、近年はこれに加えて、人口の少なさも放棄農地発生要因となったことが示唆された。

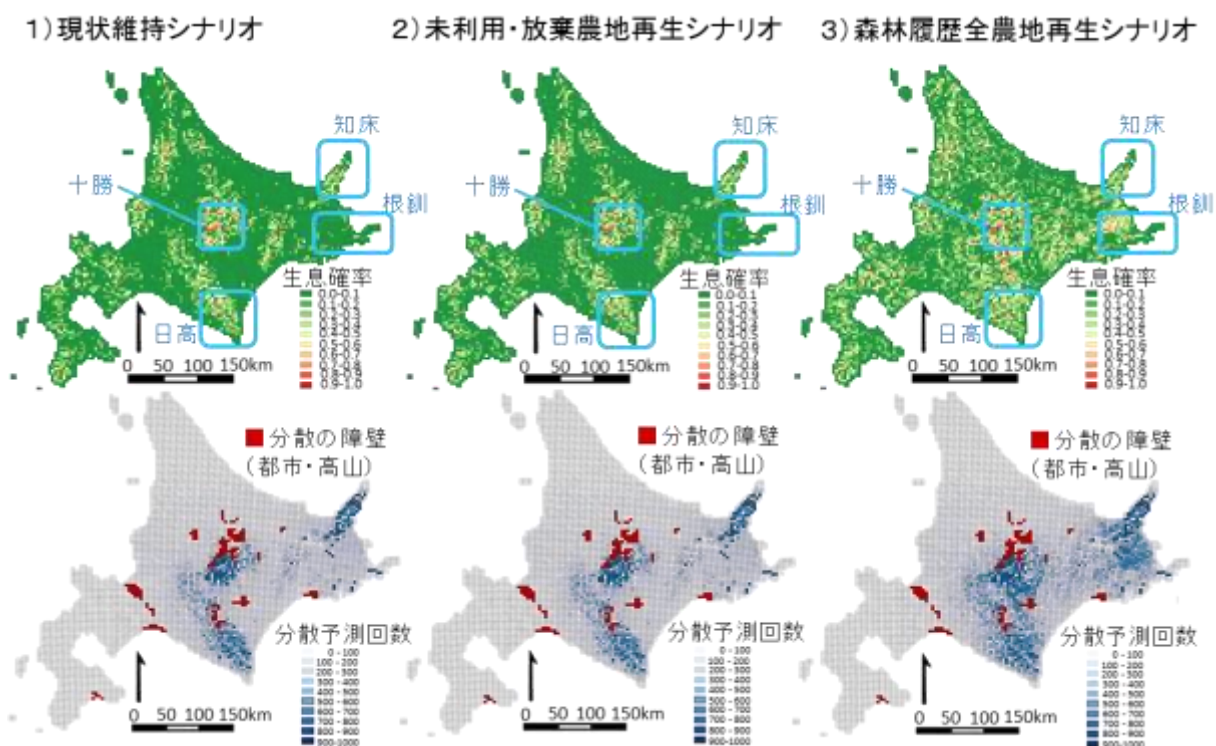
2006年から2009年の放棄農地発生予測モデルに、2040年人口の推計値(国土社会保障・人口問題研究所)を外挿し2040年人口下での放棄農地発生率を予測した。この時、1920年と1950年の地形図で森林履歴を持つ

放棄地は森林に再生し、湿地履歴を持つ放棄地は湿地に再生すると仮定し、森林に再生するポテンシャルを持つ放棄地は、シマフクロウの営巣地あるいは移動経路として森林に再生し、湿地に再生するポテンシャルを持つ放棄地は、タンチョウの営巣地として湿地に再生するとして、(4-2)で用いる将来シナリオに使用した。

(4-2) 将来シナリオ下における生息地分布の推定

(4-2-1) シマフクロウの生息地分布の推定

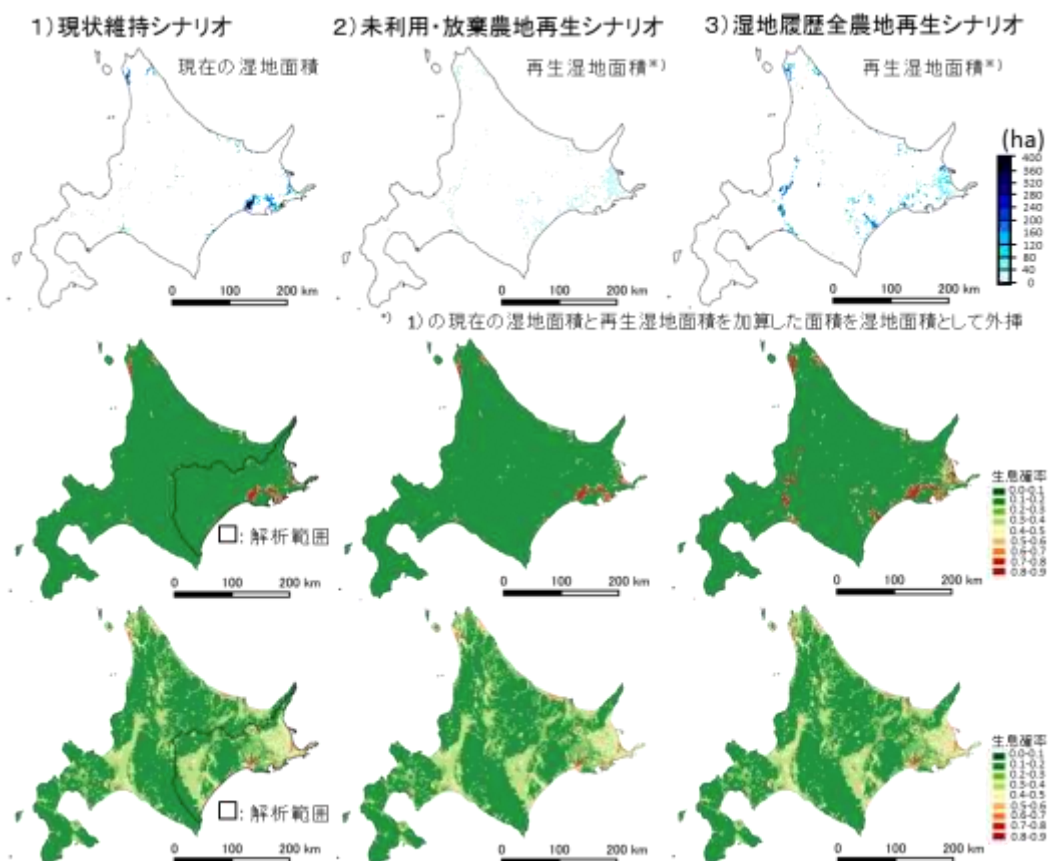
シマフクロウの生息は河川長と河川から300m以内の天然林率によって予測された。3つのシナリオを用いて50年後の分散をシミュレーションした結果、1)現在の環境が続いた場合は、知床個体群と根釧個体群の他地域への分散は期待できないが、日高個体群は北へ分散して十勝個体群と交流する可能性があること、2)2006年から2009年に放棄された農地のうち、河川から300m以内の森林履歴を持つ放棄農地に森林を再生したシナリオにおいても、現状のまま分散させた結果と大差ないこと、3)2006年の農地のうち、河川から300m以内の森林履歴を持つ全ての農地に森林を再生するシナリオの下では、根釧台地や十勝平野に生息適地が再生されることによって、知床個体群や根釧個体群を含むすべての個体群の分散が可能となり、個体群間の交流が進む可能性があることが予測された(図(4)-1)。シマフクロウ個体群の交流を促すためには、特に現在生息適地が不足している根釧台地や十勝平野において、河畔林履歴を持つ農地などを利用して、積極的に河畔林を再生することが必要だと考えられる。



図(4)-1 各将来シナリオにおけるシマフクロウの潜在生息確率(上)と分散予測回数(下)

(4-2-1) タンチョウの営巣地分布の推定

タンチョウの営巣は湿地面積、道路非隣接率、傾斜によって予測された。自然状態と農業依存状態の営巣確率予測モデルを比較すると、自然状態のモデルでは湿地が最も影響力が強かったが、農業依存状態のモデルでは湿地が最も影響力の弱い要因となった。3つのシナリオを用いて営巣適地を予測したところ、湿地履歴を持つ農地に湿地を再生することで、自然状態で営巣できる環境を再生できる可能性があることが示された(図(4)-2)。ただし、人口減少に伴って発生する放棄農地を再生地に用いただけでは営巣適地は微増したにすぎなかったため、営巣適地再生のためには、湿地履歴を持つ農地に積極的に湿地を再生していくことが必要だと考えられる。



図(4)-2 各シナリオで設定した湿地面積(上)と各シナリオの環境条件下で予測されたタンチョウの自然状態での営巣確率(中)と農業依存状態での営巣確率(下)

(4-3) 休耕農地における植生遷移パターンの解明と植生復元手法の検討

牧草地の管理停止から6年経過すると、湿生植物種が急増し、25年後には残存湿地の低層湿原に近い種組成となったが、牧草種の完全な衰退には至らなかった。自然の遷移に委ねるだけでは、開拓前の湿原の再生は困難であることが予想された。いっぽう、土壌シードバンクからは、牧草種が出現しなかった。休耕年の若い地表面(0cm~5cm)の土壌を湿潤条件においた水準で出現種数が最も多くなった。ただし、休耕13年~26年で湿生種の出現種数は減少しないこと、より深い深度や湛水条件でのみ出現する希少種もあることから、多様な条件の確保が多様な湿生種の再生につながると考えられる。具体的には、排水溝を埋め戻すなどして休耕牧草地を湿潤、あるいは湛水条件下におき、牧草が地上に残っている部分を中心に地表面を耕起し、シードバンクから新たな湿生植物種の再生を促す工法が考えられる。

(4-4) 生物多様性保全に係る社会的合意形成方法の検討

(4-4-1) 林業地域における野生生物(シマフクロウ)への生息地提供可能性

シマフクロウなどの希少種の生息地のバッファーとなり、また私有財産のために生物多様性に配慮した施業の実行が難しい民有林を対象として、バッファーとしての機能をもせるための方策のあり方について検討を行った。

北海道内の市町村森林整備計画を精査したところ、生物多様性保全に配慮した記載がある市町村はきわめて少なく、通常の生産林地を対象としたものは、道東地域における河畔域保全に限定されていた。これら地域では水産業が盛んであり、酪農による水質の悪化が問題となった経験から、水質保全の取り組みが進んでおり、これを受けて森林整備計画の中に河畔域保全のルールが組み込まれていた。地域社会における課題認識と合意形成により、森林計画に生物多様性保全に関わるルールを組み込むことは可能だといえる。

生物多様性保全型施業に対する森林所有者の意向に関するアンケートでは、環境配慮について伐採時の広葉樹保残木施業の受容意向及び希少種保護のための河畔林保護などの施業規制の受容意向について聞いた。この結果、前者については条件なしでやる17%、コスト増の補償があればやるが32%、コスト増プラス上乘せ補償があればやる21%となり、やる気がないは16%であった。後者では生育不良の人工林なら同意20%、保証があれば生育の良い人工林でも同意が50%であり、同意しないは9%であった。以上より、所有者への普及指導や、補助金などによるインセンティブの供与により、環境配慮型施業が進む可能性があることが示された。

(4-4-2) 農業地域における野生生物(タンチョウ)への生息地提供可能性

農地評価区分別の集計対象としたのは、2010年度から2014年8月までの53ヶ月分の実例であるが、このうち集計に必要な「価格算定表」の記録を利用し得た事例は30件・503haであった。「農地」に区分される面積は全体の72%を占め、「採草放牧地」のうち「湿地B」の占める割合が全体の24%に達するという結果を集計から得た。これを将来的な「保全対象農地」として積極的に捉えるならば、保全の実施主体が権利移動に介入し、所有することも有効な方策である。ただし、農業者の関与がまったく不要であるというわけではない。「保全対象農地」は生産的利用に供される草地に隣接しているため、第1に、農業者が保全活動に直接的に関与する仕組み、第2に、生息環境に悪影響を及ぼさない環境保全的な営農実践への方向付け、の2点が必要である。

5. 本研究により得られた主な成果

(1) 科学的意義

- ・北海道とロシアの営巣地調査を複数年行ったことにより、北海道個体群と大陸個体群を比較することが可能となり、北海道個体群が置かれた状況を明らかにできた。
- ・両種の北海道集団の現在から過去約100年間にわたる遺伝的組成・多様性の変遷を把握できた。
- ・観察プロセスを考慮した分布予測モデルを用いることにより、調査努力量の地理的偏りを補正できることが明らかとなった。
- ・人口減少に伴う土地利用の変化が2種の生息地の分布を変化させる可能性について検証できた。

(2) 環境政策への貢献

- ＜行政が既に活用した成果＞・平成26年11月の林野庁北海道森林管理局の「シマフクロウ生息環境整備計画現地検討会」において、本研究で着目された底生魚類の遡上阻害となる小支流のコルゲート管の段差改良工事を提言し、同12月に試験的改良工事が行われた。
- ・環境省の「シマフクロウ放鳥手順策定ワーキンググループ」では、個体の人為的移動やつがい化の計画について、遺伝的要素からの具体的な検討材料を提供し、放鳥手順策定の修正補完に重要な役割を果たした。
 - ・平成24～26年度タンチョウ保護増殖検討会委員として参画し、生息地分散に係わる事業や情報について、本研究成果を基に意見を述べた。

＜行政が活用することが見込まれる成果＞

- ・平成25年策定の環境省北海道地方環境事務所及び林野庁北海道森林管理局の「シマフクロウ生息地拡大に向けた環境整備計画」を具体的に進めるため、本研究成果に基づき、平成27年度に具体的対象地域や取り組みを策定する作業部会を設置することが決定した。
- ・国交省が整備を進めている千歳川遊水地群の整備計画に参画し、遊水地に湿地生態系を再生する計画について、本研究成果に基づき提言を行っている。平成27年度から、千歳川河川管理事務所などと共同で湿地再生のための実験を開始した。

6. 研究成果の主な発表状況

(1) 主な誌上発表

＜査読付き論文＞

- 1) K. OMOTE, C. NISHIDA, M.H. DICK and R. MASUDA: Mol. Phylogenet. Evol., 66, 889-897 (2013)
“Limited phylogenetic distribution of a long tandem-repeat cluster in the mitochondrial control region in *Bubo* (Aves, Strigidae) and cluster variation in Blakiston’s fish owl (*Bubo blakistonii*)”
- 2) M. HIGA, Y. YAMAURA, I. KOIZUMI, Y. YABUHARA, M. SENZAKI and S. ONO: Diversity and Distributions, 21, 3, 46-54 (2015)
“Mapping large-scale bird distributions using occupancy models and citizen data with spatially biased sampling effort”
- 3) T. I. KOHYAMA, K. OMOTE, C. NISHIDA, T. TAKENAKA, K. SAITO, S. FUJIMOTO, R. MASUDA: Zoological Lett., 1, 13 (2015)
“Spatial and temporal variation at major histocompatibility complex class IIB genes in the endangered Blakiston’s fish owl”
- 4) K. OMOTE, C. NISHIDA, T. TAKENAKA, K. SAITO, R. SHIMAMURA, S. FUJIMOTO, T. SATO, and R. MASUDA: Zoological Lett., 1, 16 (2015)
“Recent Fragmentation of the endangered Blakiston’s fish owl (*Bubo blakistonii*) population on Hokkaido

Island, northern Japan, revealed by mitochondrial DNA and microsatellite analyses”

(2) 主な口頭発表(学会等)

- 1) Y. MASATOMI, K. MOMOSE, H. MASATOMI, S.G. SURMACH and D.V. KORBOV: 26th International Ornithological Congress, Tokyo, Japan, 2014
“The breeding status of *Grus japonensis* in Kushiro Marsh, Japan, and the southeast marsh around Khanka Lake, Russia”
- 2) T. TAKENAKA: 26th International Ornithological Congress, Tokyo, Japan, 2014 26th International Ornithological Congress, Tokyo, Japan, 2014
“Recovery of Blakiston’s fish owl populations – a positive beginning but a long and challenging road ahead”
- 3) R. MASUDA: Vth International Wildlife Management Congress, Sapporo, Japan, 2015
“Historical changes of genetic diversity in the Blakiston’s fish owl and red-crowned crane populations on Hokkaido”(アブストラクト提出済み)
- 4) I. KOIZUMI, M. HIGA, Y. YAMAURA, I. YABUHARA, M. SENZAKI, S. ONO, T. TAKENAKA, Y. MASATOMI and K. MOMOSE.: Vth International Wildlife Management Congress, Sapporo, Japan, 2015
“Assessing Blakiston’s fish owl and red-crowned crane as biodiversity surrogates using large-scale citizen data”(アブストラクト提出済み)
- 5) F. NAKAMURA, J. MORIMOTO, H. KAKIZAWA, H. HIGASHIYAMA, M.KANEKO, M. HIGA, Y. KOBAYASHI, C. YOSHII and M. SHIBATA: Vth International Wildlife Management Congress, Sapporo, Japan, 2015
“Possibility of habitat restoration associated with future land-use change in Hokkaido”(アブストラクト提出済み)

7. 研究者略歴

課題代表者: 中村 太士

北海道大学大学院農学研究科修了、農学博士、現在、北海道大学大学院農学研究院教授

研究分担者

1) 百瀬 邦和

東邦大学理学部卒業、財団法人山階鳥類研究所研究員、現在、特定非営利活動法人タンチョウ保護研究グループ理事長

2) 竹中 健

北海道大学大学院環境科学研究科修了、博士(学術)、シマフクロウ環境研究会代表、現在、特定非営利活動法人タンチョウ保護研究グループ研究員

3) 正富 欣之

北海道大学大学院地球環境科学研究科修了、博士(地球環境科学)、現在、特定非営利活動法人タンチョウ保護研究グループ副理事長

4) 増田 隆一

北海道大学大学院理学研究科修了、理学博士、現在、北海道大学大学院理学研究院教授

5) 西田 千鶴子

徳島大学医学部卒業、栄養学士、現在、北海道大学大学院理学研究院助手

6) 小泉 逸郎

北海道大学大学院農学研究科修了、博士(農学)、北海道大学創成研究機構特任助教、現在、北海道大学地球環境科学研究科准教授

7) 森本 淳子

京都大学大学院農学研究科修了、博士(農学)、現在、北海道大学大学院農学研究院准教授

8) 柿澤 宏昭

北海道大学大学院農学研究科修了、博士(農学)、現在、北海道大学大学院農学研究院教授

9) 東山 寛

北海道大学大学院農学研究科修了、博士(農学)、現在、北海道大学大学院農学研究院講師

4D-1201 シマフクロウ・タンチョウを指標とした生物多様性保全—北海道とロシア極東との比較

(1) タンチョウ・シマフクロウの生息環境解析

特定非営利活動法人タンチョウ保護研究グループ 百瀬 邦和・竹中 健・正富 欣之
 <研究協力者>

特定非営利活動法人タンチョウ保護研究グループ 百瀬 ゆりあ・高田 令子・峯尾 明日香・
 竹中 加代子・本藤 泰朗(平成24年度のみ)

(有) 北海道生物地理 中森 達

平成24～26年度累計予算額：43,940千円

(うち、平成26年度予算額：15,114千円)

予算額は、間接経費を含む。

[要旨]

シマフクロウ *Ketupa blakistoni* は、北海道、国後島、ロシア極東部に分布する。北海道では戦後の開発に伴い一時100羽以下に減少したが、保護事業により現在は回復しつつある。今後の生息拡大を目指すには各地の生息状況や生態、環境利用について詳細な情報が必要であるため、本研究では生息地を精査するとともに、CCDカメラやGPSロガーを利用して、繁殖成功率、餌種、詳細行動、環境利用の把握を行った。ロシアでも生息地を調査し北海道の状況と比較した。その結果、シマフクロウは生息数の増加がみられたが、繁殖成功率は低いことが明らかになった。また河川を主体とする広い行動圏が把握されるとともに、各生息地の餌種の違いが明らかになったため、地域毎の特徴を考慮し保全を行う必要性が認識された。さらに、一部地域では分散阻害に伴うロシア以上の高密度化が進み、個体の入れ替わりや繁殖率の低下など個体間競争の激化が示唆され、円滑な分散を促進させるための環境整備が急務であることが明らかとなった。

タンチョウ *Grus japonensis* には2つの個体群が存在する。一つは北海道個体群、もう一つはユーラシア大陸の北東アジアに分布する大陸個体群である。北海道個体群は、1900年代初頭に絶滅の危機に瀕したが、給餌等の保護活動により1,400羽を超えるまで個体数が回復した。将来の保全を考える上で、大陸個体群と比較し、北海道個体群の置かれている状況を正確に把握しておくことが重要である。また、希少種であるため調査方法に制約があり、個体の移動分散能力や行動圏の特徴などが定量的に評価されていない。そこで、北海道とロシアの繁殖状況を定量的に評価した。その結果、2014年の釧路湿原には、ロシア・ハンカ湖周辺湿地の3倍以上の密度で、巣やつがいが存在していた。また、衛星追跡型送信機を装着した個体の位置情報から、ほぼ周年の移動経路や行動圏が明らかとなった。さらに、営巣地点情報を基にモデルを作成し、北海道における営巣適地(ポテンシャルマップ)を示した。

[キーワード]

シマフクロウ、タンチョウ、営巣適地、分散促進、生息環境整備

1. はじめに

シマフクロウ *Ketupa blakistoni* とタンチョウ *Grus japonensis* は日本では北海道のみで繁殖する北海道を代表する大型鳥類であり、同種・亜種がロシア極東部で生息している。両種とも、北海道の開拓の進行とともに個体数を大幅に減らしたが、その後の保護管理活動の結果、個体数が回復しつつある。しかし、両種の本来の生息地である河川水辺生態系は開発により改変・消失していることから、生息地の不足が生じ、個体数の回復が頭打ちになることが懸念されている。

シマフクロウはユーラシア大陸極東地域に生息する樹洞営巣性の魚食性大型フクロウで、主としてロシアの大陸沿岸に分布し推定1,000羽以上生息する *Ketupa blakistoni doerriesi* と、北海道、北方領土、サハリンの島嶼に約200羽程度生息する *Ketupa blakistoni blakistoni* の2亜種に分類されている。北海道にはかつて広い範囲に生息していたが、北海道開拓の進行とともに生息域と生息数が縮小し、1980年代には一時100羽以下まで減少した。一方、1980年代半ばから巣箱や給餌池の設置による国の保護事業が行われてきたことで、2000年代に入り生息数の減少には歯止めがかかり、現在は北海道東部を中心におおむね140羽程度が生息する。シマフクロウは留鳥で縄張り性が非常に強いいため、保護策は生息地点毎に実施する必要があり多大なコストがかかるため、今後の生息拡大に向けては従来の保護策では限界があり、生息環境の質を広い範囲で向上させることが求められている。しかしシマフクロウは夜行性で警戒心が強く、また人間居住地から遠く離れた山中に生息する個体が多いことから、調査や観察を行うことが難しく、その現状や生態、環境利用については主に一部の給餌生息地について知見が得られているのみで、自然下で生息する多くの個体については十分な知見が得られていなかった。自然生活下のシマフクロウの生態、環境要素やその広さ、また繁殖成功率などの解明は今後のシマフクロウ保護に欠くことのできない重要な基礎資料である。

タンチョウは北海道及びユーラシア大陸の北東アジアに分布し、野生個体数は約2,800羽とされている。北海道個体群は、1900年代初頭に絶滅の危機に瀕したが、給餌等の保護活動により2012年1月には1,400羽（NPO法人タンチョウ保護研究グループ調べ）を超えるまで個体数が回復した。しかし、個体数の増加によって、営巣地の過密化や営巣適地の減少による繁殖への悪影響などが懸念されている。一方、大陸の個体群は、冬期こそ集団で生息するものの、春から夏の繁殖期には北海道の個体群ほど生息密度は高くないと推測されている。また、自然環境下におけるタンチョウは植生や地形に阻まれ、野外個体の知見集積は十分ではない。特別天然記念物に指定されているため調査方法が限定されており、特に環境利用や餌資源の詳細、個体の移動分散経路、行動圏の特徴が科学的に解析されていない。さらに、個体数増加による営巣環境の変化を把握し、将来的に繁殖可能な地域を明らかにすることが、今後の保全において重要である。

2. 研究開発目的

シマフクロウの生息地のモニタリングを行い、本研究に必要な個体・個体群情報を収集し、各サブテーマに提供する。繁殖状況をCCDカメラ等により調査し、モデルを構築する基礎情報を把握する。シマフクロウの野生個体を捕獲しGPSロガーを装着することで位置情報を把握し環境利用情報を得る。ロシアの生息状況を調査し国内と比較を行う。

営巣可能な地域を推定するモデルを構築する基礎情報として、最新の北海道のタンチョウの分布と繁殖（生息）地の状況を把握する。生息状況を比較検討するために、自然度が高いロシアの

繁殖（生息）地の状況調査も行う。また、個体の移動分散能力と行動圏を明らかにするため、昼間の索餌場所と、夜間のねぐらの場所を把握する。さらに、個体群動態を把握するための基礎的情報となる、生存率や繁殖率などの推定が可能となる個体情報を集める。

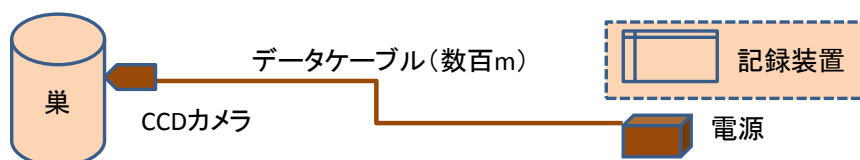
3. 研究開発方法

(1) シマフクロウの生息環境解析

1) 生息状況モニタリング

シマフクロウは寿命が長く、縄張り維持性がきわめて強いため、各研究の基礎となる生息地のモニタリングを行った。モニタリング結果に基づき、繁殖つがいについては雛の捕獲、採血を行い、サブテーマ2のDNA解析に提供した。また生息地位置情報をサブテーマ3の種多様性解析、サブテーマ4のGIS解析に提供した。

2) CCDカメラを利用した繁殖生態情報収集



図(1)-1 データ採取の模式図

確認された生息地の中から一部を抽出し、夜間対応の赤外線LEDを装備したCCDカメラをシマフクロウの巣箱及び天然巣に設置し、繁殖成功率、給餌種などの情報を採取し解析を行った。データ収集は、繁殖への影響を与えないために、巣から数百メートルのケーブルを延長し、遠方より画像情報を連続的に記録した。シマフクロウの繁殖成功率は高くないと考えられているため、器材設置は可能な限り多くの地点で実施し、19地点で精度の高い情報収集を行った。

3) 野生個体の捕獲とGPSロガーによる環境利用情報の収集

シマフクロウの環境利用の特性を把握するために、野生成鳥個体を生簀にて誘引した後、くくり罠を使用して捕獲した。捕獲後健康状態をチェックし、バックパックハーネス型のGPSロガー(重量83g)を装着、捕獲同日に捕獲地点で放鳥した。放鳥個体はVHF波を利用して定期的に生息位置を確認し、さらに機器に蓄積されたGPS情報はUHF波を利用してデータをダウンロードし、位置情報と環境の解析を行った。



図(1)-2 GPSロガー（バックパック方式）

4) ロシアにおける生息状況比較

これまでの研究でロシアでは極東部の広い範囲でシマフクロウが生息していることが知られて

いるが、特に沿海地方では近年シマフクロウの生息調査が行われてきており、シホテアリン山脈を中心にシマフクロウが自然状態で多く生息することが明らかになっている。これら生息地域の中から、北海道と同じ緯度、気候帯に位置し、植物相、魚類相、及び地形条件が北海道の環境と類似するロシア共和国沿海地方（Primorye Krai）テルネイ地区（Ternei）の日本海沿岸地域において、2013年4-5月及び2014年5月にシマフクロウの生息地のモニタリングと生息密度の把握を行うとともに、繁殖地において羽毛等の採取を行い、サブグループ2のDNA研究の基礎資料収集を行った。



図(1)-3 調査エリア（沿海地方テルネイ地区）と北海道との位置関係

5) 河川工作物の位置データと魚類分布の関係解析

シマフクロウ生息地の環境改善を図るための基礎資料として、北海道森林管理局及び北海道道有林から河川工作物の位置情報や図面を借用し、河川工作物データを整備した。また、既存の魚類相データを収集整理し、河川工作物と魚類相の関係を解析した。

(2) タンチョウの生息環境解析

本業務では、タンチョウに関する以下の調査及び解析を行った。

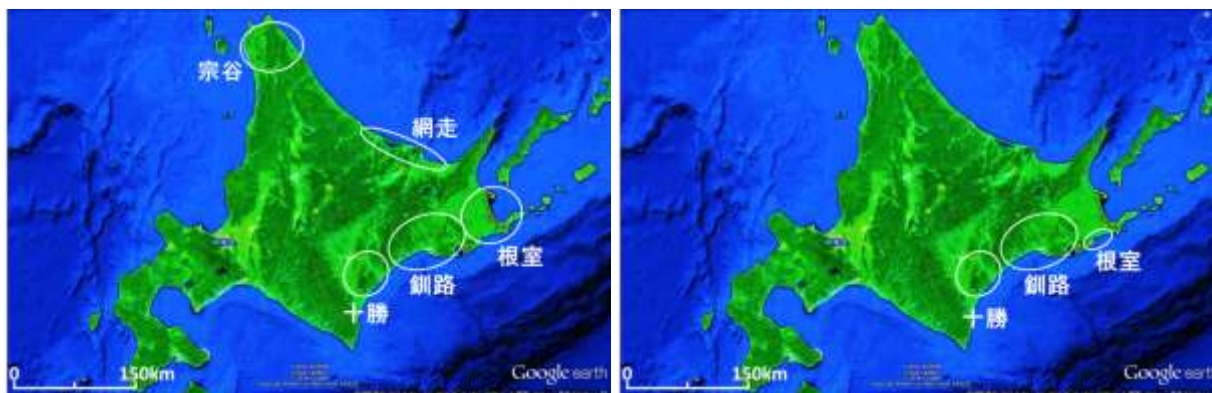
1) タンチョウの繁殖（生息）状況の調査及び比較解析

タンチョウは主に湿地（湿原）で営巣し、地上営巣性で、樹木やヨシなどの植物が周囲にあると地上からの発見は困難となる。そのため、セスナ（軽飛行機）やヘリコプターなどの航空機を用い、空中から探索することで、効率的に、広範囲に渡り、多くの巣（就巣している個体）を発見することが可能となる。

a 北海道のタンチョウの繁殖（生息）状況調査

2012年4-6月及び2014年4月に、チャーターしたセスナ（軽飛行機）を用いて調査を行った。2012年には、他の資金も利用して北海道東部の十勝総合振興局、釧路総合振興局、根室振興局、オホーツク総合振興局及び宗谷総合振興局管内（以下、十勝、釧路、根室、網走、宗谷）のタンチョウが営巣していると考えられる湿地、河川及び湖沼周辺等を調査範囲とした（図(1)-4）。2014年

には、北海道の主な繁殖地である釧路湿原を中心とした釧路、十勝、及び根室地方の一部を調査範囲とした（図(1)-4）。セスナには、パイロットを除く調査員2名が搭乗し、個体を探索し、一人が飛行経路指示と地図（位置）記録、もう一人は画像撮影を担当した。



図(1)-4 北海道における繁殖（生息）状況調査地域（左：2012年、右：2014年）

b ロシアのタンチョウの繁殖（生息）状況調査

ロシアのハンカ湖南東岸にある湿原において、2012年8月、2013年5月、2014年5月に調査を実施した。それぞれの調査範囲を図(1)-5に示した。ロシアにおける繁殖（生息）状況調査では、ヘリコプターにパイロットを除く調査員3-4名が搭乗し、個体の探索、飛行経路指示、位置記録、及び画像撮影を行った。



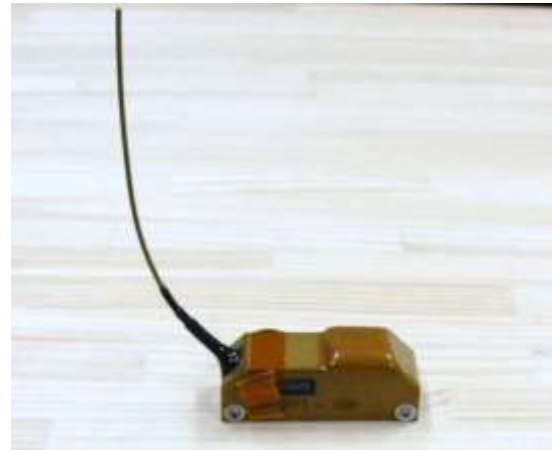
図(1)-5 ロシアにおける繁殖（生息）状況調査地域
（赤枠：2012-2014年、青枠：2012年のみの調査範囲）

c 北海道とロシアの繁殖（生息）状況の比較解析

ロシアの調査対象地域は、周辺部に農地があるものの、湖岸から大きな湿地が広がっている。北海道の調査地域で、同様の環境を考慮し、日本最大の湿原である釧路湿原を比較対象地域とした。これら2つの地域における2012年に確認されたつがい数及び個体数について、調査範囲面積と湿原面積の2種類の面積で比較検討を行った。ここでは、飛行経路の片側400mを調査員の目視可能範囲とし、調査範囲面積を概算した。また、2014年に確認された巣・つがい間距離、及び湿原(湿地)の面積当たりの巣・つがい密度を比較項目とした。

2) 衛星追跡送信機による位置追跡調査及び行動圏解析

個体に衛星追跡送信機（Platform Terminal Transmitter:以下PTT）を装着し、昼と夜の位置を記録することで、採餌場所やねぐらの場所を特定した。PTTの仕様は、105 gram LC4™ Battery Powered Argos/GPS Transmitter（図(1)-6）で、サイズは長さ 94mm、幅 33mm、高さ 30 mm、重さが105g、体に当る部分を加工し、ハーネスと呼ばれる装着用のテフロンリボン等を合わせると約120 gになった。日本時間で11:00, 14:00, 23:00の1日3回GPSデータ（誤差は±18m）を取得した。集めたデータは10日毎に衛星に送信され、衛星から地上の基地局に送られ、インターネットを利用して位置情報を得た。



図(1)-6 装着した PTT

PTTを装着した個体は、ロシアのハンカ湖東岸でヒナ1羽を連れた家族の成鳥1羽であり、2012年8月3日から2013年6月9日までの位置情報を収集した。これらの位置情報に基づき、ヒナの成長段階等により期間を分けて、最外郭法（100%）による行動圏面積を算出した。

3) 標識鳥の追跡調査

環境省の保護増殖事業の一環として行われた標識調査で標識された個体を、繁殖地や越冬地において追跡調査し、生存または死亡の確認を行った。タンチョウは、繁殖期にはなわばりを作り、秋になり自然餌量が乏しくなるまでその場所に留まることが多い。越冬期には餌が採れる給餌場などに集まる。したがって、追跡調査では、繁殖期には標識を装着した場所に車で赴き、標識個体を探索し、越冬期には給餌場などの餌を採れる場所を車で巡回し、標識個体の発見に努めた。個体発見情報に基づき、各年の繁殖状況に関する検討を行った。

4) 北海道の過去の繁殖状況のGISデータ整備及び営巣地点の植生分類

これまで北海道のタンチョウの繁殖状況を確認するために、セスナ（軽飛行機）やヘリコプターなどの航空機を用いた調査が行われてきた。その際に発見された個体や巣の位置情報は、5万分の1の地形図上に記録されている。ここでは、北海道における1998年から2002年の繁殖状況調査結果をGISソフトウェアで取り扱えるように位置情報等を電子データ化した。作成した2002年の営巣地点データを用いて、GISソフトウェア上で植生図（環境省第6・7回自然環境保全基礎調査植生調査）と重ね合わせることで、営巣地点の植生分類を行った。また、2012年の営巣地点の植生と比較した。

5) 北海道における営巣適地モデルの作成

これまでの営巣地点データと植生図を基に、地理情報システム（GIS）を利用して、営巣環境解析を行った。主要な営巣地域である十勝・釧路・根室の営巣植生を基に一般化線形モデルを作成した。ここで、つがいのテリトリー面積に基づき2kmメッシュを解析単位とし、応答変数は、タンチョウの巣が存在した営巣メッシュを 1、非営巣メッシュを 0 とした。非営巣メッシュは、営巣

メッシュ数と同数を同地方内からランダムに選択した。また、説明変数をメッシュ内の植生面積 (m²) とし、link 関数には logit を用いた。さらに、赤池情報量規準 (AIC) が最少となるようにステップワイズ法で変数選択を行った。作成されたモデルを北海道全域に適用し、営巣適応度 (ポテンシャル) を推定した。使用データは、2007、2008、及び 2012年の営巣地点データ、第5回自然環境保全基礎調査植生図 (環境省) で、使用GISソフトウェアは、ESRI社 ArcGIS Desktop9.3 SP1であった。

6) 個体群存続性分析

過去の個体群存続性分析¹⁾では、1990-2004年の調査結果を基に齢段階行列を作成した。ここでは2005-2012年の冬期間の個体数調査と、標識個体の追跡調査データを追加して齢段階行列を作成した。将来の個体群に影響を与えると考えられる要因として、繁殖率の変化、事故死亡率の増加、環境収容力及びカタストロフィを考慮した。これらの要因による影響が発生する、いくつかの条件下でシミュレーションを試行回数10,000回、期間100年で行った。また、繁殖地の環境収容力については、一般化線形モデルを用いた営巣適地モデルにより得られた結果から推定した。

4. 結果及び考察

(1) シマフクロウの生息環境解析

1) 生息状況モニタリング

a 生息地点

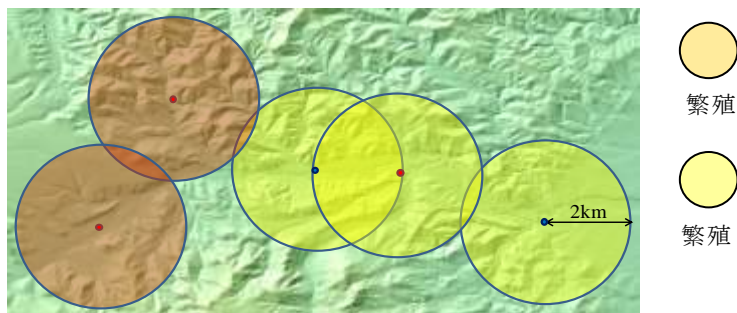
24-26年度の通年調査と情報収集で、最終的に62生息地点が確認された。このうちつがいは58地点、単独4地点であった。研究開始の24年度から生息地点が2地点増加し、そのうちつがいは5地点増加した。生息地の増加に加え、単独地点のつがい化が進むなど、生息状況の改善が続いている。北海道東部地域の根室、網走管内が多数を占め、その多くは知床地域である。

表(1)-1 シマフクロウの生息確認数

地域	24年度			25年度			26年度		
	つがい	単独	計	つがい	単独	計	つがい	単独	計
網走	12	0	12	13	0	13	13	0	13
根室	25	1	26	25	1	26	26	1	27
釧路	3	2	5	3	2	5	3	1	4
十勝	8	2	10	8	1	9	9	1	10
日高	2	1	3	2	1	3	3	1	4
上川	3	1	4	3	1	4	4	0	4
計	53	7	60	54	6	60	58	4	62

b 高密度生息地の発生

北海道東部において、生息密度が高い地域が確認された (図(1)-7)。従来知見ではシマフクロウの行動圏は10km程度であるが、5つがいが密集して生息しているエリアが確認され、巣間距離は2-4kmであった。ただし、巣が隣接するつがいは繁殖がうまくいかなかった。



図(1)-7 高密度生息地域

巣間距離が2-4kmと近接している。繁殖は不良。

c 繁殖地でのDNA採取

生息モニタリングに伴い、繁殖地の特定と雛の血液採取を行い、サブテーマ2に資料提供を行った。サブテーマ2では、過去の全捕獲個体を含め、406個体に8マーカールを適用し個体のDNA情報を得た。

サブテーマ2の研究結果をフィードバックし、各個体のDNA情報から個体識別を試みた結果、365個体は独自のDNAコードを持っていることが明らかになった。識別率は89.9%と非常に高く、重複個体は同じ生息地の兄弟や近傍生息地の個体であった。

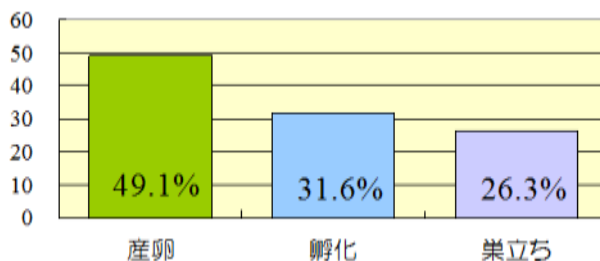
さらに、同じ生息地で捕獲された複数年の雛のDNA情報を解析した結果、目視不可能な親個体のDNA情報が得られ、個体の特定や推定、分散繁殖の事例が確認された。また、今まで確認されていなかった親の入れ替わりが、16地点で確認された。シマフクロウは夜行性で警戒心が強いいため目視観察が難しく、今まで個体の入れ替わり情報がきわめて限られていたが、本研究により、野性下のシマフクロウの分散やつがい交代がある程度起こっていることが明らかになった。特に知床地域の3地点では15年間に3回以上のつがいの入れ替わりが発生しており、頻度が高かった。

2) CCDカメラを利用した繁殖生態情報収集

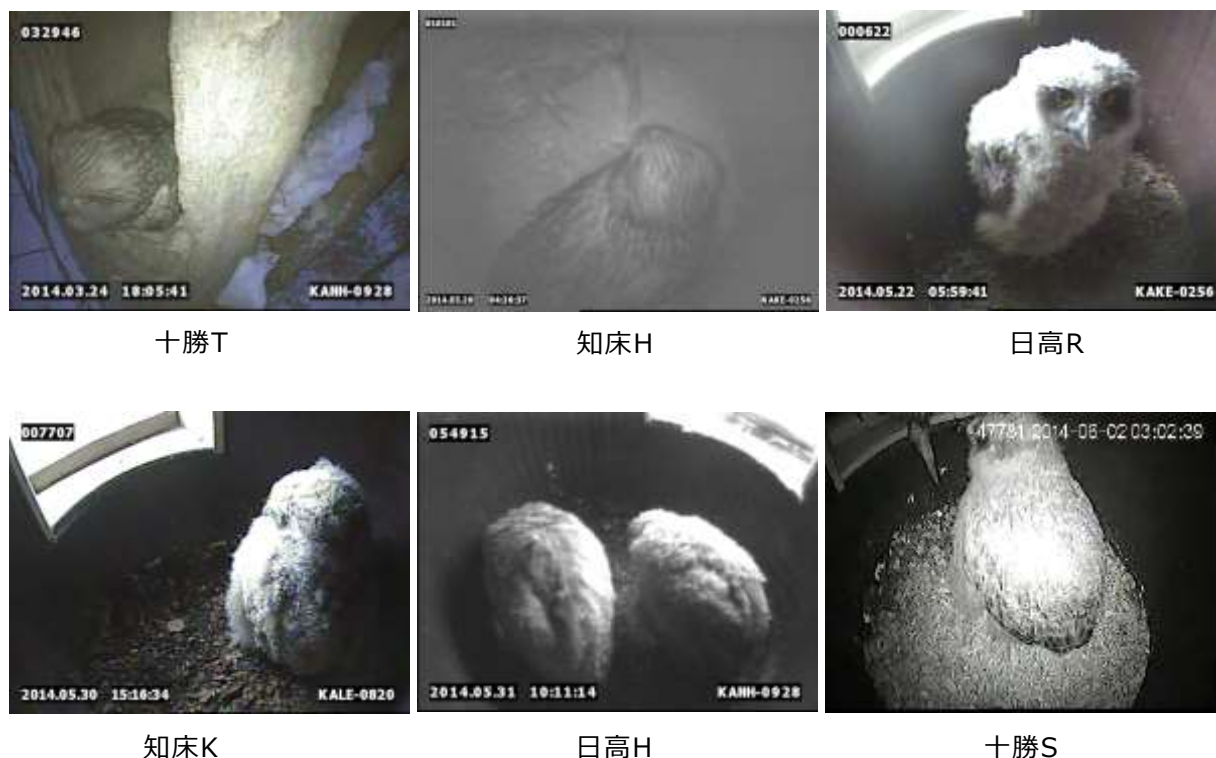
a 繁殖成功率

集中してモニタリングを実施している19つがいの平成24年から平成26年の3年間の繁殖経過は、産卵確認が49.1%、孵化成功率は31.6%、巣立ち成功は26.3%であった(図(1)-8)。

繁殖失敗の原因は繁殖期間の天候悪化やクロテンによる巣内雛の捕食圧が確認された。



図(1)-8 繁殖成功率 (19つがい: 2012-2014)



図(1)-9 巢内CCDカメラによる繁殖モニタリング状況

b 給餌生態

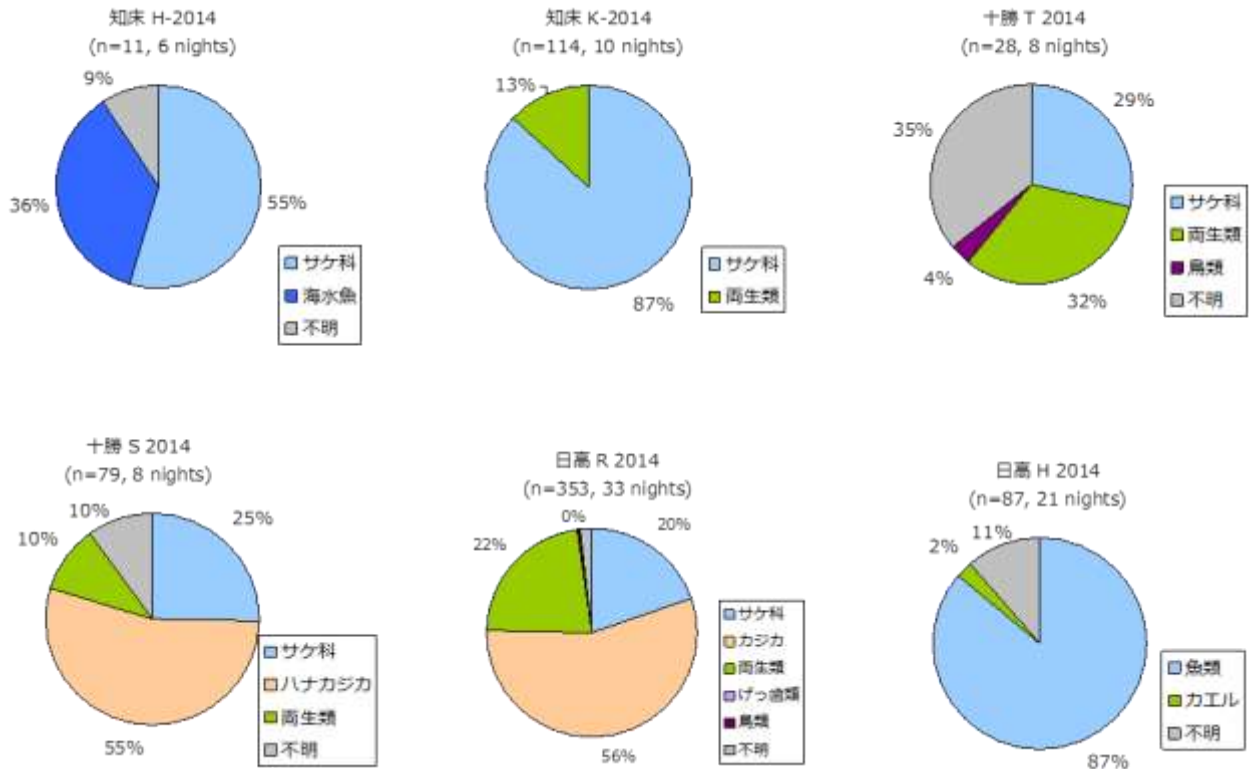
平成25年から26年にかけて、知床2つがい、十勝2つがい、日高2つがいの計6つがい（うち繁殖成功4つがい）で給餌生態の情報が得られた（図(1)-10）。

知床地域の知床Hは海岸近くの生息地で、途中抱卵放棄したが、6日間で11回の給餌が観察され、河川魚55%に加え海水魚が36%を占め、海の魚を利用する特徴があった。知床Kは内陸深い生息地で、雛の巣立ちまでの10日間で114回の給餌が観察され、87%がオショロコマ及びヤマメの河川魚、13%がカエルであった。

十勝地域の十勝Tは内陸深い生息地で天然木での営巣を行い抱卵放棄をしたが、8日間で28回の給餌が観察され、不明が35%と多かったものの、サケ科の河川魚29%、両生類32%に加え、鳥類が4%確認された。十勝Sは内陸深い生息地で、巣立ちまでの8日間で79回の給餌が観察され、サケ科の河川魚25%、両生類10%に加え、ハナカジカが55%確認され多数を占めた。内陸生息地でのハナカジカの重要性が明らかになった。

日高地域の日高Rは河川中流部の生息地で、長期のデータ採取ができ巣立ちまでの33日間で353回の給餌が観察された。カジカ類（エゾハナカジカ）が56%を占め、他のサケ科の河川魚20%、両生類22%で、わずかにげっ歯類、鳥類が確認された。エゾハナカジカは河川と海を降海遡上回遊する魚類であるため、比較的内陸の生息地にも関わらず、海との連続性がある生息地であることが明らかになった。日高Hは内陸深い生息地で、2014年は2羽の雛を産し、巣立ちまでの21日間で87回の給餌が観察された。サケ科やコイ科の魚類が87%を占め、両生類は2%と低かった。

十勝地方内陸や日高地方中流域でカジカ類に大きく依存する地域があることが明らかになり、保全上は地域に分布する魚類相に留意が必要であることが明らかになった。



図(1)-10 平成26年繁殖期給餌内容

3) GPSロガーによるシマフクロウの環境利用

a 成鳥の捕獲とGPSロガーによる位置情報の把握

平成26年2月に十勝地方において捕獲したオス単独個体のGPSロガーデータのダウンロードを26年11月にかけて行い、個体の生存状況の確認とGPSデータのダウンロードを行った。

また、平成26年8月に知床地方においてつがいのメス親を捕獲し、GPSロガーを装着したのち放鳥し、生存の状況の確認と位置確認を行った。

b 結果解析

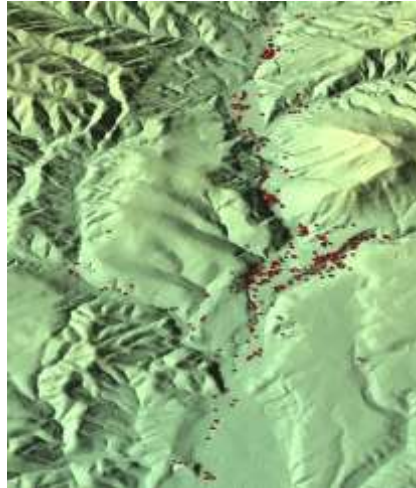
GPSロガーにより、精度高く個体の位置情報が明らかになった。解析はデータ回収ができた十勝地方の個体について行った。

シマフクロウは魚食性であるため、ねぐらや採餌位置など河川近傍を利用していることが明らかになった(図(1)-11)。

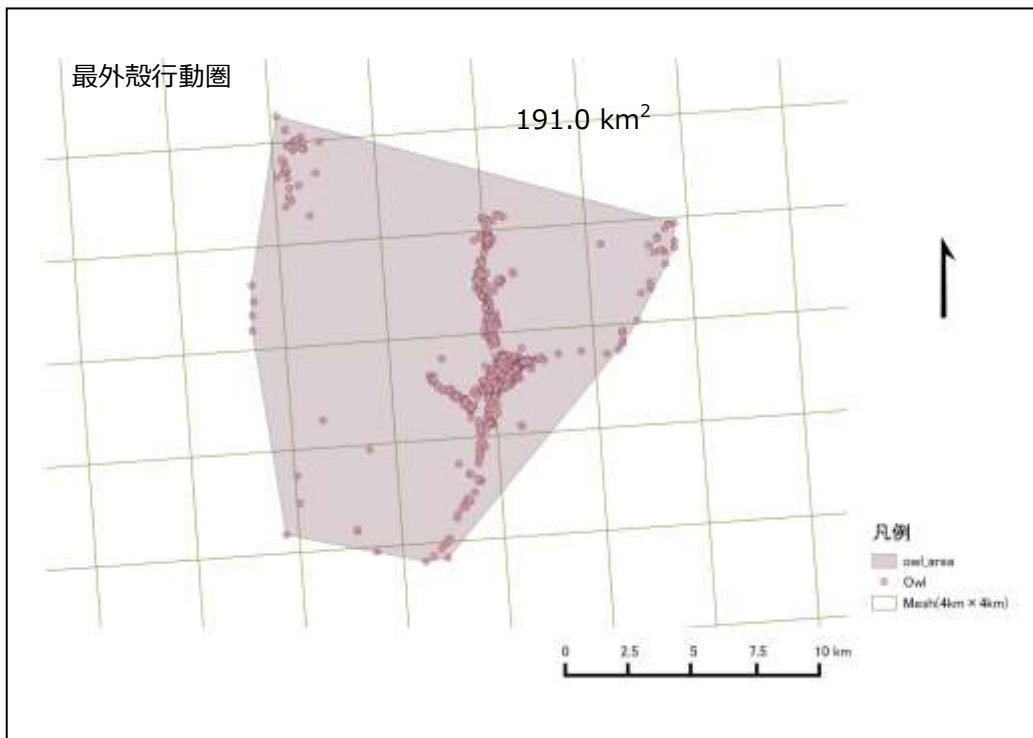
2月末から11月中旬にかけての約260日間の位置情報から得られた最外殻行動圏は191.0km²と広大であった(図(1)-12)。ただし、シマフクロウは河川沿いに行動するため最外殻の中には未利用地が多く含まれ、95%カーネル法で得られた行動圏は4つのエリアに分かれ、その中で最も大きな主要エリアと考えられる行動圏は43.6km²であり、その長軸長は約15kmであった(図(1)-13)。

位置情報の重なりを示すヒートマップ(図(1)-14)からは、シマフクロウがよく利用するコアエリアが巣箱や給餌場があるエリアで、行動圏のほぼ中心部に位置していることが明らかになり、またこの生息地のシマフクロウは、給餌場があるにもかかわらず、広大なエリアを利用していることが判明した。

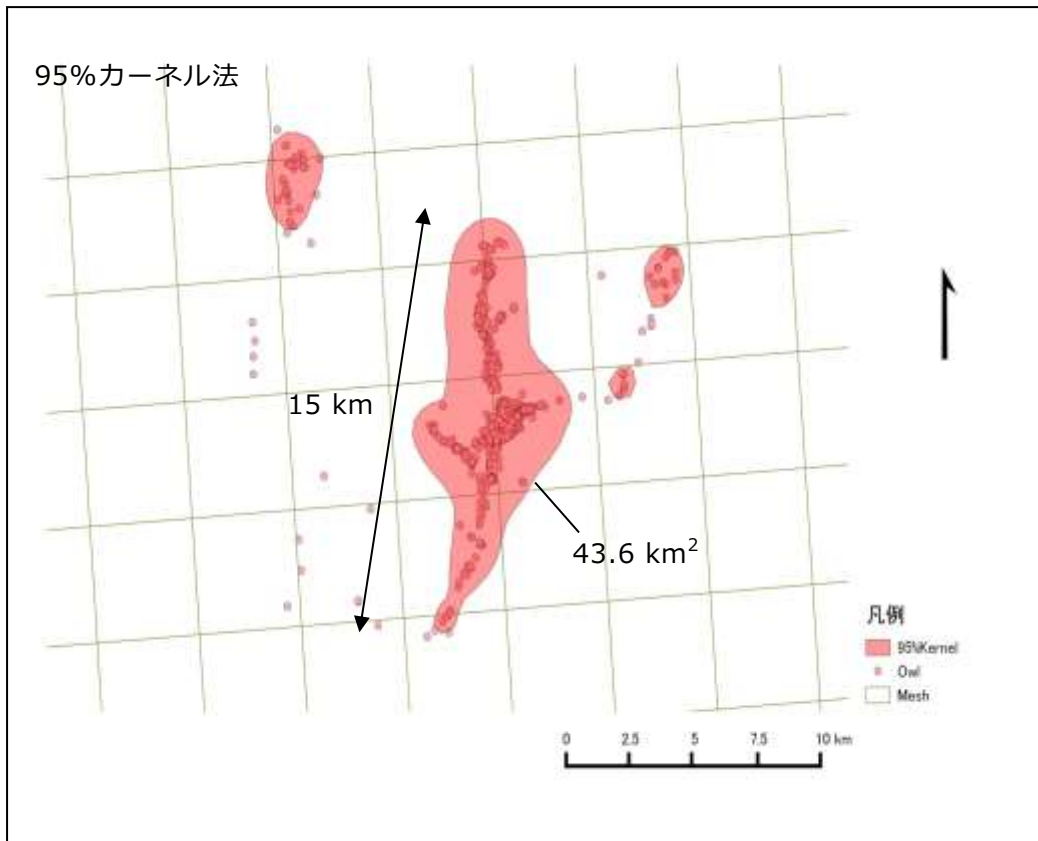
シマフクロウの行動を詳細に観察すると、時に3方向に向けてコアエリアを離脱、帰還する行動を見せることが明らかになった（図(1)-15）。隣接するつがいの生息地に侵入を試みメスの略奪を狙っているかのような行動や、隣接するオス単独生息地への牽制行動を行っているように考えられる。また、出生地からの分散経路上であったと思われる生息空白地域をチェックするような行動を見せている。これら遠征行動は一気に行われ、経路は最短ルートを利用しているように見受けられることから、この個体は明確な意図を持って行動していると推測された。これらの行動から、縄張りを持つシマフクロウオス単独個体は、他個体への牽制、つがい相手の獲得、縄張りの維持など積極的な行動をしていることが明らかになった。



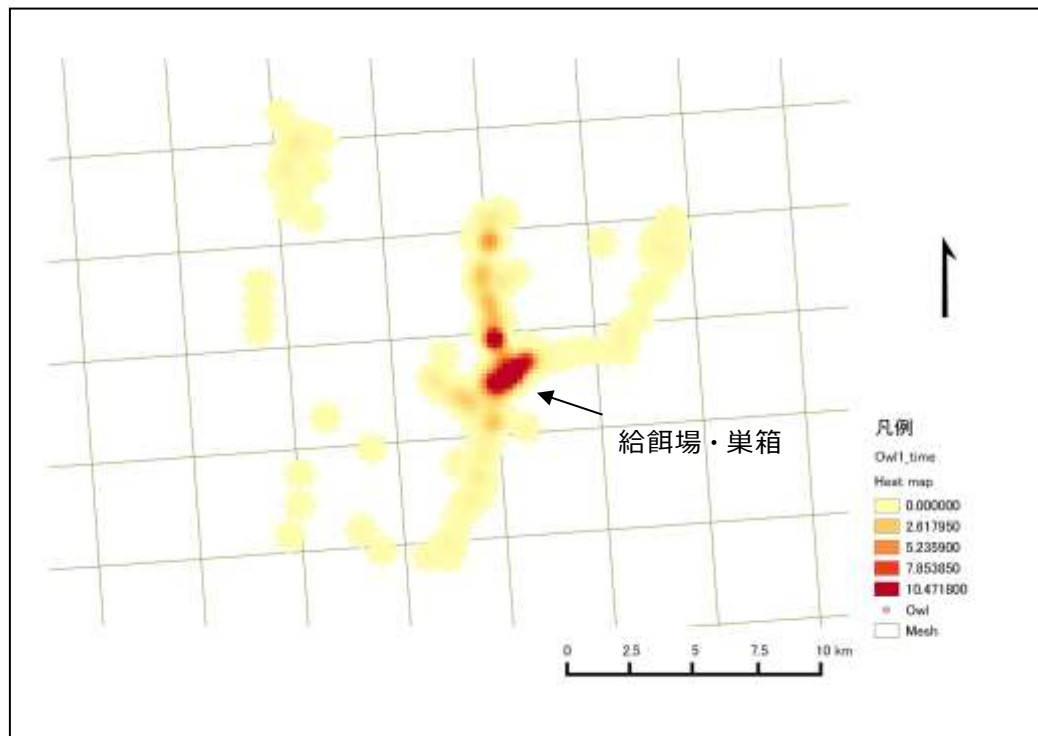
図(1)-11 GPSロガーによるシマフクロウ位置
魚食性であるため河川近傍を利用する。



図(1)-12 最外殻行動圏

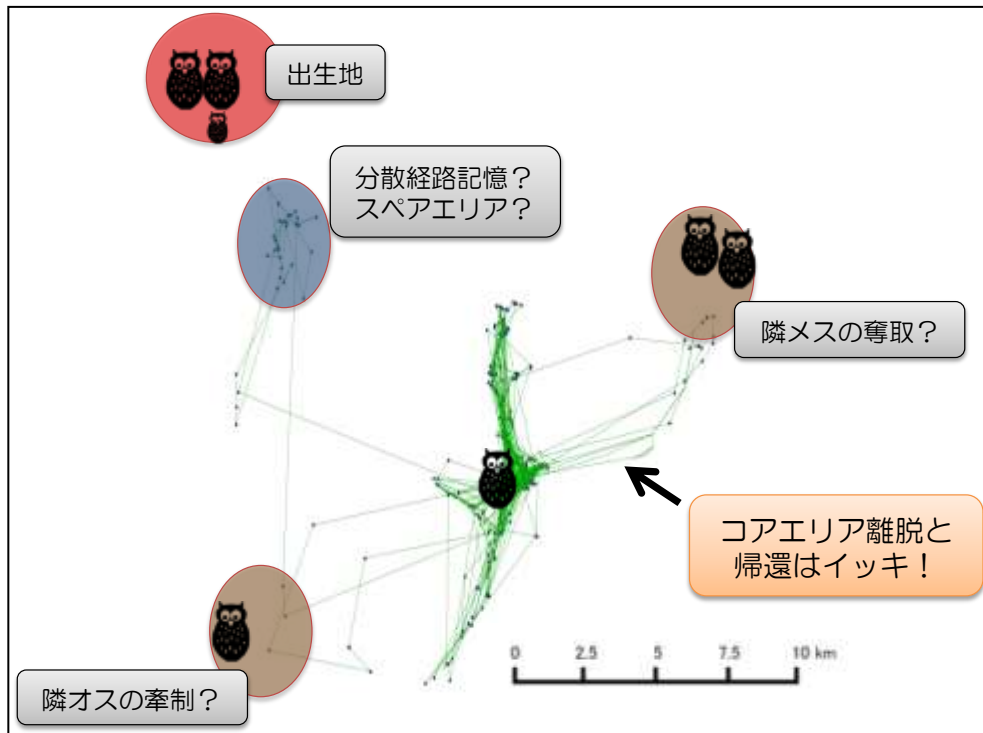


図(1)-13 95%カーネル法による行動圏



図(1)-14 ヒートマップ

各点から500mのバッファを生成して作成。色が濃いほど点の重なりが多くよく利用する場所を表す。



図(1)-15 個体の行動

個体はコアエリアから3方向に向けて時々一気に離脱・帰還するが、隣接生息地への侵入やスペアエリアの確保のような行動を見せている

4) ロシアにおける比較

a 生息密度

ロシア沿海地方における調査は平成25年(2013年)4月25日から5月10日、及び平成26年(2014年)5月15日から5月29日にかけて、テルネイ地区のKema(ケマ)川中流域、Maksimovka(マキシモフカ)川中下流域、Amgu(アムグー)川全域で実施した。

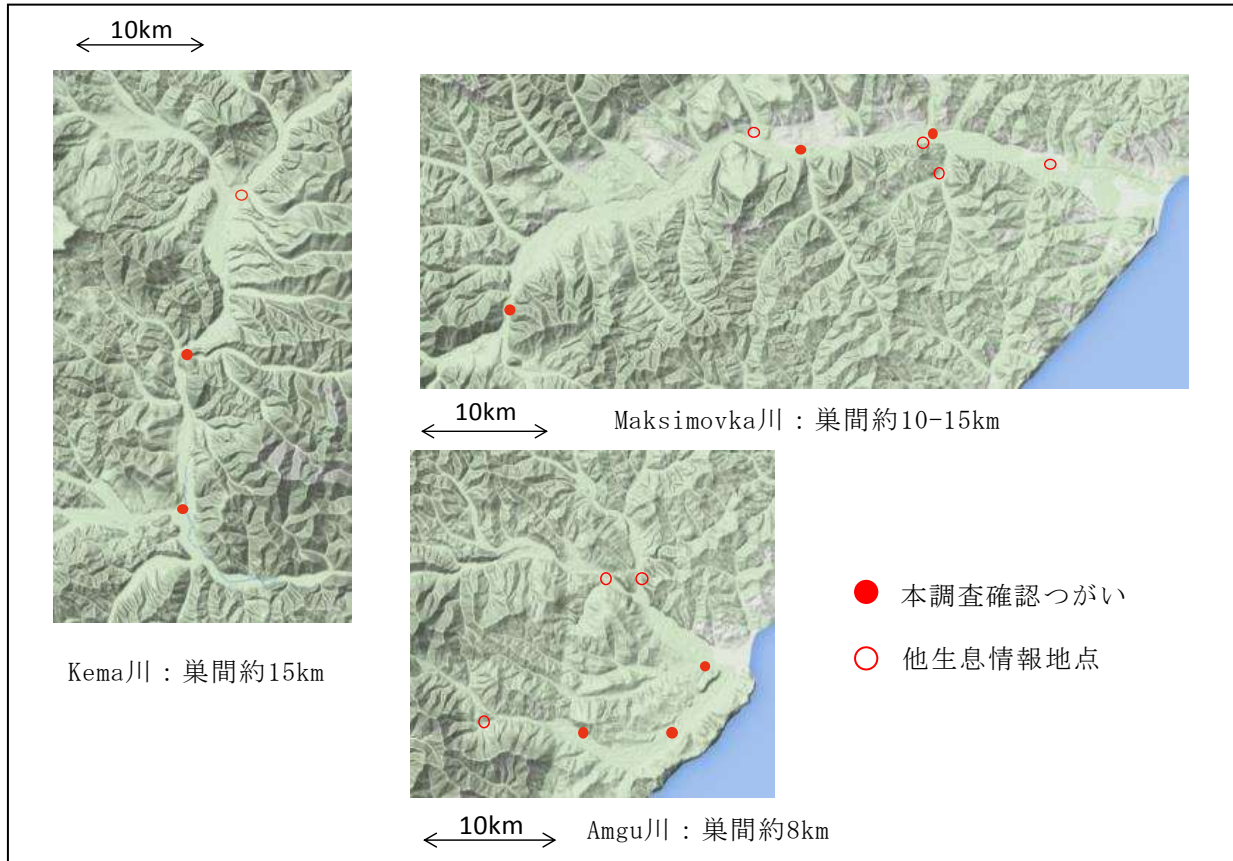
2年間の調査の結果、8地点でつがいの生息が確認された。また調査に伴い、周辺地域で繁殖期に複数の生息情報が得られた(図(1)-16)。

Kema川は川幅20-30mの規模の大きな河川で、山間に位置する中流域では本流に沿って2つがいの確認と1地点の情報が得られた。各生息地間の距離は約15kmの等間隔であった。

Maksimovka川は川幅30-50m程度の規模の大きな河川で、中下流域では本流に沿いに3つがいが確認され、情報や過去の知見を加えると生息地間隔は10-15kmであった。

Amgu川は川幅10-20m程度の比較的中規模の河川であるが、3つがいが確認され、情報や過去の知見3地点を含めるとそれぞれ8kmの生息地間隔であった。

繁殖期における調査では、生息確認地点が繁殖の成否にかかわらず繁殖地に近いコアエリアと考えられるが、いずれの流域も確認地点がほとんど等間隔であった。その生息地間の距離は、Kema川やMaksimovka川のような大規模の河川は10-15kmと離れているが、中小規模のAmgu川は8kmと短かった。また、Kema川とMaksimovka川の生息確認地点は全て比較的規模の大きな支流の合流点であった。



図(1)-16 ロシア沿海地方におけるシマフクロウの生息概要

b 繁殖成功率

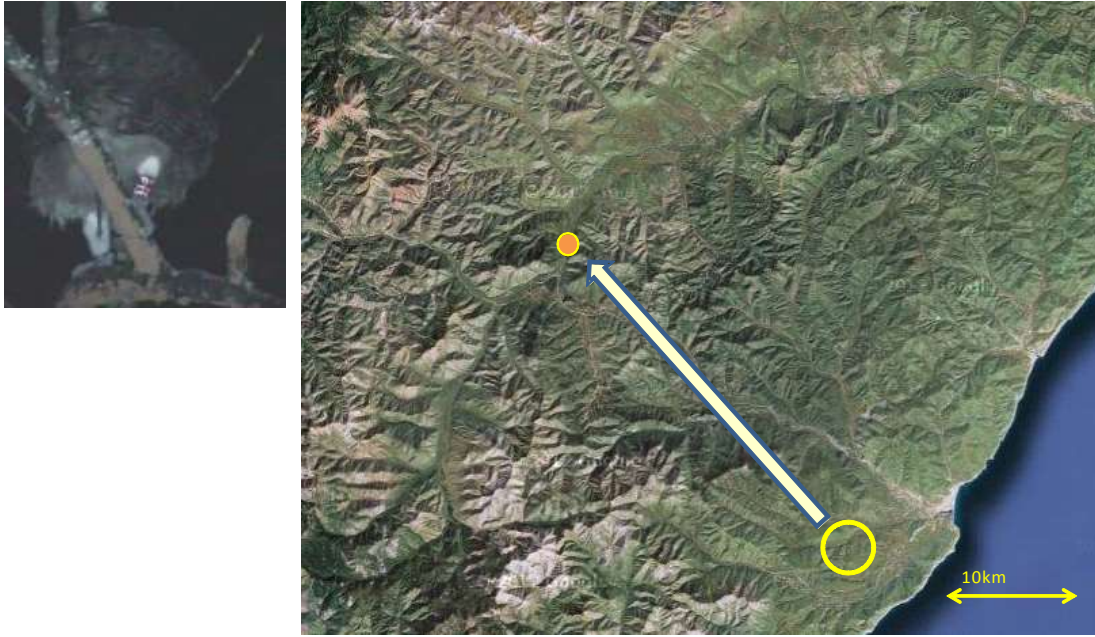
平成25年度は調査対象地域で冬季に記録的な豪雪と低温があり、多雪の影響で雪解け出水量が多く各地で橋が流失したため、多くの地点が調査不能であった。調査可能であった既知2つがいはいずれも繁殖に失敗していた。また、他の調査予定4つがいは調査地まで到達が不能であり繁殖状況はわからなかった。当該年度の北海道の状況と似ていたため、気象要因で繁殖成功率が低かったと考えられる。

平成26年度はKema川流域で確認された2つがいはいずれも繁殖に失敗し、Maksimovka川では確認3つがい中1つがいのみ繁殖に成功した。Amgu川では確認3つがい中、少なくとも2つがいの繁殖が確認された。

ロシアの対象地では、河川沿いに切れ目なく生息しているため生息密度が高い状態であるが、繁殖成功率は必ずしも高くなく、年変動も激しい。年ごとの気象条件に加え、調査地域全体で森林伐採が進行しており、環境変化による影響を受けている可能性がある。

c 分散記録

平成25年の調査に伴い目視された個体の1羽にはカラーリングが装着されており、聞き取りの結果、ロシア人の研究者が2008年に装着したものであることが判明した(図(1)-17)。また目撃個体はつがいとして縄張りを持ち定着していた。出生地からの分散距離は33kmで、ロシア国内では初の分散確認記録である。



図(1)-17 分散確認

d 営巣地

平成26年調査においてMaksimovka川で新巣を発見した。営巣木は河畔林に位置するDBH（胸高直径）136cmのドロノキで、地上12mで折れた頂部を巣に利用していた（図(1)-18）。

e 羽毛の採取

平成25年及び26年の調査で採取されたロシアのシマフクロウの羽毛は、ロシア科学アカデミー土壌科学研究所極東支部に搬送し、保管、ワシントン条約に伴う輸出手続きを依頼した。輸入手続きが完了し次第輸入し、サブテーマ2でDNA解析を実施する予定である。



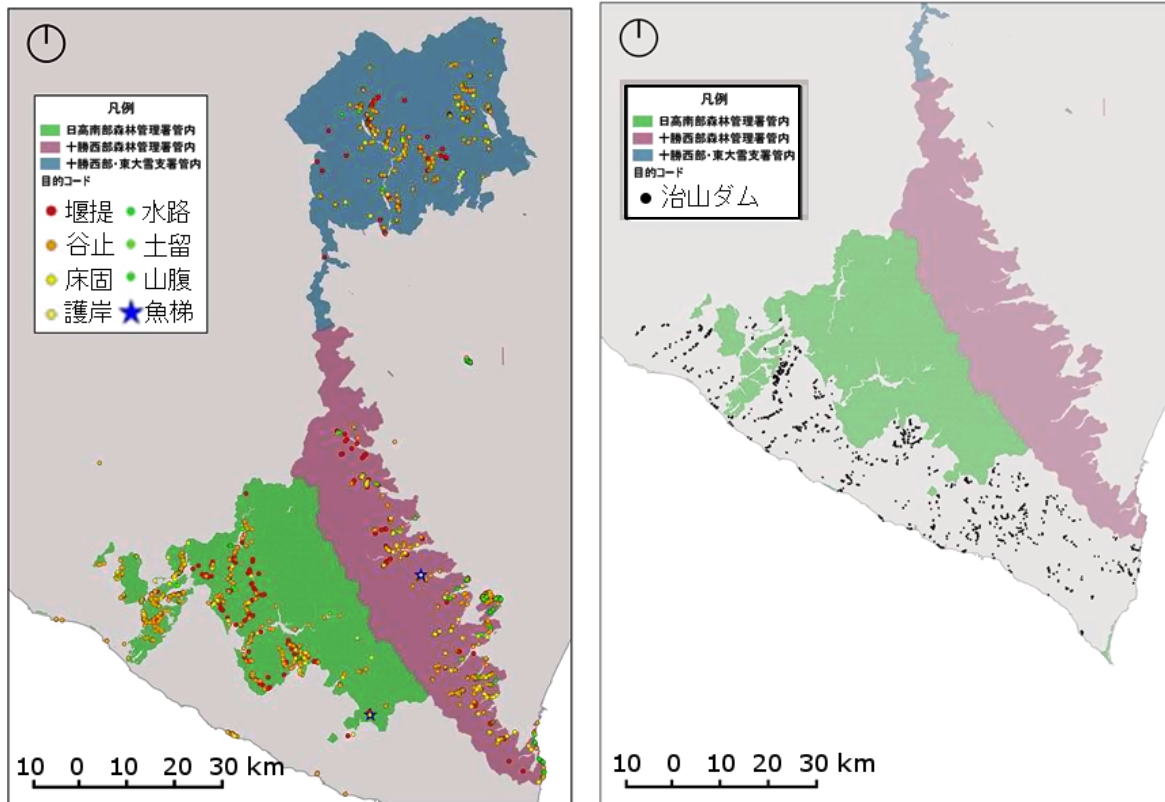
図(1)-18 本調査で確認したロシアのシマフクロウの営巣木（ドロノキ、DBH=136cm）

5) 河川工作物の位置データと魚類分布の関係解析

a 河川工作物位置情報の図化

河川工作物の位置情報を、既存の規模の大きなダムや砂防ダムの位置情報に加え、北海道森林管理局（十勝西部、東大雪支署、日高南部森林管理署管内）、及び北海道浦河道有林管理センターが所管する治山ダムの位置情報の提供を受けて作成した（図(1)-19）。国有林の河川工作物の位置情報はすでに数値化されていたが、道有林では紙ベース地図しか存在しなかったため、紙ベース地図をジオリファレンスし、位置のみを数値化した。

入力収集したデータ数は、日高南部森林管理署管内：775箇所、十勝西部森林管理署管内：861箇所、東大雪支署管内：364箇所、道有林：2131箇所の計4131箇所であった。

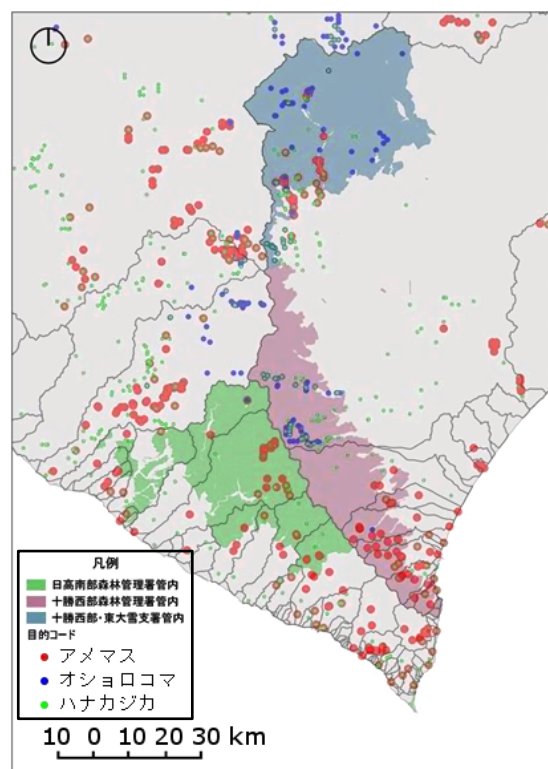


図(1)-19 河川工作物の位置 (左：国有林、右：道有林)

b 魚類分布の図化

魚類分布図はHfish及び竹中の過去魚類相調査の結果を用いて図化を行った。Hfishは国立環境研究所の福島氏のグループが、既往の文献や報告書、自らの調査結果を蓄積して作成したもので、2011年4月現在、魚種ごとのレコードとして77,913を収録している。また、竹中の調査は、2006年、2008年、2013年に実施されている。

河川工作物のデータが得られた日高山系周辺において、シマフクロウの餌として期待される3種に注目し、赤：アメマス、青：オショロコマ、緑：ハナカジカの分布を示した(図(1)-20)。エリアを大きく見渡すと、魚種によって分布に特徴がある。青色のオショロコマは北部の源流部に偏在し、南部にはほとんど生息していない。それに対してアメマスは、南部にも広く分布しており、また下流から上流まで生息している。一方、ハナカジカは全域に広く見られる。



図(1)-20 魚類分布図

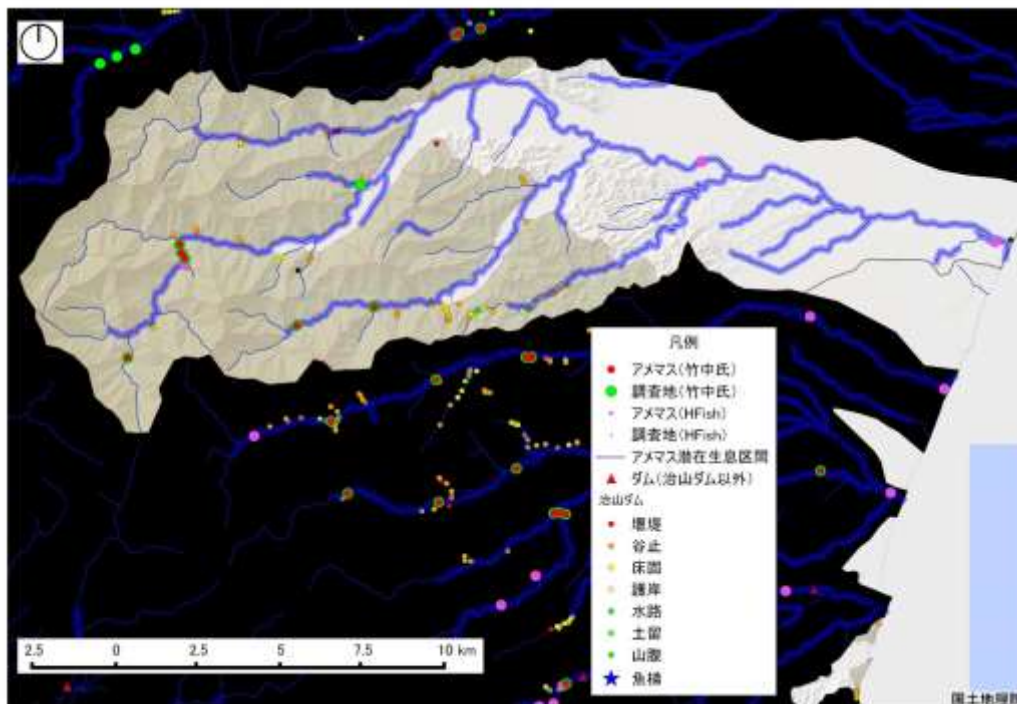
アメマスは一般に海に降りて性成熟し、遡河して産卵する種なので、成熟魚が遡上できない河川区間で個体群を維持することは難しい。このような種の生活史や分布状況から、河川工作物との関連を検討するにはアメマスが適していると考えられる。

c 河川工作物と魚類相の位置関係

アメマスに注目し、日高山系東麓の豊似川において河川工作物と魚類生息の関係を試験的に解析した（図(1)-21）。魚類データが無い区間はポテンシャルマップ（赤坂氏2014作成）を使い推定分布域を示している。

実際に採取された結果から、本流域では上流までアメマスが遡上していることがわかる。一方、アメマスの生息が推定されているが、その途中で堰堤が設置されている箇所が存在する。もしも堰堤よりも上流の区間がシマフクロウにとって重要であるなら、これらの堰堤の現況を把握し、実際にアメマスが分布するか確認する必要がある。

今後はこれらの情報を利用して、より具体的にシマフクロウの現在の生息域や分散が期待される河川区間を対象として、魚類の移動を阻害する可能性のある堰堤の有無について検討する必要がある。



図(1)-21 河川工作物と魚類の重ね合わせ

6) シマフクロウの調査における考察

シマフクロウは生息数の増加が進んでおり、近年生息地の消失はほとんど発生しておらず、単独個体のつがい化や新規生息地の発生など分布域が拡大しており、北海道東部地域では個体数が大幅に増加している。その一方で、繁殖成功率は年変動が激しく、特に知床など東部地域は必ずしも高くないことが明らかになった。自然状態で多く生息するロシア沿海地方においても、繁殖

成功率は年変動が大きかった。

また、北海道東部の一部地域では5つがいが集中して生息する生息密度の高い地域が確認され、巣間距離が2-4kmと従来知見の10km程度の行動圏と比較すると非常に小さくなっている。このような密度状況は、シマフクロウがかつて豊富にいた時代の理想的な状況の可能性もあるが、ロシア沿海地方での巣間距離（8-15km）と比較しても小さく、また、本研究で明らかになったGPSロガー個体のコアエリアの河川長15kmと比較してもはるかに小さい。さらに、このエリアでは繁殖成功率が必ずしも高くない状態が続いている。

一方、GPSロガーの個体行動から、単独個体が積極的に縄張りを維持し、隣接つがいへの侵入を試みている様子が明らかになり、高密度地域では個体間競争が非常に激しくなっていることが推察された。また、サブテーマ2の結果から地域内の遺伝的な偏りと交流の少なさが報告されており、またDNA個体識別結果の再解析から、高密度生息地域の知床半島ではつがい個体の寿命内の頻繁な入れ替わりが確認された。シマフクロウは20-30年という寿命を持っていることから、これらの地点では、交通事故などの何らかの外部要因で個体が死亡して入れ替わっているか、または、地域の個体数と個体密度が増加しているために、別個体による生息地への侵入と争奪が発生している可能性がある。

現在までの知見では、シマフクロウのつがい関係は強固に続き、他方が老齢で死亡するまでは個体が入れ替わらないとされ、また、近親つがいが多く確認されているなど遺伝的多様性が低下することが予想されていたが、これは個体数が減少しているステージにおける状況であり、保護活動の成果により個体数が増加に転じた現在では、個体密度の増加と入れ替わりの増加は、シマフクロウの生態に競争原理があることを示し、遺伝的多様性を増加させるという側面がある。

その一方で、特に知床地域で個体の分散が滞留することで生息密度が高くなり、個体間競争が激しくなりそれがつがいの頻繁な入れ替わりと繁殖率の低さの原因になっていることが考えられた。

高密度化や分散滞留が発生している原因は生息地不足や分散障壁によるものと考えられるため、生息数の増加に併せて生息環境整備を進め、円滑な分散を促進することが重要である。シマフクロウは魚食性で行動が河川沿いに広がることが明らかになったため、河川沿いの森林の連続性の確保とともに地域に分布する魚類相に着目して河川周辺の環境整備を行うことが重要である。また、現在の北海道の環境では内陸部への海からの魚類遡上は多くの地域で期待できないため、河川残留魚類（ハナカジカやオショロコマ）の保全が重要で、一方、海に近く回遊遡上魚の生息する地域では、回遊を確保することが重要であることが示唆された。

実際の環境整備の実施については、河川工作物及び魚類生息情報のGISデータの整備を進めることで、シマフクロウの生息にとって重要な魚類の回遊を阻害する河川工作物の抽出や、改善要素の把握、また、生息適地の抽出に役立てることが可能であると考えられる。

（2）タンチョウの生息環境解析

1）タンチョウの繁殖（生息）状況の調査及び比較解析

a 北海道のタンチョウの繁殖（生息）状況調査

北海道において2012年の繁殖期に行った調査で確認された巣、家族、つがい、個体及びヒナについて、表(1)-2に示した。ここで、「家族」とは「ヒナ」が存在する場合、「つがい数」とは、

一緒に行動していると思われる成鳥 2 羽、あるいは、就巢している少なくとも成鳥 1 羽が確認された場合で、「巣数」と「家族数」が含まれる。また、「個体数」に「ヒナ数」は含まれない。

表(1)-2 2012年の繁殖期における北海道の繁殖(生息)状況

地方名	地域名	巣数	家族数	つがい数	個体数	ヒナ数
十勝	十勝	41	2	63	120	2
	音別・白糠	5	0	6	11	0
釧路	釧路湿原	105	2	134	307	3
	別寒辺牛湿原	45	3	60	104	5
	霧多布湿原	9	0	11	25	0
根室	根室半島	10	0	13	22	0
	風蓮湖・風蓮川	55	5	82	213	5
	野付半島	11	0	28	91	0
網走	網走	2	0	3	6	0
宗谷	宗谷	3	0	4	10	0
合計		286	12	404	909	15

次に、2014年の繁殖期に行った調査で確認された巣、つがい、個体及び卵について、表(1)-3に示した。また、「卵数」については、抱卵中の親鳥が巣上に立ったり、巣から離れたりした際に確認された数であり、実際の産卵数ではない。

表(1)-3 2014年の繁殖期における北海道の繁殖(生息)状況

地方名	地域名	巣数	つがい数	個体数	卵数
十勝	十勝	64	81	139	2
	音別・白糠	9	13	27	6
釧路	釧路湿原	121	149	295	27
	厚岸・別寒辺牛	55	64	103	12
根室	霧多布	12	19	39	6
合計		197	245	464	51

2012年と2014年の調査結果を比較すると、すべての地域で確認された巣とつがい数が増加していた。このような調査における巣発見率は、その時の気象条件等、種々の要因により変化する²⁾が、増加傾向にあると考えられる。特に、十勝地方では、巣数で約1.5倍、つがい数でも約1.3倍に増加しており、繁殖地の分布拡大という観点からも注目される地域である。

b ロシアのタンチョウの繁殖(生息)状況調査

ロシアのハンカ湖東岸にある湿原において、2012年の育雛期に行った調査で確認されたつがい、個体及び家族(ヒナ数別)について、表(1)-4に示した。

表(1)-4 2012年の育雛期におけるロシア・ハンカ湖周辺の繁殖(生息)状況

つがい数	個体数	家族数	
		ヒナ2羽	ヒナ1羽
60	153	11	18

次に、2013年及び2014年の繁殖（営巣）期に行った調査で確認された巣、つがい、個体、卵及び1羽または2羽のヒナを連れている家族について、表(1)-5に示した。ここで、つがい数には、巣数と家族数が含まれている。また、個体数にヒナ数は含まれていない。さらに、2014年の調査では、ヒナを連れた家族の巣位置もすべて確認されたので、巣数には、家族数が含まれている。

表 (1)-5 繁殖（営巣）期におけるロシア・ハンカ湖南東岸湿原の繁殖（生息）状況

調査年	巣数	つがい数	個体数	卵数	家族数	
					ヒナ2羽	ヒナ1羽
2013	3	33	82	5	12	4
2014	35	46	133	18	7	9

2012年と2013・2014年の調査範囲は異なるため、確認されたつがいや個体数の増減については比較することはできない。2013年と2014年は、ほぼ同じ調査範囲であるため、年変化としてとらえることが可能となる。しかし、巣数の違いから明らかのように、2013年の調査時にはすでに孵化後で、多くのヒナが巣から離れている状況であった。一方、2014年の調査時には、孵化直後のヒナが多く、巣からそれほど離れた場所にいなかったため、巣の位置を確認することができた。また、就巣している個体と比較して、巣から離れた家族（つがい）は、枯れヨシの中などに隠れることもあるため、発見率が下がると考えられる。したがって、2013年と比較して、2014年のつがい数が明らかに増加していたとまではいえない。

c 北海道とロシアの繁殖（生息）状況の比較解析

2012年の北海道（図(1)-22）とロシア（図(1)-5）の調査範囲におけるつがい数について、比較検討を行った。ここでは、飛行経路の片側400mを調査員の目視可能範囲とし、調査範囲面積を概算した（表(1)-6）。繁殖期と育雛期で調査時期が異なること、また、地形や植生などの環境が異なることから単純な比較はできないが、この地域ではロシアに比べて、つがい、個体ともに単位面積当たり約1.5倍の羽数が確認された。したがって、ロシアに比べて北海道では高密度で繁殖している可能性が示唆された。

次に、2012年の北海道と、2013年のロシアで確認されたつがい数について、調査範囲面積と湿原面積の2種類の面積で比較検討を行った。前述の通り、地形や植生などの環境が異なることから単純な比較はできないが、この地域ではロシアに比べて、つがい、個体ともに調査範囲の単位面積当たりでは約2倍、湿原面積の単位面積当たりでは3倍以上の数が確認された。したがって、ロシアに比べて北海道では高密度で繁殖していると考えられた。

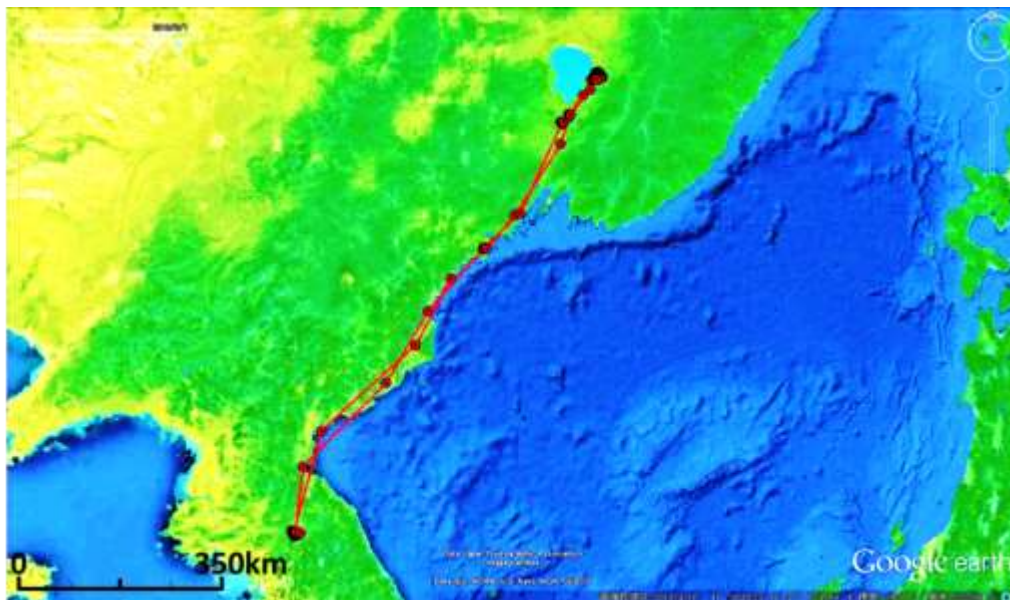
体が確認された植生もスゲが多くなった。また、調査時期や時間帯のためか、水生昆虫等の餌が豊富であると考えられる水のある場所（開放水域）で索餌している個体も見られた。

表(1)-8 2013年のロシア・ハンカ湖南東岸湿原における個体確認地点の植生分類

優占植生	スゲ	開放水域	ヨシ	その他
地点数	26	12	9	2

2) 衛星追跡送信機による位置追跡調査及び行動圏解析

2012年8月3日から2013年6月9日までの取得された位置情報を図(1)-23に示した。これらの位置情報を基に100%最外郭法で行動圏面積を算出すると、表(1)-9のようになった。また、位置情報から算出した距離は、越冬地への渡りでは6日間で884km、繁殖地への渡りでは3日間で807kmであった。



図(1)-23 PTT 個体の位置情報

行動圏面積の変化から、ヒナの成長過程や繁殖地周辺での行動について推測することができた。また、位置情報から渡りの中継地についても把握することができた。

表(1)-9 PTT を装着した個体の行動圏面積の変化から推測された状況

期間	行動圏面積 (km ²)	推測状況
2012年8月3日～9月1日	0.60	飛べないヒナ連れ
2012年9月2日～10月7日	5.30	ヒナが飛行可能
2012年10月8日～11月14日	80.34	繁殖テリトリーを離れ、渡りの準備
2012年11月21日～2013年3月13日	42.99	朝鮮半島で越冬中
2013年3月17日～3月25日	2.07	繁殖地の南西約90kmで休息
2013年3月26日～4月26日	58.11	繁殖地周辺で行動
2013年4月27日～6月9日	3.48	繁殖テリトリーを確保

3) 標識鳥の追跡調査

2012年から2014年に環境省の保護増殖事業の一環として行われた標識調査で標識された個体（ヒナ）とその後の追跡調査結果について、表(1)-10, 11, 12に示した。2013年にメスへの偏りが見られるが、オス・メスの性比はほぼ1対1で、これまでの調査³⁾と同様の結果になっていた。また、標識されたヒナが翌年の1～2月まで生存する確率は、過去の調査で平均約75%である。2012年は76%とほぼ平均的な生存率であった。2013年は生死不明の個体があるため、生存率は61～89%となり、過去の平均とそれほど大きく異ならない可能性が示唆されていた。その後の生存確認により、生死不明個体の内、少なくとも3羽は生存していたので、78%以上の生存率であったことが判明した。2014年は生死不明の個体があるものの、生存率は86～96%となり、過去の平均よりも高くなった。したがって、この3年間で標識された個体は、生存率に関して、平年と同様かそれ以上の値となり、個体群に悪影響を与える幼鳥死亡率の悪化は見られなかった。今後も同様の調査を継続することにより、毎年の幼鳥死亡率が把握可能となり、繁殖状況悪化等の異常をすぐに察知できることが期待される。また、すでに標識された個体の追跡情報を組み合わせることで、生存率や繁殖率などの個体群動態を考えるうえでより精度の高い情報を集められる。

表(1)-10 2012年の標識調査結果及び追跡調査結果(2013年2月時点)

	十勝		釧路		根室		合計
	オス	メス	オス	メス	オス	メス	
生存	0	3	6	3	1	0	13
死亡	1	1	0	0	0	2	4
合計	1	4	6	3	1	2	17

表(1)-11 2013年の標識調査結果及び追跡調査結果(2014年2月時点)

	十勝		釧路		根室		合計
	オス	メス	オス	メス	オス	メス	
生存	2	0	1	7	1	0	11
死亡	0	0	0	2	0	0	2
不明	3	1	0	1	0	0	5
合計	5	1	1	10	1	0	18

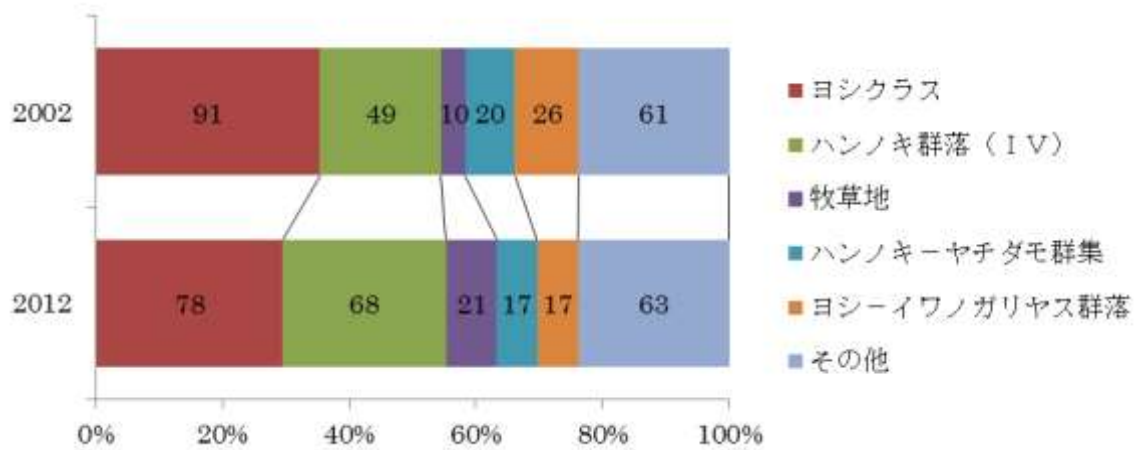
表(1)-12 2014年に標識された個体の追跡調査結果(2015年2月時点)

	十勝		釧路		根室		合計
	オス	メス	オス	メス	オス	メス	
生存	3	5	9	4	2	1	24
死亡	0	0	1	0	0	0	1
不明	0	1	0	1	0	1	3
合計	3	6	10	5	2	2	28

4) 北海道の過去の繁殖状況のGISデータ整備及び営巣地点の植生分類

2002年と2012年の営巣地点の植生を分類した(図(1)-24)。植生分類に有意な差は見られなかった(Fisher's exact test, $P=0.07>0.05$) が、「牧草地」に分類された巣数が2002年と比較し

て2012年には2倍以上に増加した。ただし、この「牧草地」に分類された営巣地点の多くは、実際の牧草地ではなく、牧草地に近い湿地状になった場所であった。つまり、植生図の精度や分類上、「牧草地」に巣が存在したことになったためである。しかし、牧草地周辺で営巣していることに間違いはなく、繁殖密度の増加や人馴れなどの影響が考えられた。



図(1)-24 2002年と2012年の営巣地点植生割合

5) 北海道における営巣適地モデルの作成

初期値の説明変数として、以下の主な植生を選択した。

- ・ 営巣地点から半径1kmの周辺植生で、合計面積割合が0.5%以上の23植生
- ・ 主要な繁殖地域である十勝、釧路、根室の3地方の植生で、合計面積割合が3%以上の9植生
- ・ 営巣地点の植生で、6巣(全体の0.5%)以上確認された14植生

これにより、重複した植生を除いた、「ヨシクラス」、「ハンノキ群落」、「牧草地」、「エゾイタヤ-シナノキ群落」、「開放水域」等の25植生を初期説明変数とした。

各メッシュのタンチョウの営巣に適する確率 $p(x)$ は式(1)-1で表わされる。

$$\log \frac{p(x)}{1-p(x)} = \text{切片} + \sum \text{各推定値} \times \text{各メッシュ内植生面積} \dots \text{式(1)-1}$$

ここで、推定値とは表(1)-13のEstimateの値である。例えば、ヨシクラスの Model AとBの推定値は、それぞれ4.42、3.11である。

2kmメッシュ内の説明変数である植生面積を、GISソフトウェアを使用して算出した。主要な営巣地域である十勝、釧路、根室の3地方の営巣メッシュ数は、3カ年で合計469であった。ここでは、以下の2種類のモデルを作成した。

- ・ Model A：非営巣メッシュとして、3地方のメッシュをすべて含む
- ・ Model B：非営巣メッシュとして、3地方のメッシュから森林割合が高いメッシュを除く

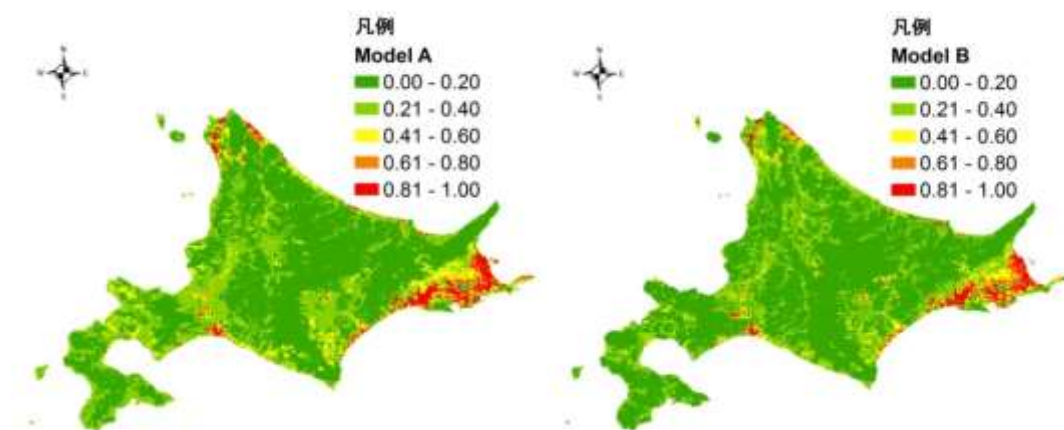
Model Bにおける「森林割合が高いメッシュ」については、「ヨシクラス」及び「ハンノキ群落」の湿地植生が存在しない、かつ、「落葉針葉樹植林」や「トドマツ植林」等のメッシュ内面積率が90%以上のメッシュとした。これらに基づき一般化線形モデルを作成すると、各植生の項目は表

(1)-13のようになった。

これらのモデルを用いて、北海道全域における各 2km メッシュの営巣適応度を式(1)-1から算出すると、図(1)-25 のようになった。主要な営巣地である十勝、釧路、根室の 3 地方以外では、近年分散傾向が見られる道北地域に適応度が高いメッシュが存在したほか、道央地域の湿地・原野がある場所にも営巣に適応すると推定されるメッシュが存在した。また、Model AとBでは、適応度が高い地域に関して大きな違いは見られなかった。

表 (1)-13 作成した一般化線形モデルの各植生の推定値、標準誤差、有意確率

Vegetation	Model A			Model B		
	Estimate	Std. Error	Pr(> z)	Estimate	Std. Error	Pr(> z)
(Intercept)	-1.15	0.25	3.6e-06	-1.40	0.19	4.2e-13
ヨシクラス	4.42	0.53	2e-16	3.11	0.39	1.6e-15
ハンノキ群落	2.91	0.40	3.5e-13	2.77	0.37	9.5e-14
牧草地	0.35	0.10	0.0005	0.31	0.09	0.0003
塩沼地植生	5.47	2.69	0.04	12.80	0.76	0.05
ヤナギ低木群落	1.46	0.70	0.04	2.18	0.30	0.004
ササ草原	-	-	-	0.89	0.41	0.003
ヤマハンノキ群落	1.22	0.48	0.01	0.95	6.60	0.02
エゾイタヤ-シナノキ群落	0.21	0.11	0.06	-	-	-
落葉針葉樹植林	-0.62	0.188	0.0007	-0.28	0.17	0.09
ハンノキ-ヤチダモ群集	-	-	-	1.18	0.63	0.06
下部針広混交林	-0.70	0.28	0.01	-	-	-
エゾマツ-トドマツ群集	-0.59	0.27	0.03	-0.38	0.25	0.13
ヌマガヤオーダー	-	-	-	9.0e+4	1.3e+6	0.94
トドマツ植林	-0.69	0.41	0.09	-	-	-
ササ-ダケカンバ群落	-4.72	4.06	0.24	-19.2	17.3	0.27
エゾマツ-ダケカンバ群落	-100.58	166.09	0.54	-82.0	102.2	0.42



図(1)-25 北海道全域における各2kmメッシュの営巣適応度 (左: Model A、右: Model B)

6) 個体群存続性分析

1990-2012年までのデータに基づき算出した齢段階行列を図(1)-26に示した。この齢段階行列より、個体群成長率は1.044となり、過去の分析時¹⁾の1.051より低い値となった。主な要因として、1齢から2齢までの生存率が0.918から0.903に変化し、個体群サイズと幼鳥数から算出した繁殖率が0.157から0.151に低下したことが考えられる。

	Age1	Age2	Age3	Age4	Age5	Age6	Age7	Age8	Age9+
Age1	0	0	0.151	0.151	0.151	0.151	0.151	0.151	0.151
Age2	0.903	0	0	0	0	0	0	0	0
Age3	0	0.895	0	0	0	0	0	0	0
Age4	0	0	0.890	0	0	0	0	0	0
Age5	0	0	0	0.918	0	0	0	0	0
Age6	0	0	0	0	0.937	0	0	0	0
Age7	0	0	0	0	0	0.940	0	0	0
Age8	0	0	0	0	0	0	0.967	0	0
Age9+	0	0	0	0	0	0	0	0.965	0.933

図 (1)-26 1990-2012 年までのデータに基づき算出した齢段階行列

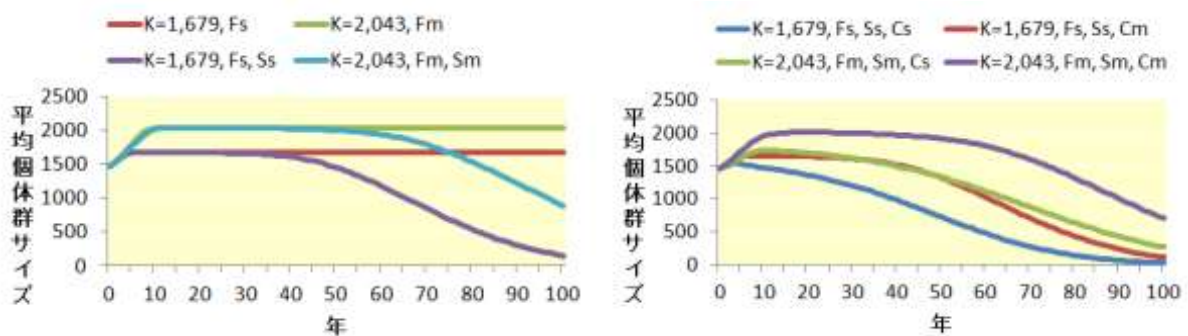
ここでは、以下の3つのシナリオ (S. 1-3) に基づき、シミュレーションを行った。

S. 1 繁殖地における環境収容力(K)の限界により個体群成長が抑制される。Kは、現在のつがい数の約20~50%増加できると推定し、1,679と2,043とした。また、気候変動等による繁殖率の低下が起こり、100年後の繁殖率(F)が平均して線形的に0.027~0.041減少する。

S. 2 S. 1の条件下で、事故死亡率(S)が約0.07~0.10%/年で増加する。

S. 3 S. 1及びS. 2の条件下で、20~40年に一度の割合で死亡率が0.18~0.36のカタストロフィが発生する。

このとき、各数値の変動幅で、個体数を減少させる影響が高い方をシビア(s)、低い方をマイルド(m)とした。図(1)-27に平均個体群サイズの100年間の変化を示した。



図(1)-27 シミュレーション結果 (左: S. 1及びS. 2、右: S. 3)

Kが十分大きい(K=2,043の場合)と、今回想定したカタストロフィが発生しても100年間に絶滅リスクはないが、最もシビアな条件下では絶滅確率が0.6%であった。また、死亡事故率の増加等により生存率が大きく減少しなければ、環境収容力にしたがって個体数は安定すると考えられる。したがって、絶滅リスクや個体数減少リスクを低下させるためには、

- ・ 生存率を減少させる死亡事故の抑制
 - ・ 環境収容力を維持あるいは増加させるための湿地や不凍河川等の生息地保全や再生
 - ・ 感染症等のカタストロフィの影響を低減させるために過度の集中化を分散により回避
- といったことが重要である。

5. 本研究により得られた成果

(1) 科学的意義

1) シマフクロウについて

シマフクロウは個体数の増加と分布域の拡大が顕著になってきていることが確認された。また一部地域では個体が高密度化してきていることが明らかになった。

今後シマフクロウの個体群を安定的に存続させるには、繁殖成功率とその阻害要因を把握することが重要であるが、本年度研究により、成功率が15–45%（3年間平均26%）と年変動が激しいという実態と、気象要因及び外敵による捕食が確認された。

また、個体の入れ替わりや、寿命、分散距離に関する知見の蓄積が進み、繁殖成功率と合わせて、今後の個体群動態のシミュレーションを行う場合の基礎的情報が得られた。

各生息地の給餌種は地域的に差が大きく、保全上は地域性への留意が必要であることが明らかになった。特に今まで定量的情報のなかった内陸生息地における餌種が把握できた。

今まで詳細が明らかになっていなかった環境利用について、簡易な方法による野生個体の安全な捕獲とGPSロガー装着を行うことができ、さらに装着個体による精度の高い位置情報が得られたことで、細かな環境利用が明らかになった。さらに、個体の行動から、単独個体の縄張り維持や他個体への偵察行動などを定期的かつ積極的に行っていることが明らかになった。

本研究では個体数の増加が確認されたが、個体の多い地域では高密度化、個体の頻繁な入れ替わりが確認され、その一方で繁殖成功率は必ずしも高くない。これは若い個体の地域外への分散が円滑に進まず滞留している可能性が考えられ、環境整備が危急であることが明らかになった。

2) タンチョウについて

これまで定量的な比較が困難であった北海道個体群と大陸個体群の繁殖状況に関して、北海道とロシア・ハンカ湖周辺における調査を複数年行ったことにより、定量的な評価が可能となった。これにより、ロシア・ハンカ湖周辺湿原と比較して、北海道の釧路湿原において明らかに高密度で繁殖（営巣）していることが示された。また、PTT 装着個体の位置情報から、繁殖を行っている個体のほぼ周年の行動圏が明らかとなり、繁殖に必要な湿地面積等の環境パラメータを推定するための基礎的な知見を得ることができた。

標識された個体の確認状況から、個体群サイズに大きな影響を与える幼鳥の死亡率悪化は認められなかった。

2002年と2012年の営巣地点の植生から、近年、牧草地のような人間の活動圏に近い場所で巣を造るつがいが増加していることが明らかになった。

タンチョウの営巣適地モデルを繁殖テリトリーサイズに近い2×2kmメッシュで作成することで、これまでよりも詳細なポテンシャルマップを図示することが可能となった。また、主な繁殖地である北海道東部以外の地域で、営巣適応度が高い地域は、北海道北部と中央部に存在することが明らかとなった。同時に、適応度の高い地域が限定的であることも示唆された。

新たなデータを追加した個体群存続性分析の結果から、想定したシナリオでは、繁殖地における環境収容力が十分大きい場合には、100年間の絶滅リスクは存在しないが、最もシビアな条件下では絶滅する可能性があることが明らかとなった。特に、生存率に悪影響を与えるような

要因が発生、あるいは増大すると個体群減少リスクが高くなることが示された。

(2) 環境政策への貢献

<行政が既に活用した成果>

1) シマフクロウについて

平成27年2月の環境省シマフクロウ保護増殖検討委員会において、本推進費研究の成果報告を行った。シマフクロウの生息地モニタリング結果から、生息数の増加と分布域の拡大が顕著で1980年代半ばからの環境省の地道な「シマフクロウ保護増殖事業」の成果が出ていることを報告する一方で、繁殖率の低さや、個体の分散が円滑に進んでいないことを報告し、分散促進のための環境整備計画の実施が急務であることを提言した。

平成26年11月に林野庁北海道森林管理局では十勝西部署管内で「シマフクロウ生息環境整備計画現地検討会」を行い、人工林の施業方針や河川の魚類環境整備について意見を交換し、本推進費研究で着目された底性魚類の遡上阻害となる小支流のコルゲート管の段差改良工事を提言し、同12月に試験的改良工事が行われ、経過を観察している。従来、魚類の遡上阻害は大規模ダムや砂防ダム、治山ダム等の河川工作物のみが注目されており、ダムへの魚道設置など改良工事は大規模な予算を伴い設置が進んでいない。一方、林道付帯施設のコルゲート管は無数にあり、設置位置や現状など情報が一切整理されていない状態であるが、本改良事業は小規模で実施が比較的容易であるため、今回の改良工事は工法やコストの検討材料ともしている。効果的に実施されれば、今後の各地の魚類環境が大きく改善されるため、シマフクロウのみならず、生物多様性の観点からも非常に重要な作業である。

本推進費研究ではオス単独個体を捕獲しGPSロガーにより行動や環境利用について詳細に情報が集まっていた。そのため北海道地方環境事務所の「野外つがい形成促進事業」において、メスの放鳥によりつがいの成立が予測され、また以後のモニタリングも可能であることから、放鳥対象地として最も適していることを提言し、平成26年10月に飼育下メスの放鳥を実施し、直後につがいが成立され産卵、孵化に至っている。

2) タンチョウについて

平成24～26年度タンチョウ保護増殖検討会委員として参画し、生息地分散に係わる事業や情報について、本研究成果を基に意見を述べた。また、平成26年3月に公益財団法人北海道環境財団と環境省北海道地方環境事務所が共催したシンポジウムでは、話題提供及びパネルディスカッションの中で本研究成果を紹介した。さらに、河川防災工事や農地改良等の事業者に対し、事業地及びその周辺に生息するタンチョウに関する情報提供を行い、繁殖等に悪影響を及ぼさないように助言した。

<行政が活用することが見込まれる成果>

1) シマフクロウについて

本研究において、環境整備の重要性が指摘されたが、今後は関係機関との連携を強化しながら実施する必要がある。本研究の結果を活用することで、そのための基礎的な情報の解析や具体的な事業展開を図ることが可能である。環境省北海道地方環境事務所では、平成25年策定の

環境省北海道地方環境事務所及び林野庁北海道森林管理局の「シマフクロウ生息地拡大に向けた環境整備計画」を具体的に進めるため、本研究結果の生息分布、生息環境、DNA解析、分布拡大シミュレーションなどの成果を参考に、27年度に具体的対象地域や取り組みを策定する作業部会を設置することになっている。

2) タンチョウについて

北海道と比較して、自然度が高いと考えられるロシア・ハンカ湖東岸におけるタンチョウの繁殖（生息）状況を明らかにすることにより、この地域のタンチョウの繁殖（生息）環境を解析し、北海道におけるそれと比較することで、北海道のタンチョウの繁殖（生息）状況を定量的に評価することができた。これにより、繁殖地における過度の集中の解消や繁殖適地の保全など、タンチョウを分散させるうえで、自然状態での繁殖を考慮する際に指標となる情報を得られた。

衛星追跡送信機を装着した個体の位置情報を基に、繁殖を行っているタンチョウの行動及び行動圏の把握をすることができ、繁殖地と越冬地間の移動のデータは生息地分散や長距離移動に関する基礎的な知見となった。

現在、北海道のタンチョウは北海道東部に集中しており、今後の繁殖地や越冬地の分散を検討するうえで、生息分布状況は最も基礎となる情報である。北海道における最新の繁殖（生息）分布状況を得ることで、この情報を基に、植生や土地利用の環境解析を行い、分散候補地を抽出することが可能となる。実際に、2012年の営巣地点データを使用した北海道における2kmメッシュの営巣適地マップ（ポテンシャルマップ）を作成したことにより、これまでよりも詳細な営巣適度の高い場所が明らかとなった。この結果は、繁殖地分散に活用することが期待される。また、越冬地分散を考える上で、繁殖地の近くに越冬地を創出することも方策の一つであるので、越冬地の分散にも役立つ成果である。以上の結果は「タンチョウ生息地分散化行動計画」（生息のための諸条件を改善し、繁殖地及び越冬地の分散を図ることにより、給餌に依存しない個体群を絶滅の危機を回避できる規模まで創出し、タンチョウが自然状態で安定的に存在できるようになることを最終的に目指しながら、本計画では道内において生息分散が確実に進むことを目標とする）を順応的管理で実施するために有用なデータであり、このようなモニタリング調査の重要性が確認された。

6. 国際共同研究等の状況

国際共同研究計画名

ロシア・ハンカ湖周辺部におけるタンチョウの繁殖（生息）状況

協力案件名

ロシア・ハンカ湖周辺部における航空機を用いたタンチョウの繁殖（生息）状況調査

カウンターパート

氏名 Sergey Surmach

所属 Civic Organization “Amur-Ussuri Center for Avian Biodiversity” in Vladivostok

国名 ロシア

参加・連携状況

調査時に航空機（ヘリコプター）に同乗し、タンチョウの生息している場所へのナビゲート及び共同調査を行った。また、調査結果に関する補足・参考意見等の助言を得た。

国際的な位置づけ

現在減少が危惧されている大陸個体群のタンチョウ繁殖地であるロシア・ハンカ湖周辺の繁殖（生息）状況を明らかにすることにより、今後のタンチョウ保全の基礎資料となる。

7. 研究成果の発表状況

(1) 誌上発表

<論文（査読あり）>

特に記載すべき事項はない

<査読付論文に準ずる成果発表>

特に記載すべき事項はない

<その他誌上発表（査読なし）>

特に記載すべき事項はない

(2) 口頭発表（学会等）

- 1) 正富欣之、正富宏之、百瀬邦和：日本鳥学会2012年度大会（2012）
「北海道に生息するタンチョウの個体群存続性分析（2012年版）」
- 2) 竹中健、表溪太、西田千鶴子、増田隆一：日本鳥学会2012年度大会（2012）
「DNAマーカーによるシマフクロウの個体識別とその展開、および長期サンプリングと保存の重要性」
- 3) 正富欣之、百瀬邦和、正富宏之：日本鳥学会2013年度大会（2013）
「ロシア・ハンカ湖南東部の湿原におけるタンチョウの繁殖状況」
- 4) 竹中健：日本鳥学会2013年度大会（2013）
「シマフクロウの繁殖成功率と阻害要因の検討」
- 5) Y. MASATOMI, K. MOMOSE, H. MASATOMI, S. G. SURMACH and D. V. KORBOV: 26th International Ornithological Congress, Tokyo, Japan, 2014
“The breeding status of *Grus japonensis* in Kushiro Marsh, Japan, and the southeast marsh around Khanka Lake, Russia”
- 6) H. MASATOMI and, Y. MASATOMI: 26th International Ornithological Congress, Tokyo, Japan, 2014
“Detection of vegetation types at nest sites of *Grus japonensis* in eastern Hokkaido, Japan, by using vegetation maps”
- 7) T. TAKENAKA: 26th International Ornithological Congress, Tokyo, Japan, 2014
26th International Ornithological Congress, Tokyo, Japan, 2014
“Recovery of Blakiston’s fish owl populations – a positive beginning but a long and

challenging road ahead”

- 8) 正富欣之：日本鳥学会2014年度大会（2014）
「近年の北海道におけるタンチョウの営巣環境は変化したか？」
- 9) T. TAKENAKA: Vth International Wildlife Management Congress, Sapporo, Japan, 2015
“Frontier of Field Research for Conservation of Blakiston’s Fish Owl”（アブストラクト提出済み）
- 10) Y. MASATOMI: Vth International Wildlife Management Congress, Sapporo, Japan, 2015
“Breeding status of red-crowned crane in Hokkaido: Comparison with the Russian Far East”
（アブストラクト提出済み）

（3）出願特許

特に記載すべき事項はない

（4）「国民との科学・技術対話」の実施

- 1) 正富 欣之：シンポジウム“十勝発。ツルと人との新しい関係。～地域とともに考える。タンチョウ分散の取り組み～” 話題提供（2014年3月1日）「タンチョウって、どんな鳥？～生態と個体数について～」
- 2) 百瀬邦和：東邦大学理学部 OB 会（鶴風会）創立70周年総会・記念式典・祝賀会で講演「タンチョウとはどんな鳥でしょう」タンチョウの生態について研究成果を紹介（2014年6月8日）
- 3) 百瀬邦和：信州野鳥の会の創立 30 周年記念会で講演（2014年6月）
- 4) 百瀬邦和：釧路市民学園講座ふるさと講座「第一回タンチョウの魅力～現状と課題～」で講演（2014年10月26日）
- 5) 竹中健：北海道猛禽類研究会第14回勉強会。各地のシマフクロウの餌内容の違い及び環境利用（GPSロガー個体）。（2014年11月10日、主催：北海道猛禽研究会、札幌市）
- 6) 竹中健：シマフクロウトーク&カフェ～北の国のふくろうや北海道の森をゆったり知る時間～（2014年12月13日、レンタルスペースloopolic、東京世田谷区）
- 7) 竹中健：シマフクロウ講演会「シマフクロウー神の鳥を科学する」。 （2015年1月31日、主催：北海道シマフクロウの会、札幌市）
- 8) 市民向けシンポジウム「シマフクロウ・タンチョウを指標とした生物多様性保全 北海道の過去・現在・未来」、2015年2月11日、北海道大学学術交流会館（札幌市）（主催：北海道大学大学院農学研究院・タンチョウ保護研究グループ・北海道大学大学院理学研究院・北海道大学大学院地球環境科学研究院、2015年2月11日、北海道大学学術交流会館、観客約200名）にて講演

（5）マスコミ等への公表・報道等

- 1) 北海道新聞（平成24年10月21日、道東版、26頁）
- 2) NHKニュース：ネットワーク北海道（平成24年11月30日）。
- 3) NHKニュース：おはよう北海道「シマフクロウふえたけれど」（平成24年12月1日、シマフクロウの遺伝子分析成果、生息環境調査結果を含めて8分ほど紹介）。

- 4) NHKニュース:おはよう日本「シマフクロウに新たな“危機”」(平成24年12月10日、シマフクロウの遺伝子分析成果、生息環境の調査結果を含めて6分ほど紹介)。
- 5) NHK北海道:「おはよう北海道 特集 知床 シマフクロウの春」(2013年7月19日、推進費研究で得られた給餌生態やクロテンの被害を放映)
- 6) NHK全国放送:「さわやか自然百景 知床の清流」(2013年7月21日、推進費研究で得られた給餌生態やクロテンの被害を放映)
- 7) 北海道新聞(2014年1月24日、夕刊、13頁、推進費研究で得られたクロテンの被害を特集)
- 8) STVラジオ「大貫妙子のone fine day」(2014年4月28日、シマフクロウについて紹介)
- 9) 北海道新聞(2014年5月1日、夕刊、1頁、シマフクロウ遺伝的多様性の現状)
- 10) 産経Web(2014年6月10日、
<http://photo.sankei.jp.msn.com/kodawari/data/2014/06/11owl/>、シマフクロウのひなに
標識 北海道・道央地方で)
- 11) 北海道新聞(2014年10月9日、36頁、シマフクロウ十勝で放鳥へ)
- 12) 毎日新聞(2014年11月26日、北海道版、シマフクロウ生息域拡大へ)
- 13) 森林総合研究所研究最前線. 市民参加の鳥類観察記録から広域分布を読み解くことに成功
(2014年12月4日、URL:
<http://www.ffpri.affrc.go.jp/research/saizensen/2014/20141204-01.html>)
- 14) NHKニュース:おはよう日本(2015年1月8日、シマフクロウの森を守る—北海道—、シマフクロウの生息地改善のための魚類訴状整備について4分ほど紹介)
- 15) NHK全国放送(平成27年3月10日、地方発 ドキュメンタリー「ツルとヒト 共に生きる道」)
- 16) NHKニュース:ほっとニュース北海道(2015年3月25日、シマフクロウ保護に新しい力、サブテーマ1、サブテーマ2、サブテーマ4のシマフクロウ研究を統合した成果を4分ほど紹介)
- 17) 北海道新聞(2015年4月20日、夕刊、「シマフクロウ、タンチョウ道内の生息環境探る」)
- 18) NHK北海道:ほっとニュース北海道(2015年4月22日、シマフクロウGPSロガー個体と放鳥個体のつがい化に伴う繁殖経過(孵化の様子)を紹介)

(6) その他

- 1) 竹中 健:北海道国有林の森林環境保護・保全の取り組み報告会 基調講演(2012)
「シマフクロウ保護の取り組み」

8. 引用文献

- 1) Y. Masatomi, S. Higashi and H. Masatomi: Population Ecology, Vol. 49, PP. 297-304 (2007)
“A simple population viability analysis of Tancho (*Grus japonensis*) in southeastern Hokkaido, Japan”
- 2) 正富宏之、正富欣之:専修大学北海道地域総合科学研究センター報告, Vol. 6, PP. 73-82(2011)
「北海道における40年間のタンチョウの航空調査と繁殖番い発見率」
- 3) 正富宏之、正富欣之、佐藤文雄、百瀬邦和:専修大学北海道地域総合科学研究センター報告,
Vol. 4, PP. 69-75(2009)
「北海道のタンチョウ標識個体における性比」

(2) 遺伝的多様性と近交弱勢解析

北海道大学大学院理学研究院

増田 隆一・西田 千鶴子

<研究協力者>

北海道大学大学院理学研究院

甲山 哲生・表 溪太・秋山 拓哉

磯野 清香（平成24～25年度）

井田 幸子（平成26年度のみ）

平成24～26年度累計予算額：31,757千円（うち、平成26年度予算額：11,169千円）

予算額は、間接経費を含む。

[要旨]

絶滅が危惧される種において、野外集団の遺伝的多様性を把握することは、その種の保全を考える上で非常に重要である。シマフクロウとタンチョウは、保護活動により、個体数は現在増加傾向にあるものの、過去に大幅な個体数の減少を経験しており、孤立・分断化した集団内での遺伝的多様性の低下と、近親交配による悪影響が懸念されている。本研究では、両種の北海道集団について、過去から現在までの長期にわたる遺伝的多様性の変動と、集団の成立過程を把握することを目的として、ミトコンドリアDNA、マイクロサテライト及び、免疫関連遺伝子（MHC）を遺伝子マーカーとした系統地理学的・集団遺伝学的解析を行った。古い年代の剥製標本を含めたミトコンドリアDNA分析の結果、シマフクロウでは、かつて道内の広域で遺伝的交流があったことが示唆された。しかし、個体数が最も減少した1980年代以降では、遺伝的多様性の減少とともに、地域集団間で遺伝的分化が生じていることが明らかとなった。同様の傾向は、マイクロサテライト及びMHC遺伝子を用いた分析でも観察された。このことから、シマフクロウでは、生息地の減少と分断化に伴う個体数の減少によって地域集団内の遺伝的多様性が減少し、また、地域間での移動が途絶えたことにより集団間の遺伝的分化が進んだことが示唆された。一方、タンチョウでは、いずれの遺伝子マーカーを用いた分析においても、北海道集団内の遺伝的多様性は極めて低く、地域間での遺伝的組成に差はみられないことが明らかとなった。また、剥製標本を用いたミトコンドリアDNA分析の結果、過去100年間で遺伝的組成及び多様性に大きな変動はみられなかった。以上の結果は、現在のタンチョウ北海道集団が極少数個体から回復した経緯を反映していると考えられる。今後、シマフクロウにおいては、地域間の移動を促進させることで、地域集団内の多様性の回復・維持につながると考えられる。また、タンチョウにおいては、感染症の流行等のリスクを分散するためにも積極的に分布拡大を促すことが重要であると考えられる。

[キーワード]

遺伝的多様性、ボトルネック、ミトコンドリアDNA、マイクロサテライト、主要組織適合遺伝子複合体（MHC）

1. はじめに

近代化にともなう人間活動の急激な拡大によって、多くの野生生物が絶滅の危機にさらされている。人間による土地利用・開発は、野生生物にとって生息可能な地域を劇的に減少させるだけでなく、生息地の分断化や生息環境の悪化を招くことにより、野生生物の集団サイズを減少させ、また、分断化された集団間の遺伝子の移動（遺伝子流動）を妨げることで、時として、種の存続を脅かす結果となる。個体数の少ない集団では、しばしば、遺伝的浮動（偶然による対立遺伝子頻度の変化）や近親交配の影響が大きくなることで、遺伝的多様性が低下することがわかっている。遺伝的多様性の低下が集団の存続性に与える負の影響については、多くの理論的及び実証的研究で報告されている¹⁾。集団内の遺伝的多様性の消失は、短期的には、個体の生存力や成長率、また繁殖成功率を低下させ、また、長期的には、環境変動に対する適応能力の低下につながると考えられる。一方、個体の持つ遺伝的多様性は病原体に対する抵抗性に重要な役割を担い、集団内での感染症の流行等を防ぐ効果があることが明らかになってきている²⁾。そのため、絶滅が危惧される種において、野外集団の遺伝的多様性を把握することは、その種の保全を考える上で非常に重要である。

野生生物を対象とした集団遺伝学的研究には、ミトコンドリアDNA制御領域の配列情報やマイクロサテライト（ゲノム上に存在する反復配列の多型）といった、遺伝子としての重要な機能は持たず、進化的に中立であると考えられる遺伝子マーカーが頻繁に用いられてきた³⁾。これらの遺伝子マーカーは、対象種の系統関係や、集団の歴史、集団間の遺伝子流動の程度、さらには、個体識別や親子関係を調べる上で非常に有用である。またミトコンドリアDNAについては、核遺伝子と比較して1細胞内に含まれる遺伝子のコピー数が多いため、出土骨や剥製標本といった比較的年代の古いサンプルも解析を行えるという利点もある。一方で、中立的な遺伝子マーカーにおける遺伝的多様性は、必ずしも、集団の持つ環境変動に対する適応能力を反映しているとは限らない。さらに、保全遺伝学でしばしば焦点となる、過去数十年間といったタイムスケールでの集団サイズの変動は、中立的な遺伝子マーカーにおける多様性に影響を与えるには短すぎる場合が多い。そのため、集団の持つ適応的な遺伝的多様性を測るためには、中立的な遺伝子マーカーだけでなく、機能的に重要な遺伝子をマーカーとした分析を行う必要がある。

主要組織適合遺伝子複合体（Major histocompatibility complex, MHC）は脊椎動物の免疫反応に関わる遺伝子領域、あるいは遺伝子群である。MHCには、病原体由来の抗原ペプチドと結合し抗原提示を行う膜タンパク質をコードする遺伝子（MHC class I, II遺伝子）が含まれる。これらの遺伝子は、一般的に他の遺伝子と比べて、集団・個体レベルで非常に高い多様性を示すことが知られている⁴⁾。MHC遺伝子における高い多様性は、様々な病原体に対する適応であり、自然選択（平衡選択）によって維持されていると考えられている。一方で、過去に集団サイズの大幅な減少（ボトルネック）を経験した集団では、MHC遺伝子においても多様性の低下が観察されることがある⁵⁾。MHC遺伝子における多様性の低下は、病原体に対する抵抗性を低下させ、集団の絶滅リスクを高めると考えられる。そのため、絶滅危惧種の保全を目的とした、人為的移動・分散や、保護下での繁殖及び野生復帰プログラムにおいては、保全遺伝学的な観点から、ミトコンドリアDNA配列やマイクロサテライトといった、中立的な遺伝子マーカーに加えて、MHC遺伝子における多様性も考慮に入れた計画を立てることが重要である。

シマフクロウ（*Bubo blakistoni*）及び、タンチョウ（*Grus japonensis*）は、日本では北海道にの

み分布する大型鳥類であるが、両種ともに、20世紀以降の人間活動による生息地の破壊や分断化によって過去に大幅な個体数の減少を経験している。

シマフクロウは、かつて北海道全域に広く分布していたと考えられるが、北海道南部では1950年代以降、北部では1970年代以降に生息が確認されておらず、現在では主に東部地域に生息するのみである⁶⁾。個体数は1970年代から1980年代にかけて特に少なくなり、北海道全体で100個体以下となったと推定されている⁷⁾。1980年代以降の人工給餌や巣箱設置を中心とした保護活動の結果、現在では、約140羽まで個体数が回復したことが野外調査によって観察されている。これまでに我々が行ったマイクロサテライトを用いた研究から、近年のシマフクロウ北海道集団では、遺伝的多様性が低下していること、地域集団が遺伝的に分化していることが示唆されている⁸⁾。この原因としては過去の個体数の減少に伴うボトルネック効果が考えられるが、それを示すためには集団サイズ減少の前後の集団の遺伝的多様性の比較が必要である。

タンチョウはユーラシア大陸東部に生息する大陸集団と日本の北海道に生息する北海道集団の2つの地理的集団に分かれている⁹⁾。大陸集団はロシアの東シベリアや、中国北東部などに分布し繁殖地と越冬地間の長距離移動を行うが、北海道集団は渡りをせずに北海道内の限られた地域に周年生息している。タンチョウは、かつて日本全体で多くの個体が観察されたが、19世紀末までに、乱獲や開発などによる生息地減少により個体数が激減し、一時、国内では絶滅したと考えられていた。1920年代に釧路湿原で再発見されたものの、1952年にはわずか33羽しか確認されなかった。その後、給餌や生息地の保全などによる保護活動により個体数は回復傾向にあり、現在では、北海道東部に約1500羽が分布している。ミトコンドリアDNAの制御領域の塩基配列情報を用いた先行研究では、近年の北海道集団からはハプロタイプが2つのみしか確認されず、遺伝的多様性が大陸集団に比べて低いことが示されている^{10), 11)}。しかし、タンチョウ北海道集団における、集団レベルでの遺伝的多様性の知見はミトコンドリアDNAの制御領域での解析に留まり、且つ近年の個体を用いた研究しか行われていない。タンチョウの保護を考える上で、複数のマーカーを用いた、さらに詳細な遺伝的情報の蓄積が急務である。

2. 研究開発目的

本研究では、以下の3つを主な目的とした。

- (1) シマフクロウとタンチョウの現在の北海道集団について、ミトコンドリアDNA、マイクロサテライト、及び、免疫関連遺伝子（MHC）を遺伝子マーカーとした系統地理学的・集団遺伝学的解析により、遺伝的多様性の程度と地理的な遺伝的構造について把握する。
- (2) 近年のサンプルより得られたDNAの解析に加えて、全国の博物館等に保管されている剥製標本や出土骨といった古い年代のサンプルのDNAの解析を行うことにより、ボトルネック以前から現在までの長期にわたる遺伝的多様性の変動と集団の成立過程を解明する。
- (3) これらのデータに基づき、人為的移動・分散や保護下での繁殖及び野生復帰プログラム等、両種の今後の保全計画への提言を行う。

3. 研究開発方法

(1) シマフクロウの遺伝的多様性

1) 解析に用いたサンプル及び、DNAの抽出

1963年から2012年にかけて、標識調査の際に採取された血液（主に生後1年以内の幼鳥）、または皮膚組織由来の繊維芽細胞等、合計405個体のサンプルについて、DNeasy Blood & Tissue Kit (Qiagen) を用いてゲノムDNAを抽出した。血液サンプルは抗凝固処理を行った状態、または濾紙に吸着・乾燥させた状態で-20°Cで凍結保存し、繊維芽細胞は液体窒素中で凍結保存したものを用いた。また、全国の博物館等に収蔵されていた剥製標本計31個体から得られた羽毛、または、皮膚サンプルからQIAamp DNA Micro Kit DNA (Qiagen) を用いてゲノムDNAを抽出した。外来DNAの混入を避けるために、年代の古いサンプルのDNA抽出は、新鮮なサンプルとは別の実験室において空気清浄化したクリーンベンチ内で行った。各個体は採集地点に基づき、知床、根釧、阿寒、十勝、日高、石狩（現在ではシマフクロウは生息していない）の6つの地域集団に分けて解析を行った。またシマフクロウの世代期間を考慮し、8年毎または16年毎に期間を区切って解析を行った（表(2)-1）。

表(2)-1 シマフクロウ北海道集団のDNAサンプルの採集地点と年代。

年代	採集地域						合計
	石狩	日高	大雪	阿寒	根釧	知床	
1964年以前	[6]	1 [1]	[3]	[3]		[2]	16
1965-1980		[1]	[2]	3	3	1 [6]	16
1981-1988		[1]	2	3 [1]	7 [1]	4 [3]	22
1989-1996		1	17	12	21 [1]	29	81
1997-2004			25	21	36	44	126
2005-2012		17	29	20	39	70	175
合計	6	22	78	63	108	159	436

括弧無し：血液サンプルまたは培養細胞サンプル、括弧有り：剥製標本。

2) ミトコンドリアDNA配列を用いた多様性解析

ミトコンドリアDNAは核DNAに比べて進化速度が早く集団内の個体間に生じた遺伝的差異を比較することが可能である。ミトコンドリアDNAは母系遺伝するため、兄弟関係にある個体を除いた116個体の組織あるいは血液サンプルを分析に用いた。また、31個体の剥製標本についても分析に用いた。ミトコンドリアDNA制御領域の部分配列（590bp）の塩基配列を決定した。標的のDNAは表(2)-2のプライマーセットを用いたPCR反応によって増幅した。古いサンプルのDNAはより短い断片（78-148 bp）に分けて増幅を行った。100 bp以下の短い断片については、ダイレクトシーケンスの際に、解析がしやすいようにアクセサリー配列（M13プライマー配列）を付加したプライマーセットを用いてPCR増幅を行った。PCR反応液は全量で20μlとし、その組成はGXL DNA Polymerase (5 units/μl ; TaKaRa)を0.2μl、5×Reaction bufferを4.0μl、dNTPを1.6μl、2種のプライマー(10 pmol/μl)を各0.5μl、DNA抽出液を1.0μl、蒸留水を12.2μlとした。この反応液について熱変性（94°C/3分）を1回行い、引き続き、熱変性（94°C/1分）、アニーリング（55～60°C/1分）、DNAの伸長（72°C/1分）を1サイクルとして40サイクル繰り返し、最後に72°Cで10分間の伸長反応を行った。PCRにはTaKaRa Thermal Cycler TP-600を用いた。PCR産物は

QIAquick PCR Purification Kit (Qiagen)を用いて精製し、シーケンス反応の鋳型として用いた。シーケンス反応は、BigDye Terminator v1.1 Cycle Sequencing Kit (Life Technologies)を用いて行い、ABI PRISM 3730 DNA Analyzer (Life Technologies)により塩基配列を決定した。

得られた塩基配列のアライメントはMEGA 5.0を用いて行った。ハプロタイプ多様度 (h)、ヌクレオチド多様度 (π)、地域間の遺伝的差異 (F_{ST})はARLEQUIN 3.5.1.2を用いて算出した。また、集団内における遺伝的な階層構造を明らかにするため、ARLEQUINを用いて、Analysis of Molecular Variance (AMOVA) 解析を行った。

表(2)-2 ミトコンドリアDNA制御領域増幅用のプライマー

プライマー	塩基配列 (5'-3')	参考文献
L16728	CCAAGGTCTGCGGCTTGAAAAG	8)
Hcontrol-03-kb	TGAAGAGTTATGGTTTAGGTACG	8)
Hcontrol-05-kb	GGGCATTAATGTCATGAAATTAG	This study
Lcontrol-06-kb	TACTAATCCATGCACTAATCCC	This study
Hcontrol-07-kb	GCCATGGATTGGAGTATTAATAG	This study
Lcontrol-08-kb	CAGTTGTACATTAACCATCTAC	This study
Hcontrol-09-kb	GGCATGGATGTTATATCTTGGTG	This study
Lcontrol-12-kb	GTACTAATCACATACAATTCATG	This study
Lcontrol-14-M13f	<u>GTAAAACGACGGCCAGCCATTAATGTGCTACGTATATAC</u>	This study
Hcontrol-15-M13f	<u>GTAAAACGACGGCCAGATGGGATTAGTGCATGGATTAG</u>	This study
Lcontrol-16-M13f	<u>GTAAAACGACGGCCAGCCTATTCATGACAGAACGACA</u>	This study

下線はM13-forwardプライマー用のアクセサリー部位を示す。

3) マイクロサテライトを用いた多様性解析

マイクロサテライトは核DNAに存在する数塩基の繰り返し配列であり、高い多型性を示すため、集団遺伝学的研究に用いられている。計407個体について、マイクロサテライト7遺伝子座について遺伝子型を決定した。一方を6-FAM、NED、PET、VICのいずれかの蛍光色素で標識したプライマーセットを用いてPCR反応を行った。PCR反応液は全量で10 μ lとし、その組成は、rTaq DNA Polymerase (5 U/ μ l; TaKaRa)を0.1 μ l、10 \times Bufferを1.0 μ l、2mM dNTPsを0.8 μ l、非修飾及び蛍光標識プライマー (5 pmol/ μ l)を各0.1 μ l、DNA抽出液1.0 μ l、蒸留水を6.9 μ lとした。この反応液について熱変性 (94 $^{\circ}$ C / 3分)を1回行い、引き続き、熱変性 (94 $^{\circ}$ C / 1分)、アニーリング (52 $^{\circ}$ Cまたは60 $^{\circ}$ C / 1分)、DNAの伸長 (72 $^{\circ}$ C / 1分)を1サイクルとして30~35サイクル繰り返し、最後に72 $^{\circ}$ Cで10分間伸長反応を行い、PCR産物を得た。PCR産物の分子サイズを、ABI PRISM 3730 DNA Analyzer (Life Technologies)を用いて測定した。サイズマーカーにはGeneScan 600 LIZ Dye Size Standard (Life Technologies)を用いた。得られた波形データを、GENEMAPPER 4.0により解析し、各個体の遺伝子型を決定した。

ハーディー・ワインベルク平衡からの逸脱、連鎖不平衡、ヘテロ接合度の期待値 (H_e)及び観察値 (H_o)について、ARLEQUIN 3.5を用いて求めた。また、アレル多様度 (Allelic richness,

Ar)、及び、均衡係数 (F_{IS}) はFSTAT 2.9.3を用いて算出した。過去40年間にわたる、有効集団サイズの変化について、NeEstimator 2.01を用いて、moment method及びtemporal methodで推定した。ボトルネックの際に見られるヘテロ接合度の期待値と観察値のずれをBOTTLENECK 1.2.0.2を用いて検出した。遺伝的クラスターの数を推定するため遺伝的クラスター数 (K) = 1-7についてSTRUCTURE 2.3を用いてベイジアンアクラスタリング解析を行った。ヘテロ接合度の観察値 (H_o) の今後50年間の変動を推定するため、北海道の地域集団が孤立している場合及び集団間で交流のある場合について、BOTTLESIM 2.6.1を用いてシミュレーションを行った。

4) MHCを用いた多様性解析

MHC遺伝子は、一般的に重複進化によってゲノム中に複数遺伝子座存在するため、従来のシーケンス技法では、大量サンプルの遺伝子型決定 (ジェノタイピング) は困難であった。そこで、本研究では、次世代シーケンサーを用いた解析手法を取り入れることで、シマフクロウ北海道集団におけるMHCクラスIIB遺伝子の網羅的ジェノタイピングを行った。

解析に用いるプライマーを開発するため、異なる地域・年代から複数個体のDNAサンプルについて、フクロウ類のMHCクラスIIB遺伝子の保存的な領域に設計されたプライマー^{12), 13), 14)}を用いて予備的なPCR増幅を行い、クローニング後、ダイレクトシーケンス法により塩基配列を決定した。得られた配列情報から、シマフクロウのMHCクラスIIB遺伝子のexon 2領域に特異的に増幅するプライマー (BubIIIb2F: 5'-GAG TGT CAG YAC CTY RAY RG-3'; BubIIIb2R: 5'-CTT TCY TCT SCS TGA YGW AGG-3') を開発した。

1968年から2012年までに北海道各地で集められた200個体のDNAサンプルについて、MHCクラスIIB遺伝子領域の部分配列 (203 bp) をPCR増幅した。PCRを行う際には、上記プライマー配列に加えて、次世代シーケンサー用のアダプター配列、及び、個体識別用のタグ配列を組み合わせ合わせたフュージョンプライマーを用いた。PCR反応液は全量 25 μ lで、GXL DNA Polymerase (5 units/ μ l ; Takara)を0.5 μ l、5 \times GXL bufferを5.0 μ l、dNTPを2.0 μ l、プライマー (25 pmol/ μ l)を各1.0 μ l、DNA抽出液を1.0 μ l、蒸留水を14.5 μ lとした。この反応液について熱変性 (98 $^{\circ}$ C/10秒)、アニーリング (58 $^{\circ}$ C/10秒)、DNAの伸長 (68 $^{\circ}$ C/30分) を1サイクルとして28サイクル繰り返した。各サンプルより得られた、PCR産物は、MinElute PCR Purification Kit (Quiagen) で精製後、アガロース電気泳動によりDNA濃度を測定後、等分子量に混合し、次世代シーケンサー (Roche GS FLX+) により、塩基配列決定を行った。解析は、GS FLX Titanium Sequencing Kit XLR70 (Roche) を用い、1/4スケールで行った。

得られたシーケンスデータから、ngs_genotyping 0.9.0¹⁵⁾を用いて、各個体のジェノタイピングを行った。年代・地域間での遺伝的多様性を比較するため、ブートストラップ法によりアリアル多様度 (Ar) を計算した。また、遺伝子型データに基づいて、個体間のMHC遺伝子型の非類似度 (Jaccard distance) を計算し、多次元尺度構成 (non-metric multidimensional scaling, NMDS) により各地域集団の遺伝的多様性の程度を比較した。

(2) タンチョウの遺伝的多様性

1) 解析に用いたサンプル及び、DNAの抽出

2006年から2014年に採集された、バンディング調査時の捕獲個体、傷病保護個体の血液サン

プル、死亡個体の筋肉・腎臓等の組織サンプルより、DNeasy Blood & Tissue Kit (Qiagen) を用いてゲノムDNAの抽出を行った。血液は抗凝固処理、または濾紙吸着後に乾燥させたものを-20度で凍結保存し、組織は用いるまで-20度で99%エタノール内に保存した。このうち、出生地が明らかである生後1年以内のヒナ及び幼鳥より得られた合計153個体（十勝：46個体、釧路：84個体、根室：20個体、網走：3個体）のDNAサンプルを解析に用いた。これに加えて、全国の博物館や研究組織等、合計10機関で保存されていた1878–2001年に捕獲された計18個体の剥製標本の羽軸サンプルから、QIAamp DNA Micro Kit (Qiagen) を用いてDNAを抽出した。外来DNAの混入を避けるために、剥製標本のDNA抽出は近年のサンプルとは異なる実験室のクリーンベンチ内で行う等十分注意した。

2) ミトコンドリアDNA配列を用いた多様性解析

タンチョウのミトコンドリアDNAにおける多様性解析には、これまでに、制御領域の塩基配列情報が用いられてきた¹⁰⁾。しかし、本研究の過程で、タンチョウのミトコンドリアDNAにおいて、制御領域を含む周辺領域で遺伝子重複が生じていることが明らかとなった。そこで、Nested PCR法を用いて、遺伝子重複を含む領域約5.2 kbの塩基配列決定を行った。その結果、先行研究で多様性解析に用いられた領域は、重複した制御領域 (CR1, CR2) のうち、後半部分にあたるCR2であることがわかった。今までにCR2から検出されたハプロタイプの分類はCR2の5'末端側の440-bpの配列からが可能であることが示されているため¹¹⁾、この領域を特異的に増幅するPCRプライマーを新たに開発した。

近年のサンプルは440bpを含む約2kbをPCRにて増幅し、ダイレクトシーケンス法により塩基配列を決定した。PCR組成は全量 20 μ l の反応系でGXL DNA Polymerase (5 units/ μ l ; Takara)を0.3 μ l、5 \times Reaction bufferを4.0 μ l、dNTPを1.6 μ l、プライマーセットをそれぞれ(20 pmol/ μ l) 0.3 μ l、DNA抽出液を1.0 μ l、蒸留水を12.5 μ lとした。この反応液について熱変性 (98°C/10秒)、アニーリング (60°C/5秒)、DNAの伸長 (68°C/2分) を1サイクルとして25サイクル繰り返した。PCR産物はQIAquick PCR Purification Kit (Qiagen) で精製し塩基配列の鋳型として用いた。配列決定はBig Dye ver 3.1とDNAシーケンサー (ABI3130) を用いて決定した。得られた塩基配列情報に基づいて、北海道集団内における各ミトコンドリアDNAハプロタイプの出現頻度を調べた。

剥製標本から抽出したDNAは分断化している可能性が考えられるため、制御領域を重なる短い2つの領域 (286bp、381bp) に分けて塩基配列を決定し、近年のサンプルとの比較を行った。塩基配列のアライメントはMEGA 5.0を用いて行い、塩基配列から検出されたハプロタイプについて採集地域別に出現頻度を調べた。

3) マイクロサテライトを用いた多様性解析

153個体について先行研究で開発されたマイクロサテライト9遺伝子座 (Gj-M8、Gj-M11a、Gj-M13、Gj-M15、Gj-M34¹⁶⁾; Gj4066、Gj1303、Gpa33、Gpa34¹⁷⁾) の遺伝子型を決定した。一方を6-FAM、NED、PET、VICのいずれかで標識したプライマーセットを用いてPCR反応を行い、PCR産物の分子サイズをABI 3730 automated sequencerを用いて測定した。PCR反応液は全量で5 μ lとし、その組成は2 \times Multiplex PCR Master Mix (Qiagen) を2.5 μ l、蒸留水を1.0 μ l、primer mix (1pmol/ μ l、各非修飾及び蛍光標識プライマー3–4組を混合したもの) を0.5 μ l、DNA抽出液1.0 μ l

とした。この反応液について熱変性 (95°C /15分) を1回行い、引き続き、熱変性 (94°C /30秒)、アニーリング (60°C/90秒)、DNAの伸長 (72°C/90秒) を1サイクルとして30サイクル繰り返し、最後に72°Cで10分間伸長反応を行い、PCR産物を得た。サイズマーカーとしてはGS600 LIZ (Life Technologies) を用い、GENEMAPPER 4.0で解析を行った。

各個体の遺伝子型データを元に、遺伝的な集団構造を明らかにするために、仮定分集団数 (K) = 1-5について、STRUCTURE 2.3.4を用いたベイジアンクラスタリング解析を行った。また、集団内の遺伝的多様性はマイクロサテライト9遺伝子座のヘテロ接合度期待値及び観察値の平均値をARLEQUIN 3.5.1.3、アليل多様度 (A_r) と地域間の遺伝的差異 (F_{ST}) をFSTAT 2.9.3を用いて算出した。

4) MHCを用いた多様性解析

タンチョウ北海道集団におけるMHCクラスIA、及び、クラスIIB遺伝子の多様性を明らかにすることを目的として、153個体を用いて解析を行った。まず、これらの遺伝子領域に特異的なプライマーの開発を行った。MHCクラスIA遺伝子については、データベース (GenBank) 上で公開されている近縁種のカナダヅルの塩基配列情報と、その他鳥類の配列情報に基づいて、保存性の高い領域にプライマーを設計した。そのプライマーを用いて、タンチョウの北海道集団の複数個体について、予備的なPCR増幅を行い、クローニング後、ダイレクトシーケンス法により塩基配列を決定した。得られた配列情報から、タンチョウのクラスIA遺伝子のexon 3領域に特異的なプライマーを開発した。

MHCクラスIIB遺伝子は、これまでにツル科の鳥類では塩基配列が報告されていないため、鳥類に共通のMHCクラスIIB遺伝子領域のプライマー¹⁸⁾を用いて、タンチョウを含むツル科12種、及び、ツル目の近縁3種について、MHCクラスIIB遺伝子のexon 1からexon 4領域の部分配列をPCR増幅した。PCR増幅断片はクローニングを行い、ダイレクトシーケンス法により塩基配列を決定した。得られた塩基配列の多型情報に基づいて、ツル科鳥類のMHCクラスIIB遺伝子領域の保存性の高い部位に、新たなプライマーを設計した。クラスIA遺伝子と同様に、タンチョウの北海道集団の複数個体について、予備的な解析を行い、タンチョウのMHCクラスIIB遺伝子のexon 2領域に特異的なプライマーを開発した。

上記のプライマーを用いて、次世代シーケンサー (Roche GS FLX+) により、タンチョウ北海道集団の153個体について、MHCクラスIA、及び、クラスIIB遺伝子座の網羅的な遺伝子型決定を行った。そのデータに基づき、各地域集団におけるMHCの多様性の程度について検討した。

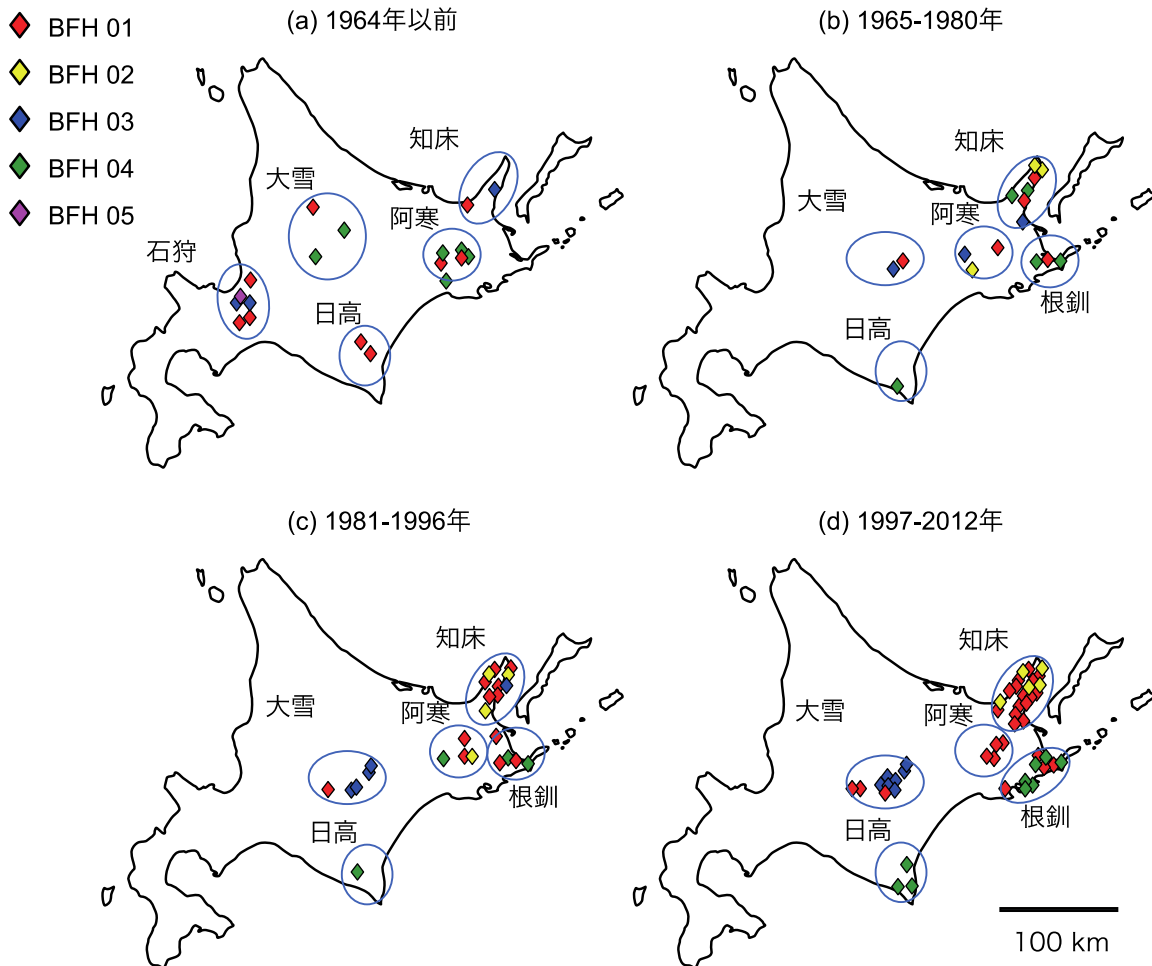
4. 結果及び考察

(1) シマフクロウの遺伝的多様性

1) ミトコンドリアDNA配列を用いた多様性解析

計150個体のミトコンドリアDNAコントロール領域の部分配列から5つのハプロタイプが識別された (BFH01-BFH05)。5つのうちBFH05は1964年以前にのみ見られ、それ以降では見られなかった。3つのハプロタイプ (BFH01、BFH03、BFH04) は1964年以前には北海道に広く分布していた (図(2)-1)。期間1965-1980年、1981-1996年にも各ハプロタイプは複数の地域で確認されていたが、期間1997-2012年ではほとんどのハプロタイプが各地域集団に固定してお

り、構成が大きく偏っていた（図(2)-1）。AMOVAによる解析の結果、期間1964年以前、1965–1980年では地域間で有意な遺伝的差異は検出されなかったのに対して、1981–1996年、1997–2012年では非常に高い遺伝的分化が見られた（表(2)-3）。ハプロタイプ多様度と塩基多様度はともに、北海道全体では有意な変化は見られなかったが、各地域では80年代以降に、急激な減少が観察された（表(2)-3）。



図(2)-1 シマフクロウ北海道集団におけるミトコンドリアDNAハプロタイプの年代別分布

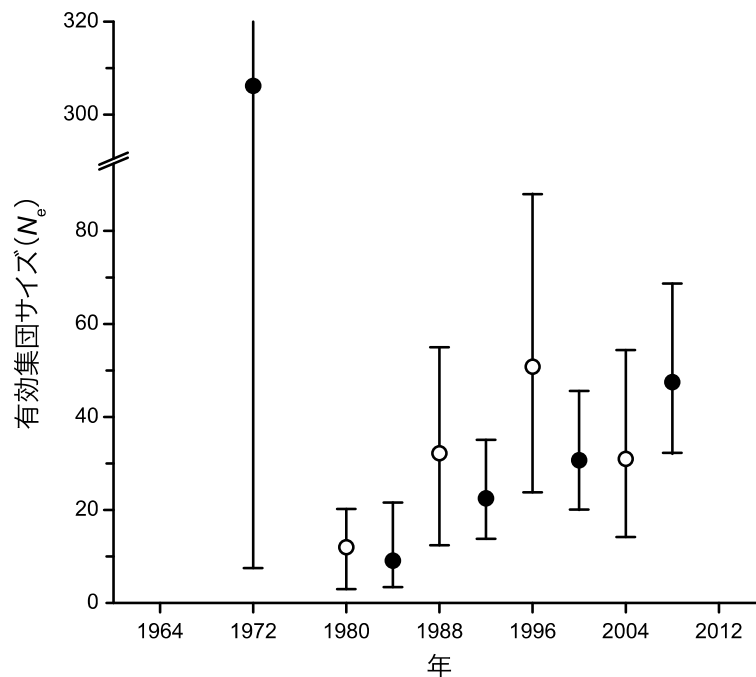
表(2)-3 ミトコンドリアDNA・マイクロサテライト分析による遺伝的多様性及び遺伝的分化度

年代	ミトコンドリア DNA						マイクロサテライト					
	N	F_{ST}	h_{all}	h_{local}	π_{all}	π_{local}	N	F_{ST}	A_r	H_o	H_e	F_{IS}
1964年以前	19	0.05	0.68	0.59	0.0074	0.0066	–	–	–	–	–	–
1965–1980	16	-0.150	0.78	0.70	0.0085	0.0075	8	-0.07	3.7	0.59	0.58	-0.02
1981–1988	16	0.31*	0.65	0.38	0.0067	0.0058	17	0.06*	3.5	0.53	0.56	0.05
1989–1996	28	0.55*	0.71	0.38	0.0070	0.0035	81	0.19*	3.3	0.52	0.55	0.05
1997–2004	31	0.49*	0.65	0.39	0.0063	0.0036	126	0.16*	3.2	0.47	0.54	0.13
2005–2012	40	0.60*	0.59	0.28	0.0065	0.0028	175	0.13*	3.3	0.51	0.53	0.05

N : 解析サンプル数、 F_{ST} : 地域集団間の遺伝的分化度、 h_{all} , h_{local} : 北海道全体及び地域集団でのハプロタイプ多様度、 π_{all} , π_{local} : 北海道全体及び地域集団での塩基多様度、 Ar : アリル多様度、 H_o : ヘテロ接合度観察値、 H_e : ヘテロ接合度期待値、 F_{IS} : 近交係数、* : 有意な F_{ST} 値 ($P < 0.05$)。

2) マイクロサテライトを用いた多様性解析

2006年から2014年にかけて採集された407個体について、マイクロサテライト7遺伝子座のほぼすべて(99.6%)で遺伝子型の決定に成功した。古い剥製標本からの分析は成功しなかった。北海道集団を単一の集団とみなして解析を行った結果、解析に用いた7遺伝子座中、1981-1996年で5遺伝子座において、また、1997-2012年で6遺伝子座でハーディー・ワインベルク平衡からの逸脱がみられた。一方、各地域集団についての解析では逸脱を示したのは7遺伝子座中0-2遺伝子座であった。遺伝子座間の連鎖不平衡は0-14通りの組み合わせで検出されたが、地域集団によって連鎖不平衡となる遺伝子座の組み合わせは異なっていた。図(2)-2はmoment method及びtemporal methodにより推定された各年代の有効集団サイズを示しており、いずれの手法でも同様に1980年代が最も低く(10-20個体)であり、それ以降は徐々に回復傾向であることが明らかとなった。また、1965-1980年では、推定誤差が大きいものの最も高い有効集団サイズが観察された。

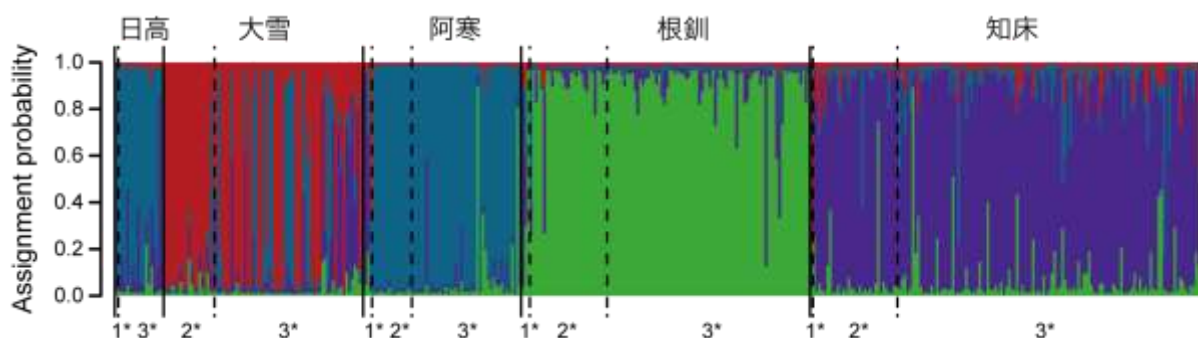


図(2)-2 シマフクロウ北海道集団における有効集団サイズの変化

●: Moment method、○: temporal method。

STRUCTURE解析の結果、遺伝的クラスターの数 (K) = 4の場合の尤度が最も高く、この4つのクラスターは、現在の地域集団とほぼ一致した。AMOVAによる解析の結果、1980年以前では地域間で遺伝的差異は検出されなかったが、それ以降の解析期間では有意に高い遺伝的分

化が見られた。1981–1996年ではほとんどの個体はその生息地域に特有の遺伝的クラスターに分配されたが、1980年以前や1997–2012年では、一部の個体が他の生息地に特有のクラスターに分配された（図(2)-3）。アレル多様度は北海道全体で有意な減少が見られた（表(2)-3）。北海道全体ではヘテロ接合度観察値は期待値に比べてより急速な減少を示した（表(2)-3）が、一部の地域集団（阿寒、根釧、大雪）ではヘテロ接合度観察値が期待値よりも有意に高い値を示した。近交係数は有意な増加を示した。更に、今後50年間のヘテロ接合度観察値のシミュレーションの結果、北海道の地域集団が孤立している場合には56.2%まで減少し、一方、集団間で個体の移動（遺伝子流動）がある場合には、減少率は86.5%まで緩和されることが予測された。



図(2)-3 STRUCTURE解析による各個体の4つの遺伝的クラスターへの分配確率
1* : 1980年以前、2* : 1981–1996年、3* : 1997–2012年

3) MHCを用いた多様性解析

1968年から2012年までに北海道各地で集められた200個体のDNAサンプルを用いて、次世代シーケンサーを用いてMHCクラスIIB遺伝子exon 2領域（203 bp）の網羅的解析を行った。その結果、174個体から信頼性の高いデータが得られ、北海道集団全体で19種類のユニークな配列（対立遺伝子）が検出された。1個体から最大16種類の対立遺伝子が確認されたことから、シマフクロウのゲノムには少なくとも8つのMHCクラスIIB遺伝子座が存在することが示唆された。これは、これまでに他のフクロウで報告されている遺伝子座数（1–4遺伝子座¹³⁾）と比較して遥かに多く、近年の遺伝子重複によって生じたと考えられる。一方で、他の鳥種では1遺伝子座から100種類以上の対立遺伝子が見つかることも少なくないことから^{19), 20)}、シマフクロウの集団レベルでのMHC遺伝子における多様性（最低8遺伝子座、19対立遺伝子）は極めて低い水準にあることが明らかとなった。

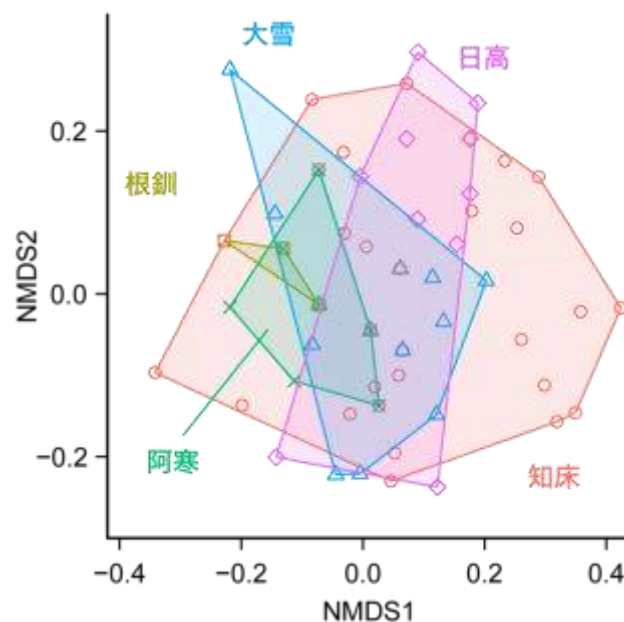
シマフクロウの地域集団間ではMHC遺伝子における多様性に顕著な差がみられ、最も個体数が多い知床集団では、各年代を通して高いアレル多様性が観察された（表(2)-4）。これに対して、他の地域個体群のアレル多様性はこれよりも低く、特に、阿寒や根釧集団では、1993年以降に生まれた個体から検出された対立遺伝子数は11、あるいは12種類のみであった（表(2)-4）。図(2)-4は、個体間のMHCの遺伝子型の非類似度に基づいて、各個体の遺伝子型の類縁関係を二次元平面上にプロットしたものである。知床集団では、様々な遺伝子型が見られるのに対し、阿寒や根釧では集団内の個体のMHC遺伝子型がほぼ均一であることが示唆された（図(2)-4）。また、阿寒・根釧集団の古い年代のサンプルからは、現在、これらの集団ではみられない対立

遺伝子も確認された（図(2)-5）。以上より、北海道のシマフクロウにおいては、過去の個体数の大幅な減少に伴い、集団内の多様性が低下したと考えられる。

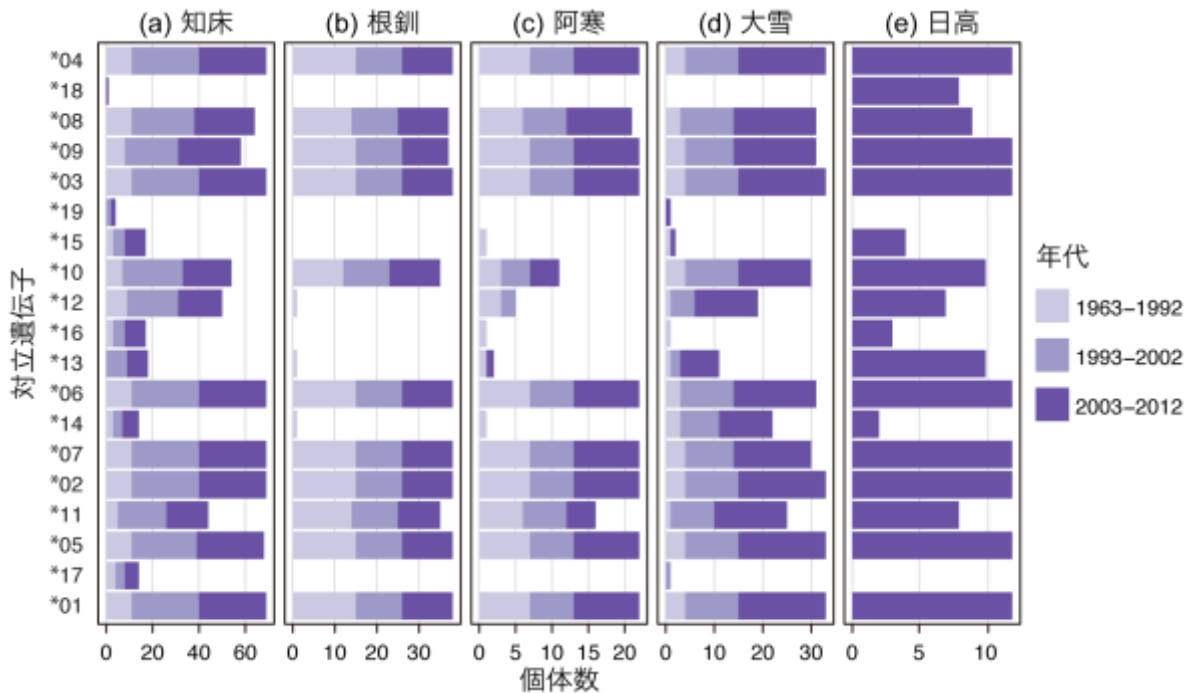
表(2)-4 シマフクロウ北海道集団におけるMHCクラスIIB対立遺伝子数及びアレル多様度

年代	地域	N	$K_{\text{individ.}}$	K_{pop}	Ar
1963–1992	知床	11	12	16	14.99
	根釧	15	11	14	11.71
	阿寒	7	11	16	13.63
	大雪	4	11	16	14.42
1993–2002	知床	29	12	18	14.96
	根釧	11	11	11	11.00
	阿寒	6	11	12	11.79
	大雪	11	12	15	13.77
2003-2012	知床	29	12	19	15.93
	根釧	12	11	11	11.00
	阿寒	9	10	12	11.18
	大雪	18	12	16	14.28
	日高	12	13	17	15.90

N：個体数、 $K_{\text{individ.}}$ ：個体あたりの対立遺伝子数の中央値、 K_{pop} ：集団全体で検出された対立遺伝子数、 Ar ：アレル多様度。



図(2)-4 1993年以降に捕獲されたシマフクロウのMHCクラスIIB遺伝子型の類縁関係



図(2)-5 シマフクロウ北海道集団におけるMHCクラスIIB対立遺伝子の地域・年代別頻度分布

4) シマフクロウ北海道集団における遺伝的多様性及び地理的遺伝的構造の推移

マイクロサテライトマーカーを用いた我々の先行研究⁸⁾では、北海道のシマフクロウは地域集団間で遺伝的に分化していることが示されたが、この分化が本来のものなのか、近年の個体数の減少に伴って生じたのかどうかについては明らかではなかった。本研究では、古い年代の剥製標本等も含む、より多くのサンプルを用いて分析を行った結果、ミトコンドリアDNAハプロタイプ多くは1964年以前には北海道に広く分布していたが、それ以降の期間では、地域間でハプロタイプの頻度に偏りが見られ、1997年以降では、各地域集団で1つか2つのハプロタイプしか観察されなかった(図(2)-1)。ミトコンドリアDNAとマイクロサテライトのいずれにおいても、1980年以前では地域間で有意な遺伝的差異は検出されなかったのに対して、その後の期間では非常に高い遺伝的分化が見られた(表(2)-3)。同様に、MHC遺伝子を用いた解析でも地域集団間で遺伝的多様性に顕著な差が見られた(図(2)-4)。これらの結果は、1980年以前には北海道の広い地域で遺伝子流動が存在したこと、その後、ハプロタイプ頻度やアレル頻度の大きな変化が各地域で生じたことを示唆する。生息地の分断化と孤立が、地域間の遺伝的構成の差異を短期間で拡大させたと考えられる。北海道集団を単一の集団として扱った際に見られたハーディー・ワインベルグ平衡からの逸脱は、実際には複数の分集団を内包していたことによるワーランド効果と呼ばれる減少だと考えられる。連鎖不平衡が検出されたマーカーの組み合わせは一定でなかったことから、遺伝子座の連鎖ではなく繁殖ペアの偏りが要因とする方が妥当だと思われる。1980年以降の地域集団で検出された高いヘテロ接合度は集団サイズが近年急激に減少したことを示す。これらの結果はいずれも1980年前後に集団の分断化と縮小が起こったことを支持する。野外調査でもこの時期にシマフクロウの個体数が最も小さくなったと推測されている⁷⁾。さらにマイクロサテライト解析による有効集団サイズの推定値もこの時期に最

小となった（図(2)-2）。したがって、北海道のシマフクロウ集団は1980年前後にボトルネックを経験したと考えられる。おそらく、この時期活発に行われた住宅や道路、ダムなどの建設が、生息地の分断化や減少をもたらしたことがボトルネックの原因となったと思われる。

STRUCTURE解析の結果識別された4つの遺伝的クラスターは地理的区分とほぼ一致した（図(2)-3）。日高と阿寒の地域の個体は同じクラスターに分配されたが、この2地域間の F_{ST} は有意に高い値をとった。よって2地域で交流があるのではなく、日高集団のサンプルサイズが小さいことにより解析の中で独立したクラスターと認識されなかった可能性がある。

STRUCTURE解析から1981-1996年の大雪、阿寒、根釧地域の集団は遺伝的に非常に均質であることが示された。1997-2012年には、一部の個体が採取地とは別の地域に特有なクラスターに分配された。これは地域間の遺伝子流動を示しており、特に大雪地域で顕著だった。実際に野外調査で阿寒及び知床から大雪地域に移動し（1990年及び2002年）、繁殖を行っている個体が観察されている。1981年から2012年にかけて大雪地域で遺伝的多様性が増加していること、有意なハーディー・ワインベルク平衡からの逸脱が見られたことは、これらの個体の移動によって生じたのかもしれない。シマフクロウのように世代期間が長く集団サイズが小さい場合、わずかな数の個体の移動が集団構造や遺伝的多様性に大きな影響を与えると考えられる。

一般的にボトルネックを経験した集団では遺伝的多様性が低下することが知られている。多くの希少鳥類について行われた研究では、特に100-150個体以下のボトルネックを経験した集団では近親交配や遺伝的多様性の低下により、孵化率が低下することが報告されている²¹⁾。ボトルネック期間の前後での遺伝的多様性の変化はいくつかの鳥類の種で研究されている。例として、20世紀前半にボトルネックを経験した絶滅危惧種ズグロモズモドキ (*Vireo atricapilla*) についてのマイクロサテライトを用いた研究では、遺伝的多様性の低下及びボトルネック前後の集団間での遺伝的差異が生じたことが明らかとなっている²²⁾。また、生息地の消失と分断化によって個体数を91%減らしたウィスコンシン州のソウゲンライチョウ (*Tympanuchus cupido*) についての研究では、50年間でマイクロサテライトとミトコンドリアDNAの多様性が大きく低下したことが示されている²³⁾。しかし一部の研究ではボトルネックを経験しても遺伝的多様性の変化が見られなかったことが報告されている。例として、ヨーロッパのオジロワシ (*Haliaeetus albicilla*) は20世紀に劇的に個体数が減少したが、高い遺伝的多様性が保たれていた²⁴⁾。この結果については、この種の世代期間が長いことが影響している可能性が指摘されている。また、集団が小さいパッチ状に分断されたイベリアカタシロワシ (*Aquila adalberti*) についての研究では、ミトコンドリアDNAの多様性は低下していたものの核遺伝子の多様性は保たれていることがマイクロサテライト分析により示されている²⁵⁾。

北海道のシマフクロウも集団の分断化と近年のボトルネックを経験したことが本研究で明らかになった。長い世代期間をもつ種では核遺伝子の低下が生じにくいことが示唆されているが、本研究では長い世代期間をもつシマフクロウで核遺伝子においても多様性の低下が検出された（表(2)-3）。この結果は北海道のシマフクロウの有効集団サイズが極めて小さくなったことを示唆する。また、マイクロサテライト分析の結果は北海道のシマフクロウ集団が地域ごとに分断化されており近親交配が生じていることを支持した。

近親交配は、しばしば出生体重や生存率、繁殖力、感染症などへの抵抗力に影響するとされている²⁶⁾。種の保全のためには、生態的な要因だけでなく遺伝的な要因についても考慮する必

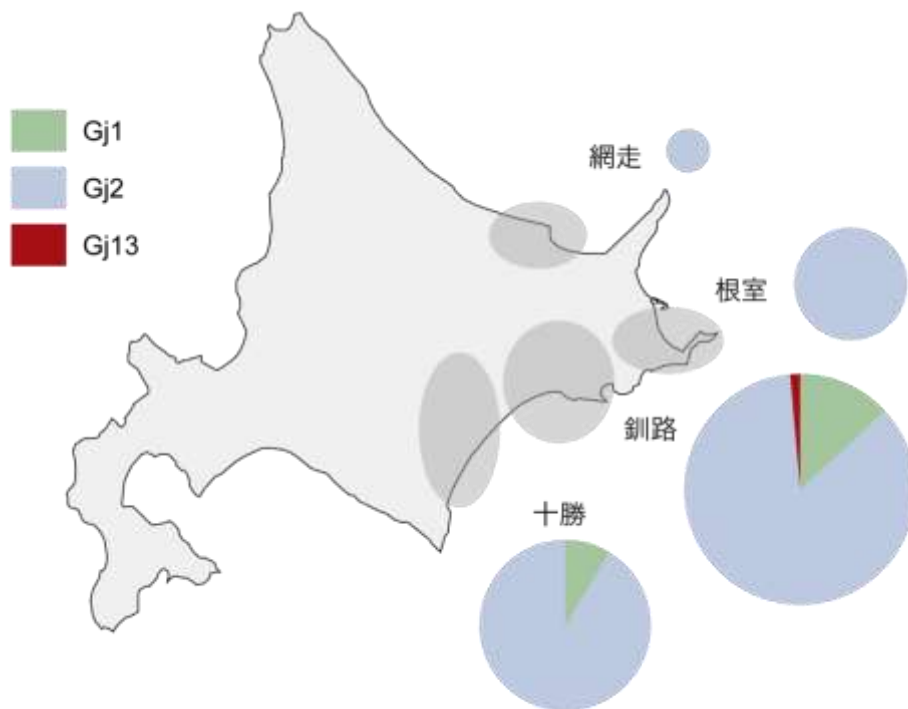
要がある。本研究はシマフクロウの遺伝的多様性が集団の分断化により近年減少したこと、わずかな個体の移動であっても多様性の回復に有効であることを明らかにした。シミュレーションでも今後、地域集団間で交流がある場合には多様性の低下が抑えられることが示されている。したがって、シマフクロウの長期的な保全のためには、孤立した地域間の移動を促進することが有効であると考えられる。

(2) タンチョウの遺伝的多様性

1) ミトコンドリアDNA配列を用いた多様性解析

2006年から2014年に採集された153個体について、ミトコンドリアDNAのCR2領域の塩基配列を決定した結果、北海道集団には3種類のハプロタイプ (Gj1, Gj2, Gj13) が存在することが明らかとなった。このうち、Gj1及びGj2は、先行研究で報告されていたものであるが、Gj13は本研究で新たに発見されたハプロタイプである。先行研究において、大陸由来の個体から、これまでに北海道集団とは異なる10週類のハプロタイプ (Gj3-12) が報告されている^{10), 27)}。このことから、タンチョウ北海道集団のミトコンドリアDNAにおける遺伝的多様性は非常に低いと考えられる。

また、解析に用いた全153個体のうち、89.5%の個体のミトコンドリアDNAハプロタイプはGj2であり、98.0%がGj1、0.7% (1個体のみ) がGj13であった (図(2)-6)。このように、ハプロタイプ数が少なく、また、特定のハプロタイプに頻度が大きく偏っているという遺伝的組成は、現在のタンチョウの北海道集団が、極少数の個体から回復した経緯を反映していると考えられる。



図(2)-6 タンチョウ北海道集団におけるミトコンドリアDNAハプロタイプの頻度

1878–2001年に作製された剥製標本18個体について、ミトコンドリアDNAのCR2領域の塩基配列を決定した結果、近年のサンプルと同様に、多くの個体がGj2 (14/18個体)あるいは、Gj1 (2/18個体)であった(表(2)-5)。また、1997年に作製された1個体の標本からGj13が検出された。さらに、1930年前後に作製された剥製標本から、これまで大陸由来の個体でのみ報告されていたタイプであるGj8が検出された。しかし、この個体については、採集地点に曖昧な点があり、大陸由来である可能性も否定できない。

以上より、現在のタンチョウ北海道集団では、ミトコンドリアDNAにおける多様性は低く、また、過去約100年間において集団内の遺伝的組成及び多様性に大きな変化がないことが示唆された。これらの結果は、過去の個体数の大幅な減少により、ボトルネックを経験したためであると考えられる。これを検証するためには、ボトルネック以前と考えられるより古い年代のサンプル(出土骨等)を用いた解析を行う必要がある。

表(2)-5 タンチョウ剥製標本の作製年、採集地域及び、ミトコンドリア DNA ハプロタイプ

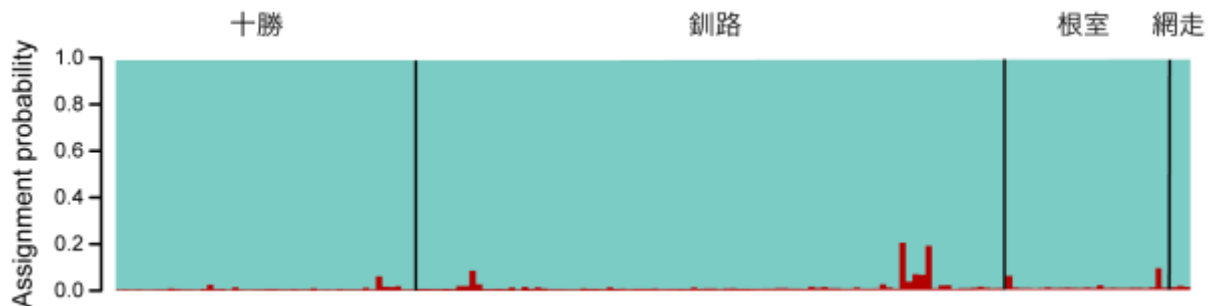
作製年代	採集地域	ハプロタイプ
1878	千歳	2
1927	釧路	2
1926–36	十勝	8
1960	釧路	2
1971	釧路	2
1983	—	2
1983	—	2
1983	—	1
1983	—	2
1986	釧路	2
1987	野付	2
1987	根室	2
1988	阿寒	2
1991	釧路	2
1992	阿寒	2
1997	—	1
1997	上川	13
2001	釧路	2

採集地域不明はハイフン(—)で示し、ハプロタイプはGj1の場合「1」と表記。

2) マイクロサテライトを用いた多様性解析

解析に用いた全153個体について、マイクロサテライト9遺伝子座すべての遺伝子型を決定することができた。STRUCTUREを用いたベイジアンクラスタリング解析の結果、遺伝的クラス

ターの数は $K = 1$ で最も高い尤度が得られ、北海道集団の全ての個体は一つの遺伝的クラスターにまとまることが示唆された。図(2)-7は、 $K = 2$ の場合のSTRUCTURE解析の結果を示し、この場合も、すべての個体が一つのクラスターに分配された。



図(2)-7 STRUCTURE解析による各個体の2つのクラスターへの分配確率

表(2)-6 マイクロサテライトによる遺伝的多様性

遺伝子座	十勝 (n = 46)				釧路 (n=84)				根室・網走(n=23)			
	Na	Ar	H_e	H_o	Na	Ar	H_e	H_o	Na	Ar	H_e	H_o
Gj-M8	3	2.87	0.45	0.49	3	2.73	0.42	0.42	3	3	0.27	0.13
Gj-11a	5	4.49	0.68	0.72	6	4.96	0.65	0.63	4	4	0.62	0.61
Gj-M13	4	3.49	0.64	0.75	5	3.55	0.66	0.61	3	3	0.67	0.57
Gj-M15	6	5.38	0.63	0.83	6	5.27	0.56	0.65	4	4	0.45	0.57
Gj-M34	3	3.00	0.56	0.23	3	3.00	0.57	0.39	3	3	0.60	0.17
Gj4066	6	4.97	0.71	0.77	8	5.79	0.68	0.72	6	6	0.66	0.74
Gj1303	2	2.00	0.44	0.47	2	2.00	0.34	0.33	2	2	0.48	0.57
Gpa33	6	5.48	0.66	0.60	9	6.29	0.66	0.69	4	4	0.50	0.57
Gpa34	5	4.36	0.53	0.38	7	5.33	0.65	0.57	5	5	0.69	0.61
平均	4.44	3.95	0.59	0.58	5.44	4.54	0.58	0.56	3.78	3.67	0.55	0.50
標準偏差	1.51	1.78	0.10	0.20	2.40	2.25	0.12	0.14	1.20	1.53	0.14	0.21

n : 解析サンプル数、Na : アリル数、Ar : アリル多様度、 H_e : ヘテロ接合度期待値、 H_o : ヘテロ接合度観察値。

各地域に特有な対立遺伝子は個体レベルでわずかしかな存在せず、アリル多様度やヘテロ接合度でも地域間で大きな差異はみられなかった(表(2)-6)。また、集団化の分化の程度を示す F_{ST} の値は、いずれの地域集団間の比較においても極めて低く、有意な値を示さなかった(表(2)-7)。これらの結果から、タンチョウ北海道集団においては、地理的な遺伝的構造はなく、画一的な遺伝的組成を有することがわかった。この理由として、過去の個体数減少にともない遺伝的多様性を消失し、少数の祖先から集団が回復したことによるボトルネック効果が示唆され、また、野外調査から推測される個体数の推移もこれを支持する。今後、タンチョウの大陸集団におい

て、同じプライマーを用いた研究を行うことで対立遺伝子の共有の有無や、遺伝的多様度の比較、また、集団間の遺伝的分化の程度の調べる事が可能である。大陸集団と北海道集団の比較はタンチョウの過去の集団の遺伝的背景の解明するうえで重要であろう。

表(2)-7 北海道内の地域間における遺伝的分化度 (F_{ST})

	十勝	釧路	根室・網走
十勝		0.05009	0.10979
釧路	0.00546		0.24136
根室・網走	0.00782	0.0036	

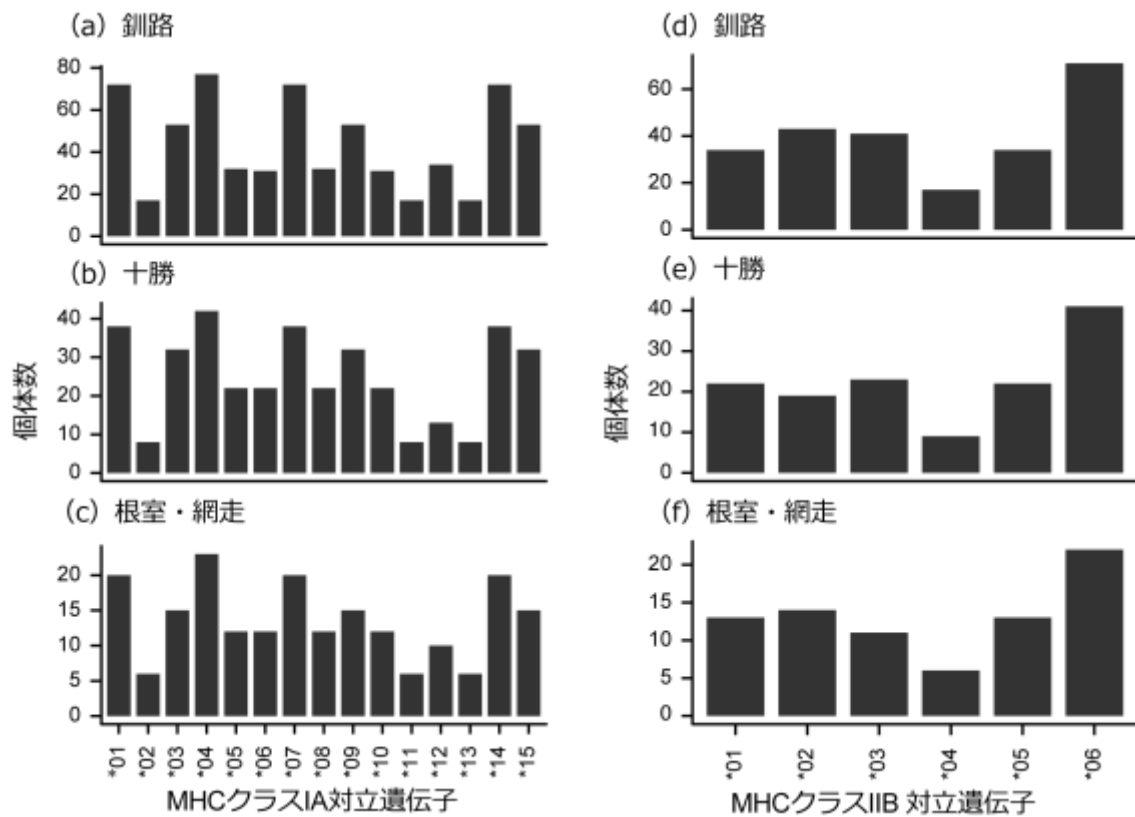
対角線の下が F_{ST} 値、上が P 値を示す。 F_{ST} 値は0から1の値をとり、集団間の遺伝的分化が大きいほど値は1に近づき、小さいほど値は0に近づく。

3) MHCを用いた多様性解析

次世代シーケンサーを用いた解析によって、解析に用いた153個体のうち、MHCクラスIA遺伝子については151個体、また、MHCクラスIIB遺伝子については全153個体で、高い精度で遺伝子型を決定することができた。

北海道集団全体で、MHCクラスIA遺伝子においては15種類の対立遺伝子が検出され、また、クラスIIB遺伝子においては6種類の対立遺伝子が検出された。1個体あたりの対立遺伝子数は、MHCクラスIA遺伝子で4-11種類、MHCクラスIIB遺伝子で2-4種類であった。このことから、タンチョウのゲノム中には、6遺伝子座以上のMHCクラスIA遺伝子、また、2遺伝子座のMHCクラスIIB遺伝子が存在することが示唆される。一般的な鳥類の野外集団においては、1遺伝子座から数百種類以上の対立遺伝子がみつかることも少なくないことから^{19), 20)}、これと比較して、タンチョウの北海道集団におけるMHCの多様性は非常に低いと考えられる。

図(2)-8は、3つの地域（釧路、根室、十勝）別に、MHCクラスIA、及び、クラスIIB遺伝子の各対立遺伝子の頻度を示したものである。いずれの遺伝子においても、地域間で対立遺伝子頻度に大きな差はみられなかったことから、タンチョウ北海道集団では、MHC遺伝子においても、遺伝的組成が均質化していることが明らかとなった。このことから、タンチョウ北海道集団では病原体に対する感受性が低下していることが示唆される。現在のタンチョウ北海道集団は、分布域が道東部の狭い範囲に限られている上に、高密度で生息しているため、高病原性の感染症等が発生した場合の集団の絶滅リスクが高いと考えられる。そのため、タンチョウの今後の保全活動においては、MHC遺伝子の多様性も考慮に入れた計画の策定が重要である。



図(2)-8 タンチョウ北海道集団における、MHCクラスIA (a-c) 及び、MHCクラスIIB遺伝子 (d-f) の対立遺伝子の地域別頻度分布。

5. 本研究により得られた成果

(1) 科学的意義

本研究開発により、シマフクロウ及びタンチョウの北海道集団について、現在から過去約100年間にわたる遺伝的組成・多様性の変遷を把握することができた。また、最新のシーケンス手法を取り入れた解析により、機能的に重要な遺伝子である、MHC遺伝子の多様性を集団レベルで解明することができた。本研究で新たに開発したプライマーは、他のフクロウ科、あるいは、ツル科鳥類にも応用可能であるため、本研究で用いたその他の解析手法は、他の希少野生動物の保全遺伝学的研究に応用されることが期待される。

(2) 環境政策への貢献

<行政が既に活用した成果>

本研究によって蓄積されたシマフクロウ北海道集団における遺伝的多様性に関する情報に基づいて、環境省の「シマフクロウ放鳥手順策定ワーキンググループ」において本研究成果の中間発表を行い、従来から重要視されてはいたものの議論する材料がなかった個体的人為的移動やつがい化の計画について、遺伝的要素の具体的な検討材料を提供し、放鳥手順策定の修正補完に重要な役割を果たした。

<行政が活用することが見込まれる成果>

シマフクロウ、および、タンチョウの今後の保全活動では、遺伝的多様性を考慮した人為的な移入・分散、および、飼育個体の野生復帰の実施が重要になると考えられる。本研究の成果は、これらを実施する上での、遺伝的要素の具体的な検討材料を提供するものであり、移動・分散計画の策定に貢献できる。

シマフクロウについては、地域間の遺伝的交流を促進することにより、集団内の遺伝的多様性が回復することが期待される。現時点では、比較的遺伝的多様性が高く個体数が多い知床集団をソースとして他の集団への人為的移動・分散を行うことが多様性向上・維持のために有効であるのではないかとと思われる。また、今後、地域間がつながるような森林の発達を促し、地域の分断化をなくすような対策が必要と考えられる。

タンチョウについては、現時点では、集団の分布域が狭い範囲に限られている上に、高密度で生息しているため、感染症等が発生した場合のリスクが大きいと考えられる。よって、まず、繁殖地や越冬地の分散化を図ることが重要であり、人為的な個体の移動を行う際には、供給源となる個体の地域性を考慮する必要はないと考えられる。

生息域外での種保存のために各飼育個体の遺伝的特徴を把握することが重要であり、本研究で開発された遺伝的多様性分析法及び個体識別法を適用することができる。さらに、飼育下で繁殖に参加させる個体を選定する際の生物学的指標は、本研究で得られた自然集団の遺伝的多様性データに基づいて検討していく必要がある。

6. 国際共同研究等の状況

以下の国際共同研究計画を進めている。

計画名：沿海地方におけるシマフクロウ・タンチョウの多様性に関する共同研究

カウンターパート：セルゲイ・スルマチ研究員、ロシア科学アカデミー生物土壤研究所、ロシア

参加・連携状況：平成24年12月に増田、甲山、表がウラジオストックにあるロシア科学アカデミー生物土壤研究所を訪問し、スルマチ研究員と研究打ち合わせを行うとともに、土壤生物研究所、ロシア極東大学博物館等において鳥類標本の調査を行った。また、北海道大学大学院理学研究院とロシア科学アカデミー生物土壤研究所間の研究協力に関する協定を締結した。現在、ロシア産サンプルのDNA分析を北海道大学で行うため、サンプルの輸送手続きを進めている。

国際的位置づけ：シマフクロウ及びタンチョウは世界でも極東地域にのみ生息する大型鳥類であり、その多様性に関する研究はこれまで行われておらず、本研究は新しい知見をもたらすものと期待できる。

7. 研究成果の発表状況

(1) 誌上发表

<論文（査読あり）>

- 1) K. OMOTE, C. NISHIDA, M.H. DICK and R. MASUDA: Mol. Phylogenet. Evol., 66, 889-897 (2013)
 “Limited phylogenetic distribution of a long tandem-repeat cluster in the mitochondrial control region in *Bubo* (Aves, Strigidae) and cluster variation in Blakiston’s fish owl (*Bubo blakistoni*)”
- 2) T. I. KOHYAMA, K. OMOTE, C. NISHIDA, T. TAKENAKA, K. SAITO, S. FUJIMOTO, R. MASUDA: Zoological Lett., 1, 13 (2015)
 “Spatial and Temporal Variation at Major Histocompatibility Complex Class IIB Genes in the Endangered Blakiston’s Fish Owl.”
- 3) K. OMOTE, C. NISHIDA, T. TAKENAKA, K. SAITO, R. SHIMAMURA, S. FUJIMOTO, T. SATO, R. MASUDA: Zoological Lett., 1, 16 (2015)
 “Recent Fragmentation of the Endangered Blakiston’s Fish Owl (*Bubo blakistoni*) Population on Hokkaido Island, Northern Japan, Revealed by Mitochondrial DNA and Microsatellite Analyses.”

<査読付論文に準ずる成果発表>

特に記載すべき事項はない。

<その他誌上发表（査読なし）>

特に記載すべき事項はない。

(2) 口頭発表（学会等）

- 1) 表溪太、西田千鶴子、Matthew Dick、増田隆一：日本動物学会北海道支部第57回大会（2012）
 「シマフクロウの系統的位罫およびミトコンドリアDNAコントロール領域における巨大な反復配列の進化」
- 2) 表溪太、西田千鶴子、竹中健、齋藤慶輔、志村良治、増田隆一：日本鳥学会2012年度大会（2013）
 「絶滅危惧種シマフクロウにおける遺伝的多様性および集団構造の変遷」
- 3) 秋山拓哉、甲山哲生、西田千鶴子、大沼学、百瀬邦和、志村良治、増田隆一：日本動物学会北海道支部第58回大会（2013）
 「マイクロサテライト解析によるタンチョウ北海道集団の遺伝的多様性」
- 4) 甲山哲生、表溪太、西田千鶴子、竹中健、増田隆一：日本動物学会北海道支部第58回大会（2013）
 「次世代シーケンサーによるシマフクロウMHCのジェノタイプング」
- 5) 表溪太、西田千鶴子、竹中健、齋藤慶輔、志村良治、藤本智、佐藤孝雄、増田隆一：日本鳥学2013年度大会（2013）
 「集団遺伝学的解析によるシマフクロウ個体群の歴史的変遷」
- 6) 表溪太、西田千鶴子、竹中健、齋藤慶輔、志村良治、藤本智、佐藤孝雄、増田隆一：

- 日本動物学会第84回岡山大会（2013）
「mtDNA分析によるシマフクロウの集団構造変遷の解明」
- 7) 甲山哲生, 表溪太, 西田千鶴子, 竹中健, 増田隆一：日本動物学会第84回岡山大会（2013）
「パイロシーケンシング法を用いた絶滅危惧種シマフクロウの主要組織適合遺伝子複合体（MHC）の多様性解析」
- 8) 甲山哲生, 秋山拓哉, 表溪太, 西田千鶴子, 竹中健, 大沼学, 百瀬邦和, 増田隆一：
日本生態学会第61回大会(2014)
「シマフクロウとタンチョウにおける主要組織適合遺伝子複合体(MHC)の多様性評価」
- 9) 秋山拓哉, 甲山哲生, 大沼学, 百瀬邦和, 増田隆一：日本動物学会北海道支部第59回大会
(2014)
「タンチョウ剥製標本のミトコンドリアDNA解析」
- 10) 秋山拓哉, 甲山哲生, 西田千鶴子, 大沼学, 百瀬邦和, 増田隆一：日本動物学会第85回
仙台大会（2014）
「タンチョウにおけるミトコンドリアDNAの遺伝的多様性と重複」
- 11) 甲山哲生, 秋山拓哉, 西田千鶴子, 大沼学, 百瀬邦和, 増田隆一：日本動物学会第85回
仙台大会（2014）
「ツル目におけるMHC class IIB遺伝子の多型と進化」
- 12) R. MASUDA：Vth International Wildlife Management Congress, Sapporo, Japan, 2015
“Historical changes of genetic diversity in the Blakiston's fish owl and red-crowned crane populations
on Hokkaido”（アブストラクト提出済み）
- 13) K. OMOTE：Vth International Wildlife Management Congress, Sapporo, Japan, 2015
“Fragmentation of the endangered Blakiston's fish owl (*Bubo blakistoni*) population on Hokkaido
revealed by genetic analyses on museum samples”（アブストラクト提出済み）
- 14) T. AKIYAMA：Vth International Wildlife Management Congress, Sapporo, Japan, 2015
“Population Genetic Analyses of Microsatellites and Major Histocompatibility Complex (MHC)
Genes in the Endangered Red-crowned Crane on Hokkaido, Japan”（アブストラクト提出済み）

（3）出願特許

特に記載すべき事項はない。

（4）「国民との科学・技術対話」の実施

- 1) 市民向けシンポジウム「最新技術による動物の進化と歴史の探求」（主催：公益社団法人
日本動物学会北海道支部、2013年5月25日、北海道大学総合博物館、観客64名）にて講演
- 2) 市民向けシンポジウム「シマフクロウ・タンチョウを指標とした生物多様性保全：北海道
の過去・現在・未来」，2015年2月11日，北海道大学学術交流会館（札幌市）（主催：北海道大
学大学院農学研究院・タンチョウ保護研究グループ・北海道大学大学院理学研究院・北海道大
学大学院地球環境科学研究院、2015年2月11日、北海道大学学術交流会館、観客約200名）にて
講演

(5) マスコミ等への公表・報道等

- 1) NHK土曜プラス「シマフクロウふえたけれど」（平成24年12月1日、シマフクロウの遺伝子分析成果を含めて8分ほど紹介）
- 2) 北海道新聞（2014年5月1日、夕刊、半頁、「シマフクロウ 薄れる多様性」）
- 3) NHKニュース：ほっとニュース北海道（2015年3月25日、シマフクロウ保護に新しい力、サブテーマ1、サブテーマ2、サブテーマ4のシマフクロウ研究を統合した成果を4分ほど紹介）
- 4) 北海道新聞（2015年4月20日、夕刊、「シマフクロウ、タンチョウ道内の生息環境探る」）

(6) その他

特に記載すべき事項はない。

8. 引用文献

- 1) R. FRANKHAM, J. D. BALLOU, D. A. BRISCOE: Introduction to Conservation Genetics. Cambridge University Press, Cambridge, UK (2010)
- 2) D. SPIELMAN, B. W. BROOK, D. A. BRISCOE, R. FRANKHAM: Conserv. Genet., 5, 439–448, (2004)
“Does Inbreeding and Loss of Genetic Diversity Decrease Disease Resistance?”
- 3) J. C. AVISE: Phylogeography. Harvard University Press, Cambridge, MA, USA (2000)
- 4) J. KLEIN: Natural History of the Major Histocompatibility Complex. John Wiley & Sons, New York, NY, USA (1986)
- 5) J. RADWAN, A. BIEDRZYCKA, W. BABIK: Biol. Conserv., 143, 537–544 (2010)
“Does Reduced MHC Diversity Decrease Viability of Vertebrate Populations?”
- 6) Y. HAYASHI: J. Yamashina. Inst. Ornithol. 31, 45–61 (1999)
“Past and Present Distribution of Blakiston’s Fish Owl (*Ketupa blakistoni*) in Hokkaido, Japan – Based Upon Museum Specimens –”
- 7) T. TAKENAKA: Doctoral dissertation, Hokkaido University, Sapporo, Japan (1998)
“Distribution, Habitat Environments, and Reasons for Reduction of the Endangered Blakiston’s Fish Owl in Hokkaido, Japan.”
- 8) K. OMOTE, C. NISHIDA, T. TAKENAKA, R. MASUDA: Zoolog. Sci., 29, 299–304 (2012)
“Temporal Changes of Genetic Population Structure and Diversity in the Endangered Blakiston’s Fish Owl (*Bubo blakistoni*) on Hokkaido Island, Japan, revealed by microsatellite analysis.”
- 9) C. D. MEINE, G. W. ARCHIBALD (Eds.): The Cranes: Status Survey and Conservation Action Plan. IUCN. Gland, Switzerland and Cambridge, UK (1996)
- 10) O. HASEGAWA, S. TAKADA, M. C. YOSHIDA, S. ABE: Zoolog. Sci., 16, 4, 685–692 (1999)
“Variation of Mitochondrial Control Region Sequences in Three Crane Species, the Red-Crowned Crane *Grus japonensis*, the Common Crane *G. grus* and the Hooded Crane *G. monacha*”
- 11) Y. MIURA, A. SHIOMI, J. SHIRAISHI, K. MAKITA, M. ASAKAWA, T. KITAZAWA, H. TERAOKA: J. Vet. Med. Sci., 75, 43–47 (2013)
“Large-Scale Survey of Mitochondrial D-loop of the Red-crowned Crane *Grus japonensis* in

- Hokkaido, Japan by Convenient Genotyping Method. ”
- 12) R. BURRI, H. NICULITA-HIRZEL, A. ROULIN, L. FUMAGALLI: *Immunogenetics*, 60, 543–550 (2008)
 “Isolation and Characterization of Major Histocompatibility Complex (MHC) Class II B Genes in the Barn Owl (*Aves: Tyto alba*).”
 - 13) R. BURRI, H. N. HIRZEL, N. SALAMIN, A. ROULIN, L. FUMAGALLI: *Mol. Biol. Evol.*, 25, 1180–1191 (2008)
 “Evolutionary Patterns of MHC Class II B in Owls and Their Implications for the Understanding of Avian MHC Evolution. ”
 - 14) M. ALCAIDE, S. V. EDWARDS, L. CADAHÍA, J. J. NEGRO: *Conserv. Genet.*, 10, 1349–1355 (2008)
 “MHC Class I Genes of Birds of Prey: Isolation, Polymorphism And Diversifying Selection. ”
 - 15) S. A. PAVEY, M. SEVELLEC, W. ADAM, E. NORMANDEAU, F. C. LAMAZE, P.-A. GAGNAIRE, M. FILTEAU, F. O. HEBERT, H. MAAROUFI, L. BERNATCHEZ: *Mol. Ecol.*, 22, 3833–3849 (2013)
 “Nonparallelism in MHCII β Diversity Accompanies Nonparallelism in Pathogen Infection of Lake Whitefish (*Coregonus clupeaformis*) Species Pairs As Revealed by Next-Generation Sequencing.”
 - 16) H. ZOU, H. DONG, W. KONG, J. MA, J. LIU: *Anim. Sci. J.*, 81, 519-522 (2010)
 “Characterization of 18 Polymorphic Microsatellite Loci in the Red-crowned Crane (*Grus japonensis*), an Endangered Bird.”
 - 17) O. HASEGAWA, Y. ISHIBASHI, S. ABE: *Mol. Ecol.*, 9, 1677-1678 (2000)
 “Isolation and Characterization of Microsatellite Loci in the Red-crowned Crane *Grus japonensis*. ”
 - 18) R. BURRI, M. PROMEROVÁ, J. GOEBEL, L. FUMAGALLI: *Mol. Ecol. Resour.*, 14, 778–788 (2014)
 “PCR-based Isolation of Multigene Families: Lessons From the Avian MHC Class IIIB.”
 - 19) M. ALCAIDE, S. V. EDWARDS, J. J. NEGRO, D. SERRANO, J. L. TELLA: *Mol. Ecol.*, 17, 2652–2665 (2008)
 “Extensive Polymorphism and Geographical Variation at a Positively Selected MHC Class II B Gene of the Lesser Kestrel (*Falco naumanni*).”
 - 20) M. ALCAIDE, J. MUÑOZ, J. MARTÍNEZ-de la PUENTE, R. SORIGUER, J. FIGUEROLA: *Ecol. Evol.*, 4, 688–698 (2014).
 “Extraordinary MHC Class II B Diversity in a Non-passerine, Wild Bird: the Eurasian Coot *Fulica atra* (*Aves: Rallidae*). ”
 - 21) S. HEBER, J. V. BRISKIE: *Conserv. Biol.*, 24, 1674–1678 (2010)
 “Population Bottlenecks and Increased Hatching Failure in Endangered Birds. ”
 - 22) G. ATHRE, K. R. BARR, R. F. LANCE, P. L. LENBERG: *Evol. Appl.*, 5, 540–552 (2012)
 “Birds in Space and Time: Genetic Changes Accompanying Anthropogenic Habitat Fragmentation in the Endangered Black-capped Vireo (*Vireo atricapilla*). ”
 - 23) J. A. JOHNSON, M. R. BELLINGER, J. E. TOEPFER, P. DUNN: *Mol. Ecol.*, 13, 2617-2630

- (2004)
“Temporal Changes in Allele Frequencies and Low Effective Population Size in Greater Prairie-chickens. ”
- 24) F. HAILER, B. HELANDER, A. O. FOLKESTAD, S. A. GANUSEVICH, S. GARSTAD, P. HAUFF, C. KOREN, T. NYGARD, V. VOLKE, C. VILA, H. ELLEGREN: *Biol Lett.*, 2, 316–319 (2006)
“Bottleneck But Long-lived: High Genetic Diversity Retained in White-tailed Eagles upon Recovery from Population Decline. ”
- 25) B. C. MARTINEZ, J. A. GODOY, J. J. NEGRO: *Mol. Ecol.*, 16, 477–486 (2007)
“Population Fragmentation Leads to Spatial and Temporal Genetic Structure in the Endangered Spanish Imperial Eagle. ”
- 26) L. F. KELLER, D. M. WALLER: *Trends Ecol. Evol.* 17, 230–241 (2002)
“Inbreeding Effects in Wild Populations. ”
- 27) Y. MIURA, J. SHIRAISHI, A. SHIOMI, T. KITAZAWA, T. HIRAGA, F. MATSUMOTO, H. MASATOMI: *J. Vet. Med. Sci.*, 75, 1241 (2013)
“Origin of Three Red-crowned cranes *Grus japonensis* Found in Northeast Honshu and West Hokkaido, Japan, from 2008 to 2012. ”

(3) 指標種としての有効性解析

北海道大学大学院地球環境科学研究院 小泉 逸郎

<研究協力者>

北海道大学大学院農学研究院	山浦悠一（現・独立行政法人森林総合研究所）・ 比嘉基紀（現・高知大学教育研究部自然科学系理学部門）
北海道大学大学院環境科学院	外山雅大（平成24年度のみ）・高屋浩介（平成24年度のみ）・ 金澤友紀代（平成24～25年度）・油田照秋（平成25～26年度）・ 乃美大佑（平成25～26年度）・福井翔（平成25～26年度）・ 山田健太郎（平成26年度のみ）
北海道大学大学院農学院	豊島悠哉（平成24年度のみ）・吉井千晶（平成25年度のみ）・ 藪原佑樹（平成25年度のみ）・先崎理之（平成25年度のみ）・ 下川部歩真（平成25年度のみ）

地方独立行政法人北海道立総合研究機構
環境・地質研究本部 環境科学研究センター 小野理

平成24～26年度累計予算額：8,770千円（うち、平成26年度予算額：2,894千円）

予算額は、間接経費を含む。

[要旨]

絶滅危惧種のシマフクロウとタンチョウは、北海道の豊かな河川水辺・森林生態系を内包する地域を生息地とする鳥類で、市民から高い関心を集めるカリスマ種である。両種はともに、それぞれを保全することで他の多くの種も同時に保全することができるアンブレラ種と考えられているものの、これまで科学的な検証は限られている。そこで本研究では、シマフクロウとタンチョウの指標種としての有効性を明らかにすることを目的として、まず北海道の生物多様性データの収集・整理を行った。北海道における鳥類多様性マップを作成するため、市民によって収集されたデータで、解析に適しているものの調査努力量が地理的に偏っている北海道生物多様性データベースを用いて、詳細なモデル解析を実施して、調査努力量の地理的偏りの補正について検討を行った。さらに、サブテーマ1より提供されたシマフクロウとタンチョウの繁殖地点の分布情報と一般鳥類の多様性マップをもとに、両種のアンブレラ種としての有効性について検討を行った。多くの観察データが集められている鳥類の普通種を対象に調査努力量の地理的偏りを考慮しないロジスティック回帰モデルで分布推定を行った結果、森林性鳥類の出現確率は、生息すると考えられる山地の森林では低かったのに対し、観察データが多く集められている都市周辺では高かった。一方、観察プロセスを考慮することによって、調査努力量の地理的偏りを補正することが可能であることが明らかとなった。アンブレラ種としての有効性を解析した結果、両種ともに繁殖地のほうが非繁殖地よりも一般鳥類の種数は多かった。しかし、指標種として有効な種群が、2種で異なったことから、両種のハビタットをそれぞれ保全・再生することが、北海道内で繁殖する森林性及び草地・湿地性の鳥類全体の保全に寄与することが示された。

[キーワード]

カリスマ種、指標種、アンブレラ種、市民データ、調査努力量の地理的偏り

1. はじめに

近年、世界的規模で生態系への人為的インパクトの増加と生物多様性の減少が進行している。土地利用の変化に代表される人為的インパクトは、気候変動と同様に生物多様性の喪失をもたらす主要な要因である。人為的インパクトは年々増加傾向にあり、今後も生物多様性の減少が地球規模で進行すると考えられていることから、効果的な野生生物の保全手法の開発が全世界的な課題となっている。

生物多様性を保全するための一手法として、保全上重要な生物多様性の高い地域を特定・保護することが挙げられる。しかし、その基礎となる生物多様性の空間分布、生育地の環境に関する情報は多くの地域で不足している。このため、希少性あるいは神秘性を備えた大型哺乳類や鳥類などの特定のカリスマ種を代替的に保全することで生物多様性を保全するという考え方が注目されるようになった¹⁾。これら大型種は生息に広大なハビタットを必要とするため、その保全が他種の保全に寄与すると期待される。カリスマ種は、市民の関心も高く、また保全活動に必要な資金の確保も比較的容易なため、土地所有者・管理者、行政機関、NGOにも受け入れられ、長きにわたって自然環境保全の中核を担ってきた。しかし、カリスマ種は、生物多様性の代理種としての科学的な裏付けが十分なされないまま保全で利用されてきた。

近年、カリスマ種の代理種あるいはアンブレラ種としての有効性が検証されるようになり、期待通りカリスマ種の生息地では他の分類群の多様性が高いという結果が報告されている一方で、その有効性に疑義が投げかけられている。カリスマ種は、世間の関心や保全に必要な資金を集める能力に長けているため、効果的な保全プランを立案するために、カリスマ種が有効に機能する条件を解明することが重要な課題となっている。

カリスマ種の代理種としての有効性を検討するためには、広域スケールにおけるカリスマ種のハビタット及び比較対象となる生物の多様性の空間分布を明らかにする必要がある。しかし、一般に保全上の関心がそれほど高くない生物（普通種）の分布に関する情報は限られている。近年、この課題を解決する糸口として、市民が日常的に集めている観察データ（市民データ、市民生態学とも呼ばれる）に注目が集まっている²⁾。一人あるいは少数の研究者グループでは、短期間で収集できる地理的範囲・分類群が限られているものの、多くの市民の協力を得ることで広範囲・多分類群をカバーすることができる。近年、世界各地で市民参加型の生物分布調査が実施されるようになった。身近な例では、高知県植物誌（高知県・高知県牧野記念財団、2009）も350名をこえるボランティアの協力により出版されたほか、環境省も2013年10月15日よりオンライン生物情報収集・提供システム「いきものログ」（<http://ikilog.biodic.go.jp/>）を運用している（2014年7月8日現在 4,328,038件）。

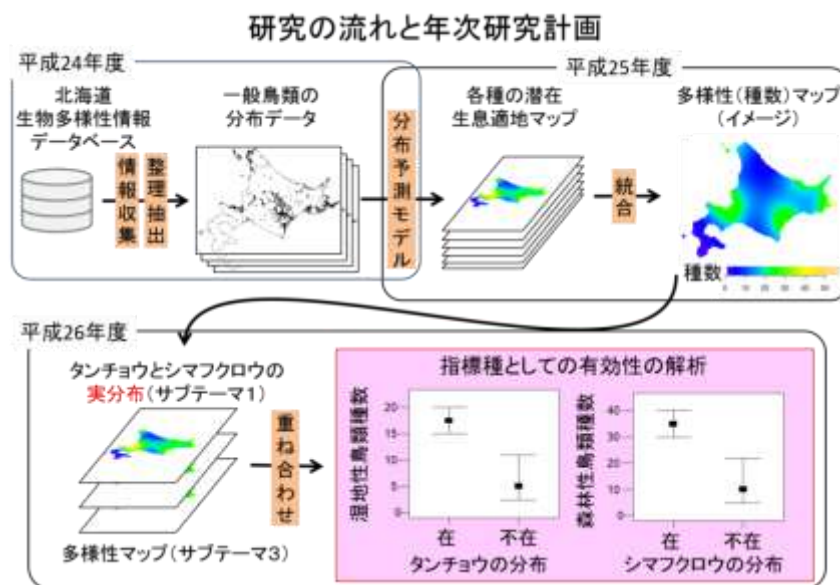
生物学・博物学における市民の重要性が再認識される一方で、データには大きく二つの問題点あることが指摘されている²⁾。ひとつは、市民によって生物の同定能力が異なるため、個々のデータの質が全体で均一ではないことである。もうひとつは、調査地点の選定が計画的ではないため、調査地がアクセスの容易な場所（市街地周辺）や既知のホットスポットに偏り、山地のデータが

限られること（調査努力量の地理的偏り）である。この市民データの二つの問題点をどのように解決するかが、データを活用する上での課題となっている。

市民データの特徴のひとつに、同一の地点で複数回の調査・観察が行われることがある。一般に、野外では生物の生息に好適な環境（ハビタット）であっても、生物の行動、季節、気象などの影響により生物を毎回必ず観察できるわけではない。すなわち、生物の発見確率（ p ）は通常1より小さいので、本来は生息する環境に調査・観察に行っても、誤って不在・非観察（不完全な発見）とされてしまう^{3),4)}。さらに、山地では調査努力量が小さく、くわえて地形が急峻で見通しも悪いため、同様の事例が増加する。市民データの特徴である同一地点での観察された・されなかったという観察履歴を用いることにより、発見確率（ p ）の推定が可能となる。このため、不完全な発見を考慮することで、調査努力量が地理的に偏った市民データの補正ができる可能性がある。

2. 研究開発目的

絶滅危惧種のシマフクロウとタンチョウは、北海道の豊かな河川水辺・森林生態系を内包する地域を生息地とする鳥類で、市民から高い関心を集めるカリスマ種である。両種はともに、それぞれを保全することで他の多くの種も同時に保全することができるアンブレラ種と考えられているものの、これまで科学的な検証は限られている。そこで本研究では、シマフクロウとタンチョウの指標種としての有効性を明らかにすることを目的として、まず北海道の生物多様性データの収集・整理を行った（平成24年度）。北海道における鳥類多様性マップを作成するため、市民によって収集されたデータで、解析に適しているものの調査努力量が地理的に偏っている北海道生物多様性データベースを用いて、詳細なモデル解析を実施して、調査努力量の地理的偏りの補正について検討を行った（平成25年度）。さらに、サブテーマ1より提供されたシマフクロウとタンチョウの繁殖地点の分布情報と平成25年度に作成した一般鳥類の多様性マップをもとに、両種のアンブレラ種としての有効性について検討を行った（平成26年度）。図(3)-1に研究の流れと年次計画を示す。



図(3)-1. 研究の流れと年次計画

3. 研究開発方法

(1) 既存生物多様性データの収集・整理

北海道内の生物多様性データの収集・整理は、北海道立総合研究機構 環境・地質研究本部 環境科学研究センターの協力のもと行った。同センターでは、北海道の陸生生物（植物、哺乳類、鳥類、両生・爬虫類、魚類、陸生昆虫類、水生昆虫類）を対象とする野生生物分布データベースの開発を進めており、2009年時点で約240万件以上の分布データが登録されている。タンチョウとシマフクロウの指標種としての有効性解析に利用可能なデータを抽出するため、各分類群についてデータの登録件数と登録地点の分布状況、調査者、調査方法などの確認を行った。

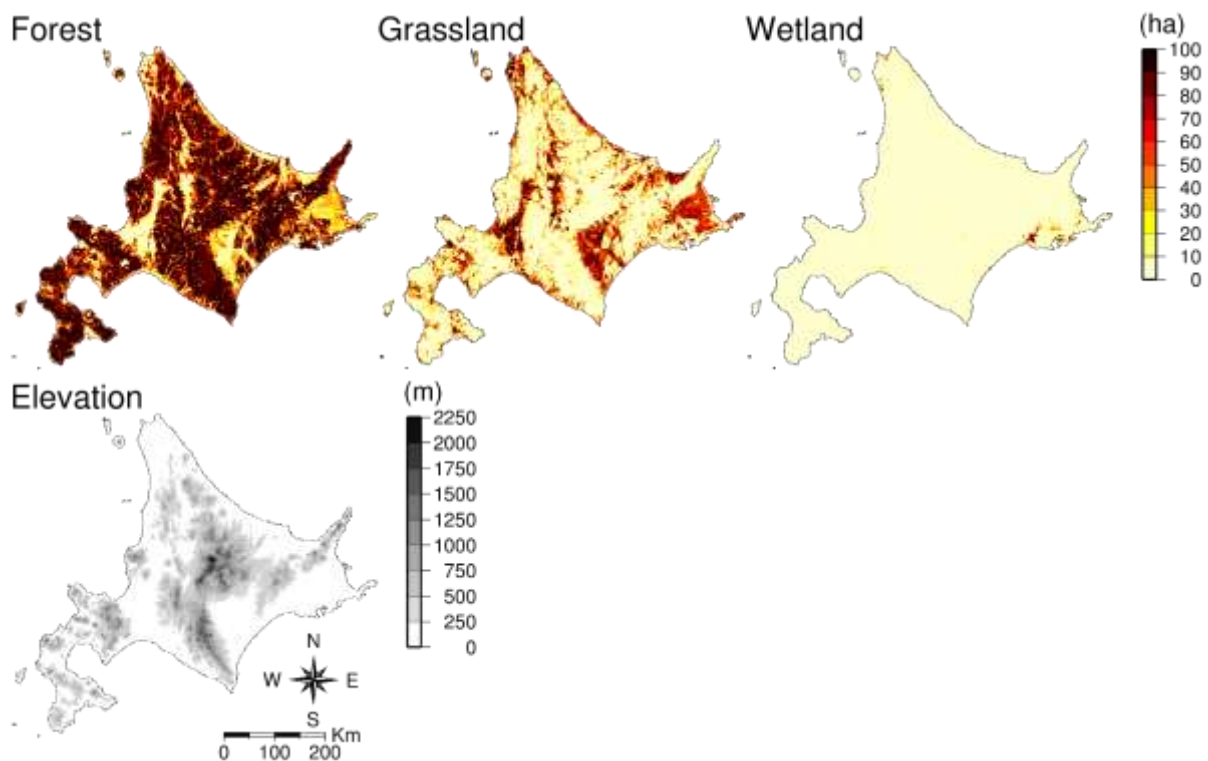
(2) 一般化線形モデルやベイズ等を用いた予備解析

道内に生息する森林及び湿地・草地性鳥類の普通種を対象に、分布予測の予備解析を実施した。まず、一般化線形モデル (GLM) のロジスティック回帰モデル (Logistic regression model) により調査努力量を考慮しないモデルを構築して分布予測を行った。説明変数には、森林・草地・湿地の面積と標高を使用した (図(3)-2)。応答変数 (分布データ) には、観察されなかった場所を分布しない地点と仮定した Presence-Absence データと、在データには観察された地点を使用し、不在データには道内全域にランダムに発生させた300地点を使用する Presence-only データの2種類を用いた。これらのモデルは、一般的な観察プロセスを考慮しない手法で、以下のように生物の占有確率 (ψ_{ij}) は環境要因 (\mathbf{X}_j) のみで決まるとするモデルである。

$$y_{ij} \sim \text{Bernoulli}(\psi_{ij})$$

$$\text{logit}(\psi_{ij}) = \beta_{int_i} + \beta_{cov_i} \times \mathbf{X}_j$$

このとき、 y_{ij} は種 i の観察記録 (観察: 1, 非観察: 0)、 β_{int_i} は切片、 β_{cov_i} は回帰係数のベクトル、 \mathbf{X}_j は地点 j における環境変数のベクトルである。Presence-Absence データを用いたモデル (GLM-PA) と Presence-only データを用いたモデル (GLM-PO) で分布予測を行い、種間で結果を比較した。



図(3)-2. 解析に用いた環境変数

(3) 整理されたデータをもとに詳細なモデル解析を実施

一般に、生物の記録率は調査努力量に依存し、限られた調査努力量または観察しづらい条件では、本来は生物が生息していても発見（記録）されにくい。そこで、野生生物分布データベース（鳥類）をもとに、道内の一般鳥類75種（森林性52種、草地・湿地性23種）を対象に、調査時の観察プロセスを考慮したモデル（発見確率モデル）と従来の観察プロセスを考慮しないモデル（P0モデル）を構築して結果を比較し、観察プロセスを考慮することで調査努力量の地理的偏りが補正されるか検討を行った。解析に用いた森林性鳥類の分布は、森林面積と標高により推定した。草地・湿地性鳥類の分布は、草地面積、湿地面積と標高により推定した（図(3)-2）。

P0モデルは、在データのみを用いたロジスティック回帰モデルで構築した。観察データを地点ごとに集計し、1回でも観察されていれば在データとした。擬似不在データには道内全域からランダムに抽出した300地点を使用した。これらのデータを用いて1000回のシミュレーションを行った。

発見確率モデルは、ロジスティック回帰モデルを拡張したモデルで、生物の出現確率は、環境要因と発見確率によって決まる（好適な環境でも限られた調査努力量では観察されにくい）とするモデルである。各種の出現確率は、群集全体を一括して解析するモデル（Multispecies occupancy model）を用いて推定した。

$z_{ij} \sim \text{Bernoulli}(\psi_{ij})$

$\text{logit}(\psi_{ij}) = \beta_{int}i + \beta_{cov}i \times X_j$

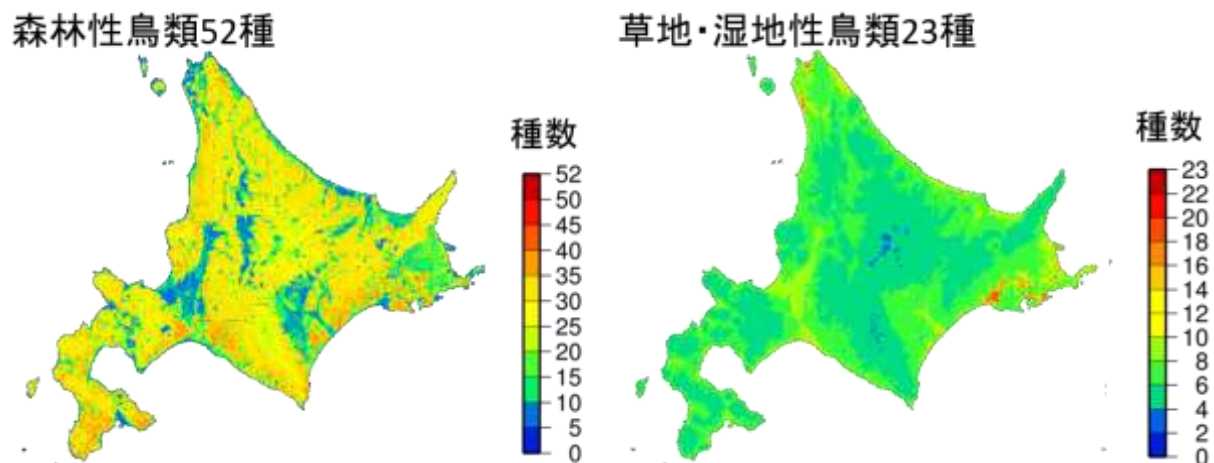
$$y_{ijt} \sim \text{Bernoulli}(z_{ij} \times p_{ijt})$$

$$\text{logit}(p_{ijt}) = \beta_{obs_i} \times V_{ijt}$$

このとき、 z_{ij} は種 i の占有状態（占有：1，非占有：0）、 β_{int_i} は切片、 β_{cov_i} は回帰係数のベクトル、 \mathbf{X}_j は地点 j における環境変数のベクトルである。 y_{ijt} は種 i の t 回目の観察時の記録（観察：1，非観察：0）、 p_{ijt} は地点 j における t 回目の観察時の調査方法のときの発見確率、 β_{obs_i} は回帰係数のベクトル、 V_{ijt} は地点 j における t 回目の観察時の調査方法である。P0モデルと発見確率モデルで分布予測を行い、種間で結果を比較した。

（４）指標種としての有効性解析

サブテーマ1より提供されたシマフクロウとタンチョウの繁殖地点データと平成25年度に作成した鳥類の種数マップ（図(3)-3，森林性52種、草地・湿地性23種）をもとに、両種のアンプレラ種としての有効性について検討した。解析では、基本地域メッシュ（1 km×1 km 解像度）で作成した、繁殖地点データと種数マップを重ね合わせ、両種の繁殖・非繁殖地における森林性及び草地・湿地性の一般鳥類の種数を比較し、 t 検定により統計的有意性について検討を行った。解析範囲は、タンチョウ・シマフクロウともに長期モニタリングにより両カリスマ種の営巣地がほぼ把握できている道東の一部地域で行った。



図(3)-3. 平成25年度に作成した発見確率モデルによる森林性鳥類（52種）と草地・湿地性鳥類（23種）の種数予測マップ

4. 結果及び考察

（１）既存生物多様性データの収集・整理

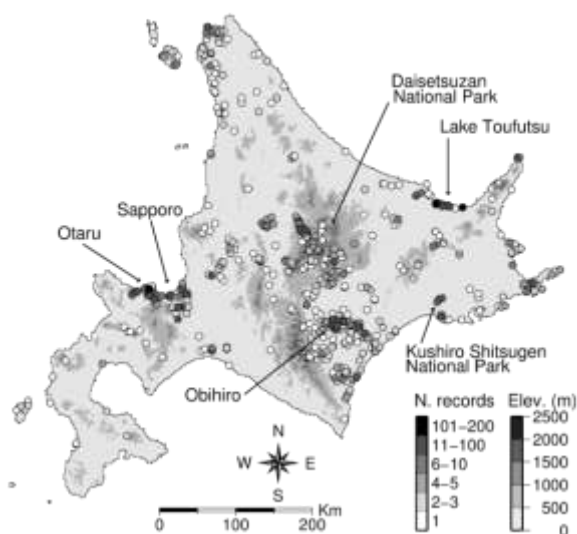
野生生物分布データベースに登録されている鳥類データは、他の分類群（植物、哺乳類、鳥類、両生・爬虫類、魚類、陸生昆虫類、水生昆虫類）に比べて確認種数・観察地点数ともに充実していた（表(3)-1）。タンチョウとシマフクロウと同じ分類群に属することからも、鳥類データはタ

ンチョウとシマフクロウの指標種としての有効性解析に利用可能であると判断された。一方、他の分類群については利用できるデータが不足しており現段階で指標性解析に用いるのは難しいことが明らかとなった。

表(3)-1 野生生物分布データベースに登録されている各分類群のデータ数

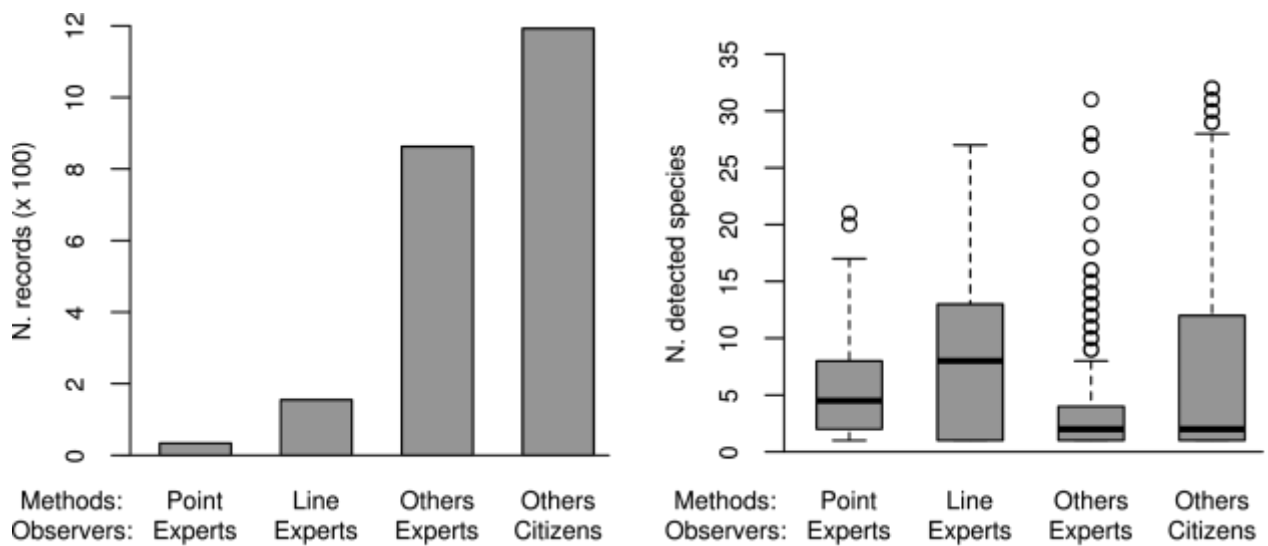
	データ件数	記録種数	1種あたりのデータ件数
植物	1,148,907	5,095	225.5
哺乳類	19,247	57	377.7
鳥類	706,179	494	1429.5
両生・爬虫類	3,583	23	155.8
魚類	104,619	317	330.0
陸生昆虫類	87,155	4,588	19.0
水生昆虫類	329,866	2,224	148.3

野生生物分布データベース（鳥類）2012年7月版には、出版物（論文・報告書等）をデジタル化した文献データが247,661件（82.6%）、協力者の調査票をデジタル化した調査票データが52,176件（17.4%）、合計299,841件の情報が登録されていた。全データの4～5割は野鳥の会支部会刊物の情報（市民観察データ）であった。同鳥類データより、（1）1km解像度で観察場所が特定されている、（2）1回の調査日数が1日である、（3）海鳥と冬鳥を除いたデータ（登録件数31,193、観察メッシュ数1,135、対象種数142）を抽出した。観察地点の空間分布を精査した結果、情報は野鳥の会支部会の所在地周辺に偏っており、山地のデータが不足していた。特に、道南と留萌・上川・日高地方のデータが少なかった（図(3)-4）。このことから、調査努力量の地理的偏りを考慮した解析が必要である可能性が高いことが明らかとなった。



図(3)-4 野生生物分布データベース（鳥類）に登録されている観察記録の分布とデータ件数

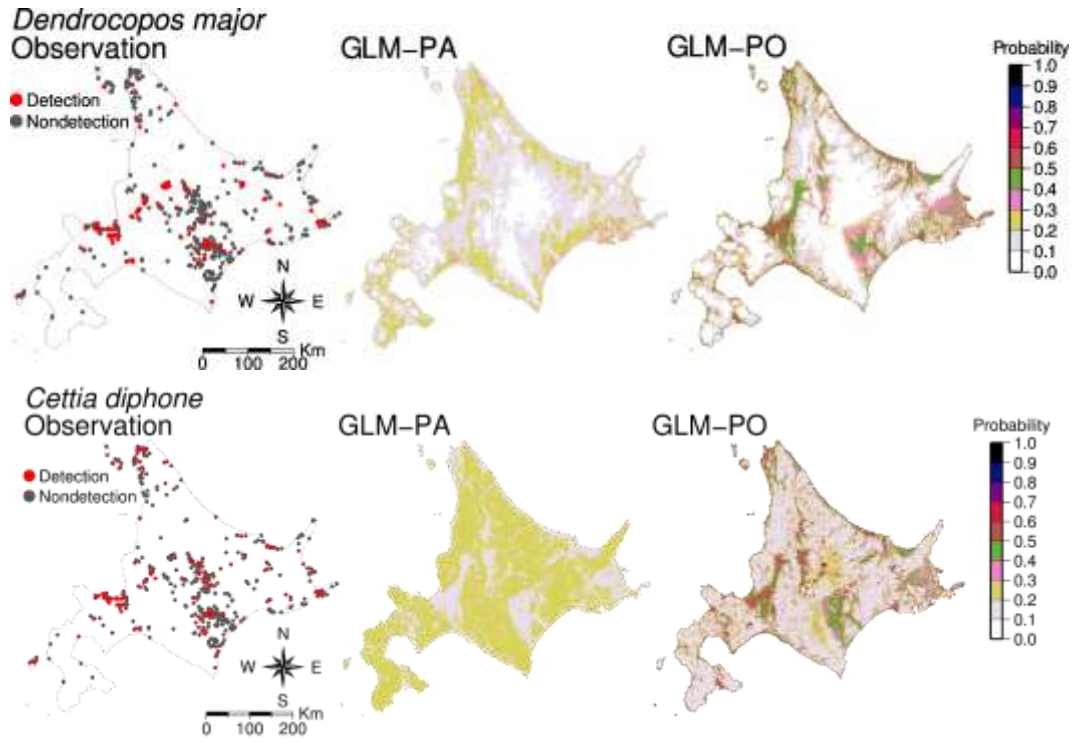
調査1回あたりの観察種数を調査者（市民、その他）、調査方法（ポイントセンサス、ラインセンサス、その他）別に整理した結果、調査者、調査方法によって観察種数が異なることが明らかとなった（図(3)-5）。調査方法別では、ポイントセンサスは他の方法に比べて観察種数が少なかった。調査者別では、市民観察データのほうが、その他の調査者よりも1回の調査あたりの観察種数が多い傾向にあった。市民観察データは低標高域の都市周辺に多く、またポイントセンサスは山地で比較的多く行われていた。このように明瞭な傾向がみられたことから、調査者と調査方法を明示的に解析に組み込むことにより、調査努力量の違うデータでも十分に利用できると思われる。



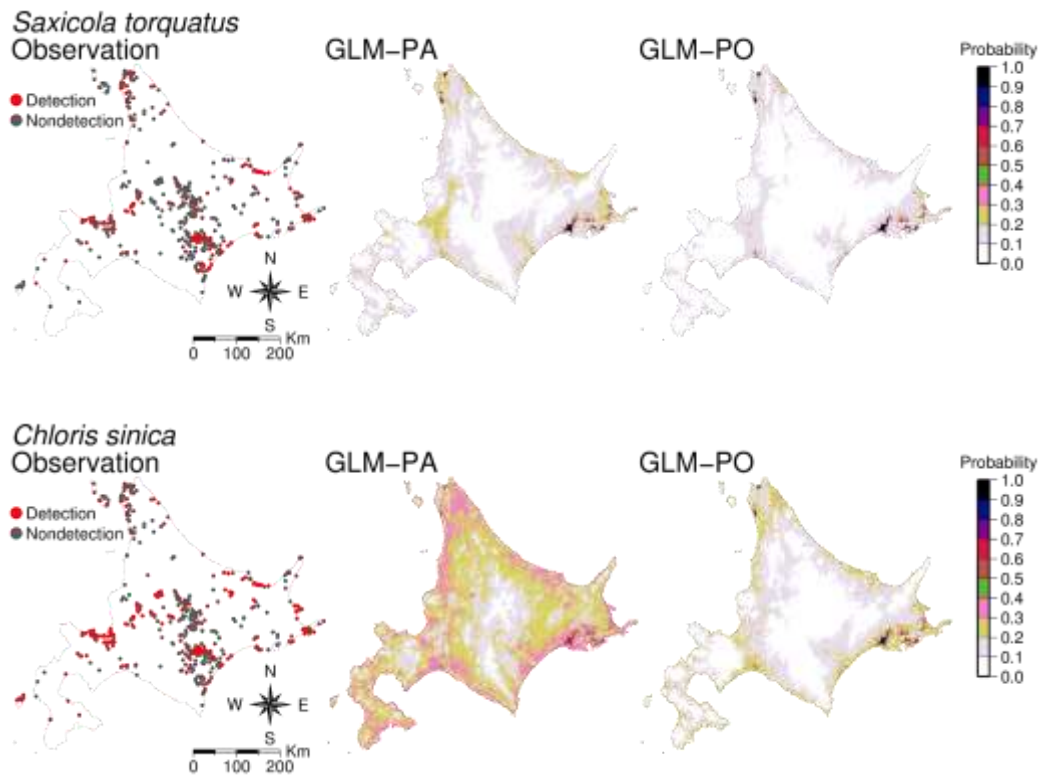
図(3)-5 調査方法 (Methods) 及び調査者 (Observers) 別のデータ件数 (左) と調査1回当たりの観察種数 (右)。Point: ポイントセンサス, Line: ラインセンサス, Others: その他, Experts: 専門家, Citizens: 市民。

(2) 一般化線形モデルやベイズ等を用いた予備解析

多くの観察データが集められている鳥類の普通種を対象に調査努力量の地理的偏りを考慮しない2種類のロジスティック回帰モデル (GLM-PA、GLM-P0) で分布推定を行った結果、両モデルとも森林性鳥類の出現確率は、生息すると考えられる山地の森林では低かったのに対し、観察データが多く集められている都市周辺では高かった (図(3)-6)。この傾向は、道内全域にランダムに発生させた300地点を不在データとするGLM-P0でより顕著であった。その一方で、湿地・草地性鳥類の出現確率は、低標高域の湿地・草草が集中する地点の周辺で高かった (図(3)-7)。これは、解析に使用したデータの観察地点が、湿地・草地性鳥類の分布する環境傾度は網羅しているが、森林性鳥類については環境傾度の一部分に偏っているためと考えられる。



図(3)-6 森林性鳥類アカゲラ（上段）とウグイス（下段）の観察地点（左）とロジスティック回帰モデル（中央：GLM-PA・右：GLM-PO）による分布予測の結果



図(3)-7 草地湿地性鳥類ノビタキ（上段）とカワラヒワ（下段）の観察地点（左）とロジスティック回帰モデル（中央：GLM-PA・右：GLM-PO）による分布予測の結果

(3) 整理されたデータをもとに詳細なモデル解析を実施

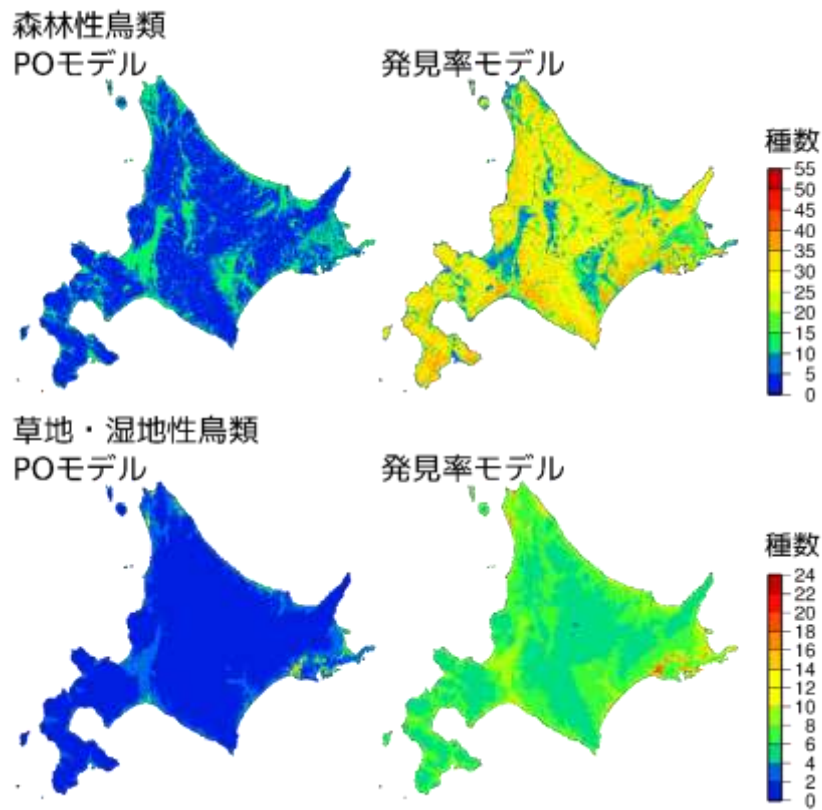
観察プロセスを考慮するかしないかで、解析結果は大きく異なった（表(3)-2、図(3)-8）。P0モデルによる森林性鳥類の解析では、ほとんどの種で森林面積の係数がマイナスに推定されたため（図(3)-9）、非森林地帯を好むと予測される種の割合が多かった。これは、解析に用いたデータに、森林面積の多い地点の観察記録が少ないため、P0モデルでは森林面積の係数が低く推定されたと考えられる。このことから、調査努力量の地理的偏りを考慮せずに解析した場合には、誤った結論が導かれる可能性があることが示唆される。一方、発見率モデルによる解析では、森林面積の係数の推定値がプラスとなり（図(3)-9）、森林地帯を好むと予測される種の割合が増加した。P0モデルと発見率モデルの推定種数の相関係数は-0.93で、ほぼ真逆の空間分布を示した（図(3)-8）。これらの結果は、観察プロセスを考慮することによって、森林面積の大きい地点では観察データが少ないものの、調査努力量が限られているために、実際には存在する可能性が高いと推定されたためと考えられる。

草地・湿地性鳥類でも同様に、P0モデルによる解析では草地面積の係数がマイナスと推定される種が多かったため（図(3)-8）、湿地地帯のみを好む種の割合が多かったが（表(3)-2）、発見率モデルによる解析では、草地面積の係数の推定値がプラスとなり（図(3)-9）、草地・湿地地帯の両方を好む種が増加した。また、発見率モデルでは非草地・非湿地地帯を好むと予測される種が減少した。しかし、両モデルの結果の差異は、森林性鳥類ほど明瞭ではなかった。特に、湿地地帯についての推定結果はどちらのモデルでもほぼ同等であった（図(3)-8）。これは、湿地や草地が森林に比べて低地に多く分布すること、湿地の成立する環境（場所）が限られているために、少ない調査努力量でも環境の範囲全体を網羅するように調査が行われているためと考えられる。

以上のように、観察プロセスを考慮することによって、調査努力量の地理的偏りを補正することが可能であることが明らかとなった。今回開発したモデルにより、森林性及び草地・湿地性の鳥類の潜在的な生息地マップが作成された。この多様性マップをシマフクロウ・タンチョウの分布地点と比較することにより、両種の指標種としての有効性が解析できる。

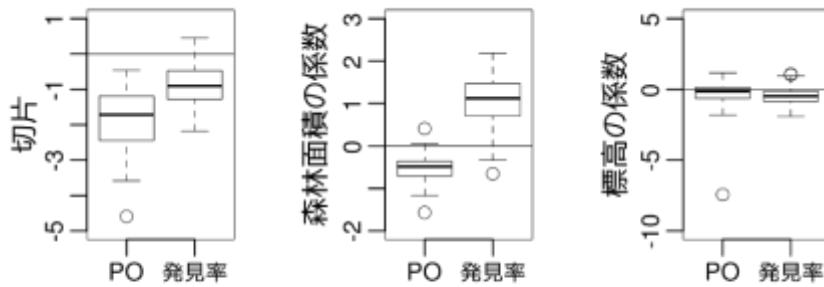
表(3)-2. 解析で用いた環境変数の係数の傾き (+/-) をもとに分類した森林性52種、草地・湿地性鳥類23種のハビタットタイプ。数字は各ハビタットタイプに属する種数とその割合 (%) を示す。

ハビタットタイプ	P0モデル	発見率モデル
森林性鳥類		
高標高の森林	0 (0%)	10 (19.2%)
低標高の森林	3 (5.8%)	38 (73.1%)
高標高の非森林	18 (34.6%)	0 (0%)
低標高の非森林	31 (59.6%)	4 (7.7%)
草地・湿地性鳥類		
湿地・草地地帯	5 (21.7%)	11 (47.8%)
湿地を除く草地地帯	1 (4.3%)	4 (17.4%)
草地を除く湿地地帯	15 (65.2%)	8 (34.8%)
非湿地・非草地地帯	3 (13.0%)	1 (4.3%)

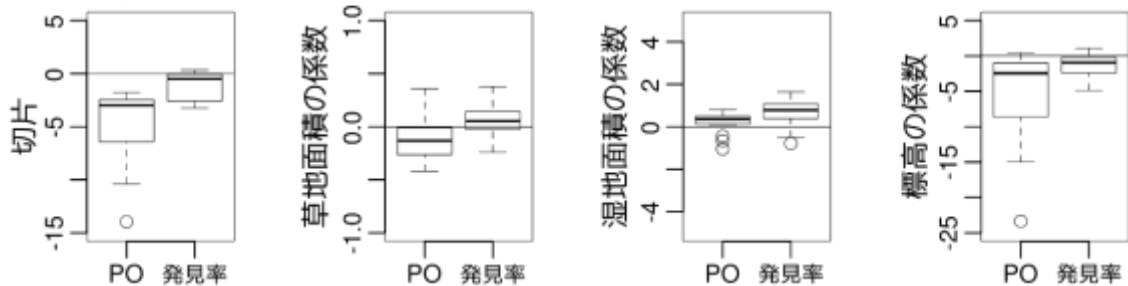


図(3)-8. POモデルと発見確率モデルによる森林性鳥類（52種）と草地・湿地性鳥類（23種）の種数予測マップ

森林性鳥類のモデルの係数



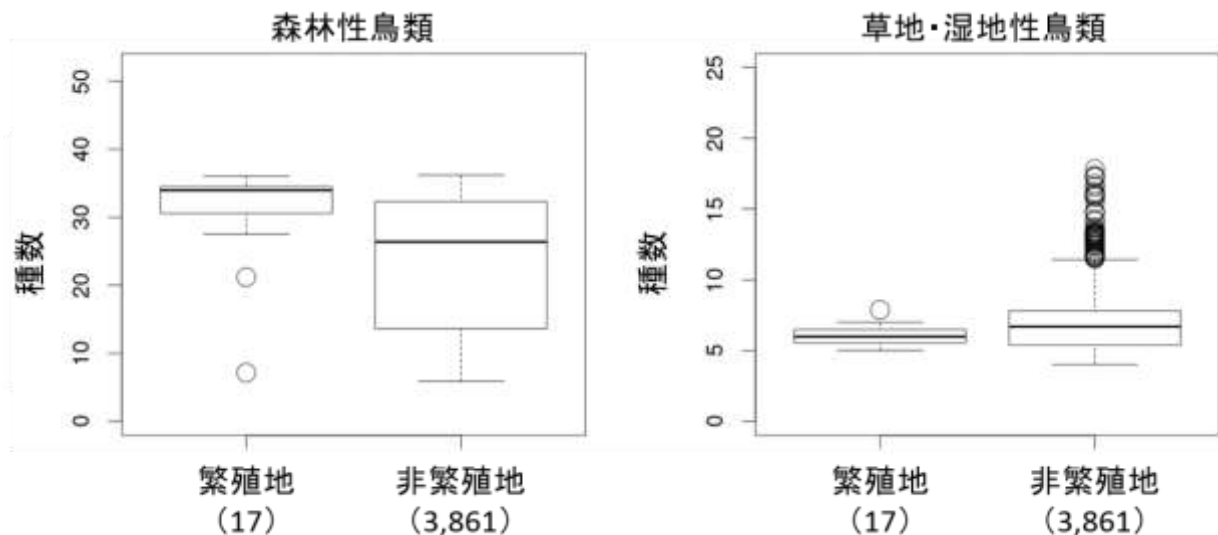
草地・湿地性鳥類のモデルの係数



図(3)-9. POモデルと発見確率モデルの切片と環境変数の係数の推定値。

(4) 指標種としての有効性解析

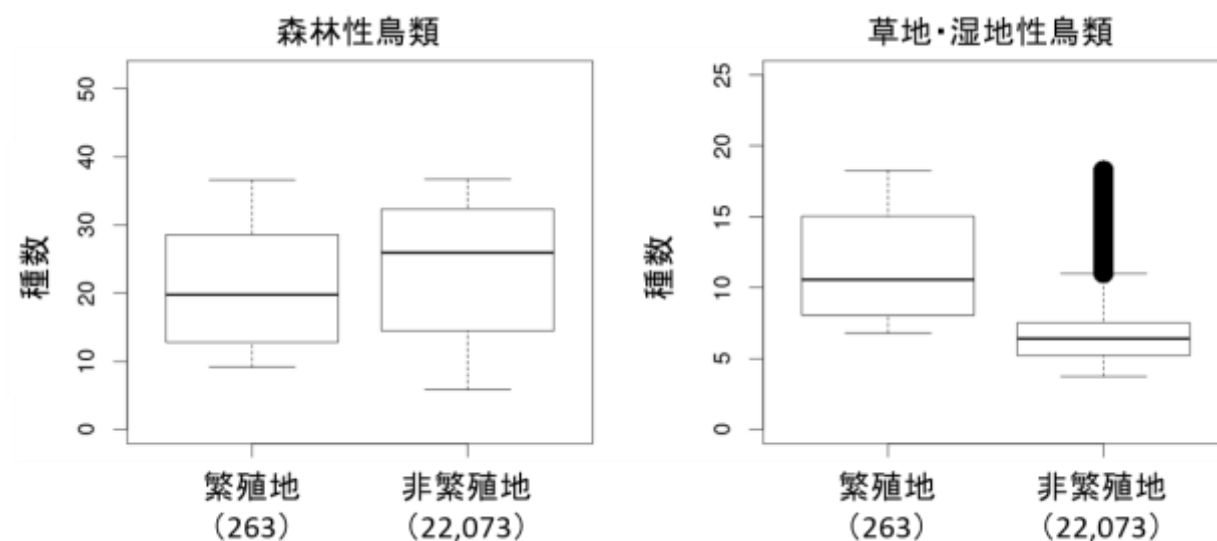
サブテーマ1より提供されたシマフクロウとタンチョウの繁殖地情報と平成25年度に作成した鳥類の種数マップ（森林性52種、草地・湿地性23種）をもとに、両種のアンブレラ種としての有効性について検討した。その結果、両種ともに繁殖地のほうが非繁殖地よりも一般鳥類の種数は多かったが、種数の増加傾向は2種で異なっていた（図(3)-10, 11, 表(3)-3, 4）。シマフクロウでは、森林性鳥類の平均種数は非繁殖地よりも繁殖地のほうが有意に多かったが、草地・湿地性鳥類では有意差は認められなかった（図(3)-10, 表(3)-3）。タンチョウでは草地・湿地性の一般鳥類の平均種数は、非繁殖地よりも繁殖地で有意に多かった（図(3)-11, 表(3)-4）。しかし、森林性鳥類の平均種数には、タンチョウの繁殖地・非繁殖地で有意な差は認められなかった。以上のことから両カリスマ種の繁殖地を保全・再生することで、他の一般鳥類も守られることが示唆された。しかし、指標種として有効な種群が、2種で異なったことから、両種のハビタットをそれぞれ保全・再生することが、北海道内で繁殖する森林性及び草地・湿地性の鳥類全体の保全に寄与することが示された。



図(3)-10 シマフクロウの繁殖地・非繁殖地における森林性（左）及び草地・湿地性鳥類（右）の種数。括弧内の数字は地点数を示す。

表(3)-3 シマフクロウの繁殖地（B）・非繁殖地（NB）における森林性及び草地・湿地性鳥類の種数（平均，標準偏差）とt検定による統計的有意性

	森林性鳥類		草地・湿地性鳥類	
	B	NB	B	NB
平均値	30.66	23.54	6.11	6.71
標準偏差	7.09	9.36	0.72	1.60
p (t -test)	0.002		0.120	



図(3)-11 タンチョウの繁殖地・非繁殖地における森林性（左）及び草地・湿地性鳥類（右）の種数。括弧内の数字は地点数を示す。

表(3)-4 タンチョウの繁殖地（B）・非繁殖地（NB）における森林性及び草地・湿地性鳥類の種数（平均，標準偏差）と t 検定による統計的有意性

	森林性鳥類		草地・湿地性鳥類	
	B	NB	B	NB
平均値	21.02	23.69	11.60	6.72
標準偏差	8.65	9.32	3.87	2.32
p (t -test)	<0.001		<0.001	

5. 本研究により得られた成果

(1) 科学的意義

観察プロセスを考慮した分布予測モデルを用いることにより、調査努力量の地理的偏りを補正できることが明らかとなった。これにより、タンチョウ及びシマフクロウの指標種としての有効性を広域的に評価するための、基礎データを整備することができた。現在各地で整備が進められている生物多様性データベースは、一般に本研究で使用したデータと同様に、調査努力量が地理的に偏るという問題点を有している。このため、本研究の成果は今後同様のデータ解析を行う際の標準的な手法として活用されることが見込まれる。

タンチョウやシマフクロウに代表されるようなカリスマ性のある野生動物は、市民の関心も高く、また保全活動に必要な資金の確保も比較的容易なため、土地所有者・管理者、行政機関、NGOにも受け入れ、長きにわたって自然環境保全の中核を担ってきた。カリスマ種は生物多様性の指標としても利用されてきたが、これまでその科学的な裏付けは十分ではなかった。カリスマ的な絶滅危惧種タンチョウとシマフクロウについて、生物多様性の指標性を検討した結果、両カリスマ種

は指標種であることが明らかとなった。以上のことから、その地域の生物多様性の分布とハビタットの分布が一致するカリスマ種を抽出することができれば、カリスマ種の保全によって生物多様性の保全に貢献できる可能性があることが示唆された。

(2) 環境政策への貢献

<行政が既に活用した成果>

特に記載すべき事項はない。

<行政が活用することが見込まれる成果>

近年、生物の分布予測をもとにした環境政策の提言が多く行われるようになった。しかし、前述の通り解析に使用される生物多様性データベースには共通して調査努力量が地理的に偏っているという問題点がある。この調査努力量の地理的偏りを無視した解析では、結果が偏っているため誤った環境政策提言に陥る恐れがある。本年度の研究により、調査努力量の地理的偏りを補正する手法を確立することができた。本手法をもちいることにより、より現実に即した環境政策提言が可能となった。

これまで北海道総合研究機構などが精力的に作成してきた北海道生物多様性データベースを有効活用することができた。今回作成された75種にもおよぶ鳥類の多様性マップは北海道の鳥類の保護管理において非常に有用だと考えられる。さらに、同様の手法を用いることで幅広い生物群において多様性マップを作成することができる。近年、様々な生物において分布などの基礎データが蓄積されてきたが、今回のような包括的な取り組みはほとんどなされておらず、本手法の可能性は大きい。

日本人が北海道に入植した当時（1870年頃）の主要な生態系は森林と湿地であった。しかし両生態系ともに、開発によってその後急激に面積を減少した。両種は、カリスマ性があるため、ハビタットの減少・乱獲に伴う個体数減少の記録が残っている。一方で、他の森林性・湿地性の普通種については、開発と個体数減少の関係について十分な記録は残っていない。両種は、森林性、湿地・草地性の鳥類の多様性を指標することが明らかとなったが、同様に鳥類以外の分類群の森林及び湿地のスペシャリスト種の多様性も指標する可能性が高い。このことから、他の分類群の森林性、湿地・草地性の生物も、両種と同様のパターンで減少したと考えられる。両種はこれまでも、国が主体となって、保護増殖事業が進められてきたが、今後も事業は継続的に実施されると考えられる。このことから、両種を相補的に活用することによって、開発によってその数を大きく減らした北海道の森林性及び草地・湿地性の生物を効果的に保全できる可能性がある。

6. 国際共同研究等の状況

特に記載すべき事項はない。

7. 研究成果の発表状況

(1) 誌上発表

<論文（査読あり）>

- 1) M. Higa, Y. Yamaura, I. Koizumi, Y. Yabuhara, M. Senzaki and S. Ono: Diversity and Distributions, 21, 3, 46-54 (2015) “Mapping large-scale bird distributions using occupancy models and citizen data with spatially biased sampling effort”

<査読付論文に準ずる成果発表>

特に記載すべき事項はない。

<その他誌上発表（査読なし）>

特に記載すべき事項はない。

(2) 口頭発表（学会等）

- 1) 比嘉基紀、山浦悠一、小泉逸郎、小野理、中村太士：日本生態学会第60回大会（2013）
「地理的に偏った市民データを用いた鳥類の広域分布予測」
- 2) I. KOIZUMI：Vth International Wildlife Management Congress, Sapporo, Japan, 2015
“Are Blakiston's fish owl and red-crowned crane umbrella species?”（アブストラクト提出済み）

(3) 出願特許

特に記載すべき事項はない。

(4) 「国民との科学・技術対話」の実施

- 1) 比嘉基紀：統計数理研究所共同研究集会（共研-5006）「野外生態データの観測過程と統計モデリング」。市民データの調査努力量の地理的偏りを考慮した鳥類の広域分布推定。（2014年12月11-12日，東京都立川市 統計数理研究所 セミナー室2）
- 2) 比嘉基紀：四国自然史研究セミナー。市民が集めたデータを使って生き物の分布を推定する - マクロ生態学と種分布予測モデル -。（2014年12月23日，高知市）
- 3) 市民向けシンポジウム「シマフクロウ・タンチョウを指標とした生物多様性保全 北海道の過去・現在・未来」，2015年2月11日，北海道大学学術交流会館（札幌市）（主催：北海道大学大学院農学研究院・タンチョウ保護研究グループ・北海道大学大学院理学研究院・北海道大学大学院地球環境科学研究院、2015年2月11日、北海道大学学術交流会館、観客約200名）にて講演

(5) マスコミ等への公表・報道等

- 1) 森林総合研究所研究最前線。「市民参加の鳥類観察記録から広域分布を読み解くことに成功」（2014年12月4日、URL：
[http://www. ffpri. affrc. go. jp/research/saizensen/2014/20141204-01. html](http://www.ffpri.affrc.go.jp/research/saizensen/2014/20141204-01.html)）
- 2) 北海道新聞（2015年4月20日、夕刊、「シマフクロウ、タンチョウ道内の生息環境探る」）

(6) その他

- 1) 日本生態学会第61回大会自由集会「不完全な発見を考慮した分布・個体数推定：階層的モデ

リングの基礎と応用」 (2014年3月14日、広島国際会議場、観客約150名)

8. 引用文献

- 1) Caro, T. (2010). Conservation by Proxy: indicator, umbrella, keystone, flagship, and other surrogate species. Island Press, Washington, DC.
- 2) Dickinson, J.L., Zuckerberg, B. & Bonter, D.N. (2010) Citizen science as an ecological research tool: challenges and benefits. *Annual Review of Ecology, Evolution, and Systematics*, 41, 149–172.
- 3) MacKenzie, D.I., Nichols, J.D., Royle, J.A., Pollock, K.H., Hines, J.E. & Bailey, L.L. (2006) Occupancy estimation and modeling: inferring patterns and dynamics of species occurrence. Academic Press, Amsterdam.
- 4) Royle, J.A. & Dorazio, R.M. (2008) Hierarchical modeling and inference in ecology. Academic Press, San Diego.

(4) 将来シナリオと生息地保全・復元計画

北海道大学大学院農学研究院	中村 太士・森本 淳子・柿澤 宏昭・東山 寛
<研究協力者>	
酪農学園大学環境共生学類	金子 正美
山階鳥類研究所	藤巻 裕蔵
(株)野生生物総合研究所	志田 祐一郎
自然ウォッチングセンター	村野 道子
北海道大学大学院農学研究院	比嘉 基紀(現:高知大学教育研究部自然科学系理学部門)・ 小林 慶子(平成25~26年度)・ 立木 祥子・中島 夕里(平成26年度のみ)・ 赤坂 卓美(現:帯広畜産大学畜産生命科学研究部門)
北海道大学大学院農学院	吉井 千晶・柴田 昌俊
標津町役場、中標津町役場	

平成24~26年度累計予算額:32,101千円(うち、平成26年度予算額:10,337千円)

予算額は、間接経費を含む。

[要旨]

人口減少社会に突入した我が国では、急激な人口減少によって放棄・未利用地が増加し、国土の荒廃が進むことが懸念されている。しかし、人口減少によって人間の開発圧から解放される土地を適切に管理し、生物の生息地として再生することができれば、過去の開発によって劣化した生態系を回復させられる可能性がある。本研究では、過去の開発により生息地が不足しているシマフクロウとタンチョウを指標に、放棄・未利用地の生息地としての利用可能性を検討した。放棄・未利用農地発生要因を特定したところ、近年、人口減少が放棄・未利用農地発生要因として機能し始めたことが判明した。そこで、2040年推計人口下での放棄・未利用農地の発生を予測し、湿地履歴を持つ農地は湿地に、森林履歴を持つ農地は森林に再生すると仮定して、2種の生息地の分布を推定した。その結果、放棄・未利用農地に森林や湿地を再生することにより、2種の生息地が拡大する可能性が示された。ただし、放棄農地を利用しただけでは微増するのみのため、より積極的な森林や湿地の再生が必要だと思われる。湿地履歴を持つ休耕牧草地の植生を調査したところ、営農停止後25年程度で湿生植生は回復するが、外来種である牧草種も残存しがちであることが判明した。ただし、埋土種子から牧草種が発生することはなく、また、湿性条件に保つことで多くの湿生植物が発生したことから、地下水位を上昇させ、多様な掘削深度で表土を耕起する植生管理によって湿原植生が再生できると思われる。また、林地や農地の生息地としての提供可能性について検討したところ、森林所有者の中には環境配慮型施業を受容するものが一定程度存在しており、それらの所有者が所有する民有林は提供可能性があること、酪農地帯には一定程度草地利用に不適な安価な農地が存在しており、それらにも提供可能性があることが判明した。普及指導体制の構築や経済的インセンティブを供与する制度の制定など社会的条件を整えることで、農林業地域で生息地保全や自然再生が受諾される可能性はより高くなるだろう。

[キーワード]

将来予測、生息適地推定、湿原再生、保全対象農地、環境配慮型施業

1. はじめに

日本は人口減少社会に突入した。1900年代以降の100年間で約3倍に増加した人口は、今後100年間で1900年代と同程度の水準まで減少すると予想されている¹⁾。これまでの人口増加社会では、増加する人口を養うための土地開発が進行した。特に、高度経済成長期以降の大規模開発は、生物の生息環境を大きく改変し、生態系を劣化させる要因となった。これは、我が国の湿地生態系の3分の2を抱える道東地域も例外ではなく、高度経済成長期以降に実施されてきた開発による河川水辺生態系の改変によってシマフクロウやタンチョウの生息適地が消失し、2種の生息や分散が妨げられるなどの問題が生じている。しかし、これからの人口減少社会では、急激な人口の減少によって農地や都市が放棄されるなど、人間の開発圧から解放される土地が増える可能性がある。これらの土地を適切に管理し、生物の生息地として再生することができれば、過去の開発によって劣化した生態系を回復させられる可能性がある。

河川水辺生態系の再生については、自然攪乱レジームの再生による氾濫原生態系の再生に限界があることから^{2),3)}、自然の遷移に任せた氾濫原再生の達成レベルとその制約要因の解明に関心がよせられている^{4),5)}。特に、種子散布を助ける洪水氾濫や動物の移動が妨げられていることが多い農地景観⁵⁾では、耕作期間、地下水位などのローカルな環境条件、近隣の種子供給源と媒介する動力の存在、土壌シードバンクが制約要因となると考えられる。一般に、耕作期間中に行われる表土の攪拌や、強制排水による乾燥は開拓前の湿原シードバンクを劣化させる⁶⁾。しかし、営農を停止すると地下水位が高くなり⁷⁾、湿生植物種の定着と生育・繁殖に適した環境となるため、開拓前の湿原シードバンクが残存する場合⁸⁾や周辺に残っている湿原からの種子供給がある場合⁹⁾は、湿生植物種が再生する可能性が高い。しかし、10年を超えた長期にわたる耕作が行われた湿原域では、主要な湿生植物種がシードバンクから消失してしまう⁶⁾ため、周辺に残された湿原からの種子供給が放棄耕作地の遷移方向を決定づけると考えられている⁴⁾。これまで、長期にわたる耕作で湿原シードバンクが失われてしまった場所では、近隣に自然湿原があったとしても、もとの湿原に戻ることは困難だろう、と初期数年の遷移過程の観察により推察されてきた⁵⁾。しかし、地下水位や、周辺湿原からの種子散布が、放棄農地の自然遷移に与える長期的な影響を検証した例はほとんどない。また、先行事例は牧草種が在来種であるヨーロッパに偏っており、牧草が外来種でありその制御が必要なアジアでの実態は解明されていない。

一方、私有地の多い農地景観に生物の生息地を再生する計画を検討する際には、対象となる地域で生産活動を行う住民の理解が必要となる。たとえば、シマフクロウの分布拡大を目指す場合には、主要な生息地である国有林や道有林などの天然林の周辺に位置し、バッファとして機能する民有林の活用を視野に入れる必要がある。民有林は私有財産であるため、公的な意思が反映しやすい国有林や道有林に比べて、林業活動に制約をかけるような生物多様性に配慮した施業の実行が難しい。民有林で生物多様性保全を実施するためには、森林所有者の意向を確認した上で生物多様性保全に配慮した施業の実施に必要な規範を整備する必要がある。また、タンチョウの主要な生息地である釧路湿原に近接する根釧地域は、北海道を代表する草地酪農地帯であり、2010年農業センサスによれば、根釧地域の農地面積は19.4万haで、そのうち93%、18.1万haが草地と

して利用されている。本地域には、こうした酪農経営が保有する草地の一部を営巣地として利用するタンチョウが既に存在しており、草地の生息地としての提供可能性及び提供を受けるにあたっての具体的な規範の検討が必要である。

2. 研究開発目的

放棄・未利用農地の自然再生地としての利用可能性を検討するため、北海道における放棄・未利用農地の発生要因を特定して将来の推計人口下における放棄・未利用農地の発生を予測する。その上で、放棄・未利用農地に湿地あるいは森林を再生した場合の効果、河川水辺生態系を代表的する種であるシマフクロウとタンチョウの営巣適地分布の推定結果を比較することで評価する。また、長期にわたる耕作の影響で開拓前由来の湿原生シードバンクが衰退している可能性のある放棄・未利用農地において、湿原植生を再生させるために有効な植生管理方法を提示するため、湿原を開拓して作られた牧草地のうち、休耕年数が異なる複数の牧草地で現地調査を実施し、長期的な植生遷移パターンの解明と土壌シードバンクの利用可能性を検討する。これにより、自然遷移による湿原植生再生と外来種である牧草種の根絶の可能性を検討し、土壌シードバンクなどを用いた具体的な植生管理手法の提示を目指す。さらに、民有地の多い農地景観に2種の生息地を配置する保全・復元計画を実現させるために不可欠な、民有林あるいは農地の2種の生息地としての提供可能性と、提供を実現させるために必要な施策について検討する。

3. 研究開発方法

(1) 放棄・未利用農地発生パターンの解明と将来の土地利用変化の予測

北海道における農地利用の変遷を把握するため、国土数値情報で公開している1976年、1987年、1997年、2006年、2009年の土地利用細分メッシュデータ（約100m×100m）の比較により、放棄・未利用農地（農地→森林・荒地）と開発農地（森林・荒地→農地）を抽出して3次メッシュ（約1km×1km）ごとに集計し、年代ごとの放棄・未利用農地及び開発農地の発生状況を確認した。

年代ごとの放棄農地の発生要因を特定するために、上記で求めた放棄・未利用農地発生率を目的変数に、農地サイズ(4近傍で連結する農地メッシュの数)、農地隣接率(4近傍とも農地である農地メッシュの割合)、傾斜（農地メッシュ内の10mごとに算出した傾斜の平均値）、土壌生産力可能性等級（地力保全土壌図による土壌生産力を示す指数；1:良好～4:不良、5:データ無）、無道路農地率（8近傍で道路と隣接していない農地メッシュの割合）、人口集中地区（DID）からの距離（放棄年の土地利用に影響を及ぼすと考えられる年の国勢調査から得られたDIDからの距離）、DIDからの距離の差（農地メッシュにおける放棄年と基準年のDIDからの距離の差）、通作距離内の人口（国勢調査から得られた放棄年における農地メッシュから半径500m内の人口；通作距離500mは入植時の植民区画(546m×546mに6戸)による）及び人口増加数(放棄年と基準年の農地メッシュから半径500m以内の人口の差)などの耕作地条件を説明変数としたロジスティック回帰モデルを構築した：

$$y_{ij} \sim \text{Binomial}(p_{ij}, y0_{ij})$$

$$\text{logit}(p_{ij}) = \beta \text{int}_i + \beta \text{cov}_i \times X_j$$

ここで、 y_{ij} は年代*i*における地点*j*の放棄・未利用農地数、 $y0_{ij}$ は年代*i*における地点*j*の全農地数、 p_{ij} は年代*i*における地点*j*の放棄・未利用農地発生率、 β_{int_i} は切片、 β_{cov_i} は回帰係数のベクトル、 \mathbf{X}_j は地点*j*における耕作地の環境変数のベクトルを表す。

このとき回帰係数の傾きが95%信頼区間で有意となる変数を、10,000組のブートストラップ標本を用いて特定し、これを各年代の放棄・未利用農地発生要因として比較した。

放棄・未利用耕作地の将来におけるシマフクロウやタンチョウの生息地としての利用可能性を検討するために、将来人口下における放棄・未利用農地の発生数を予測するための放棄・未利用農地発生予測モデルを構築した。これは、今回用いた土地利用データの中で最も新しい2006年から2009年の放棄・未利用農地発生率を目的変数とし、年代別の放棄農地発生要因を検討するためのモデルで用いたのと同じ耕作地条件と、湿地履歴農地率（1920年代、1950年代、2000年代の地形図で湿地だった履歴を持つ農地の割合）を固定効果の説明変数とし、振興局差と場所差を入れ子にした変量効果項を持つ階層ベイズモデルである：

$$y_j \sim \text{Binomial}(p_j, y0_j)$$

$$\text{logit}(p_j) = \beta_{int} + \beta_{cov} \times \mathbf{X}_j + \epsilon_k + \epsilon_j$$

ここで、 y_j は地点*j*の放棄・未利用農地数、 $y0_j$ は地点*j*の全農地数、 p_j は地点*j*の放棄・未利用農地発生率、 β_{int} は切片、 β_{cov} は固定効果の回帰係数のベクトル、 \mathbf{X}_j は地点*j*における耕作地の環境変数のベクトル、 ϵ_k と ϵ_j はそれぞれ、振興局*k*と地点*j*における変量効果項（主要産業や農業政策の差など振興局または地点由来の差異）を表す。

各係数の事後分布の推定は、RStan 2.5.0を用いてマルコフ連鎖モンテカルロ法の一つであるハミルトンモンテカルロサンプリングにより行った。このとき、切片 β_{int} と回帰係数 β_{cov} の事前分布には平均値0で標準偏差100の正規分布を、変量効果 ϵ_k の階層事前分布には平均値0で標準偏差が sr の正規分布を、階層事前分布の標準偏差 sr の事前分布（超事前分布）には $0 < sr < 10^4$ の一様分布を、変量効果 ϵ_j の階層事前分布には平均値0で振興局*k*に共通の標準偏差 ss_k の正規分布を、階層事前分布の振興局*k*に共通の標準偏差 ss_k の事前分布（超事前分布）には $0 < ss_k < 10^4$ の一様分布を適用した。

このモデルに、国立社会保障・人口問題研究所の2040年推計人口の値を外挿して、2040年の人口下における耕作放棄地の発生を予測した。ここで予測された放棄地のうち、1920年代または1950年代の地形図で森林の履歴を持つ放棄地は森林に再生し、1920年代、1950年代、2000年代のいずれかの地形図で湿地の履歴を持つ放棄地は湿地に再生すると仮定して、履歴別に集計し、（2）の将来シナリオで用いた。

（2）将来シナリオ下における生息地分布の推定

1）シマフクロウの生息地分布の推定

シマフクロウの生息適地を推定するため、シマフクロウの安定的な個体群が存在する北海道東部地域の清里町、小清水町、斜里町、羅臼町、標津町、中標津町、別海町、根室市、弟子屈町、浜中町、標茶町、鶴居村、厚岸町の13市町村を対象とし、現在のシマフクロウの生息地データ（サブテーマ1及び環境省から提供、3次メッシュ16こ分を1つとするおよそ4km×4kmのメッシュで集計、メッシュ面積の16km²はシマフクロウつがいの行動圏サイズ^{10), 11), 12)}と同程度）を目的変数に、自然林面積、河川から300m以内の自然林面積（おおむね河川から300m以内にシマフクロウの営巣木が存在する¹³⁾）、人工林及び二次林面積、河川から300m以内の人工林及び二次林面積、河川長、シマフクロウの主要な餌4魚種の潜在生息河川リーチ数（リーチ単位は1km、環境研究総合推進費S9成果）のデータを説明変数とするロジスティック回帰モデルによってシマフクロウの生息確率モデルを構築した：

$$y_j \sim \text{Bernoulli}(p_j)$$

$$\text{logit}(p_j) = \beta_{int} + \beta_{cov} \times \mathbf{X}_j$$

ここで、 y_j は地点 j でのシマフクロウ営巣地の確認記録（確認：1、非確認：0）、 β_{int} は切片、 p_j は地点 j でのシマフクロウ営巣地の存在確率、 β_{cov} は回帰係数のベクトル、 \mathbf{X}_j は地点 j における環境変数のベクトルを表す。

なお、給餌などによりシマフクロウを誘引した結果として生息地となっている場所は人為的影響が強いとして不在として扱った。また、サブテーマ1の報告により、シマフクロウの行動圏は川沿いに15km程度であることから、生息メッシュと同一河川の直近上流、直近下流の非生息メッシュは在か不在かの判断がつかないため解析から外した。以上の条件のもと、赤池情報量規準(AIC)を選択基準とする総当たり法によるモデル選択を行い、シマフクロウの生息適地モデルを選定した。このモデルを全道に外挿し、現在の北海道の環境下におけるシマフクロウの潜在生息確率を予測し、生息適地マップを作成した。さらにMigClim custom ver.¹⁴⁾を使用して、1)現在の環境が続いた場合、2)2006年から2009年に放棄された農地のうち、河川から300m以内の森林履歴を持つ農地に森林を再生した場合、3)2006年の農地のうち、河川から300m以内の森林履歴を持つ全ての農地に森林を再生した場合の3つの将来シナリオ下で分散のシミュレーションを行い、今後50年間でシマフクロウの分散が可能な地域を予測した。MigClimは以下の条件を設定して実行した：

予測開始地点：現在のシマフクロウ生息メッシュ

生息適地の閾値：未設定（なし）

環境変化の回数：50回

一度の環境変化における分散回数：1回（シマフクロウの分散は年に1回）

分散カーネル：1セル先～18セル先（シマフクロウの最高分散距離の70kmに相当^{13), 15), 16)}）

の合計値を生存率0.4と仮定し、以下の値を設定

0.0991, 0.0812, 0.0633, 0.0496, 0.0358, 0.0253, 0.0148, 0.0105, 0.0063,
0.0042, 0.0021, 0.0018, 0.0015, 0.0013, 0.0011, 0.0009, 0.0008, 0.0004

分散の障壁：森林限界以上の高標高地域及び都市部

バリアタイプ：weak（分散元セルと分散先セルの間に障壁セルがあっても分散可）

繁殖齢到達以降の繁殖成功率：サブテーマ1 成果より0.2を基本として以下のように設定

初期3年間は0.1（うち、雌が生まれる確率は0.5なので0.05）、
その後20歳まで0.2（同、0.1）、20-25歳は0.1（同、0.05）、
25歳以上0（0を設定できないため、0.00001）

繁殖開始齢：5歳

予測繰り返し回数：1000回

例外的な長距離分散の頻度、最短距離、最長距離：未設定（なし）

MigClimでの分散予測は、各シナリオのもとで1000回ずつ実施し、各シナリオのもとで各セルが50年後までに占有セルとなった回数を集計し、その分布を比較した。

2) タンチョウの営巣地分布の推定

タンチョウの営巣適地を推定するため、タンチョウの主要な営巣地域である十勝、釧路、根室振興局における2007、2008、2012年の飛行調査から得られた営巣地点データ（サブテーマ1から提供、3次メッシュ4つ分を1つとするおよそ2km×2kmのメッシュで集計、メッシュサイズはサブテーマ1報告におけるタンチョウの繁殖テリトリーサイズと同程度）を目的変数に、湿地面積、道路非隣接率、傾斜を説明変数とするロジスティック回帰モデルを用いてンチョウ営巣適地予測モデルを構築した：

$$y_j \sim \text{Bernoulli}(p_j)$$

$$\text{logit}(p_j) = \beta_{int} + \beta_{cov} \times X_j$$

ここで、 y_j は地点 j でのタンチョウ営巣地の確認記録（確認：1、非確認：0）、 β_{int} は切片、 p_j は地点 j でのタンチョウ営巣地の存在確率、 β_{cov} は回帰係数のベクトル、 X_j は地点 j における環境変数のベクトルを表す。

ここで、農地面積が5%以下のメッシュの営巣地は自然状態で、5%以上のメッシュの営巣地は農業活動に依存して営巣しているとみなして、別に解析を行った。それぞれの在地点の3倍の数の不在地点を解析範囲内からランダムに発生させてロジスティック回帰モデルを構築する作業を10000回繰り返し、得られたモデルの係数の平均値を用いたモデルをタンチョウの営巣適地モデルとした。このモデルを全道に外挿し、現在の北海道の環境下と湿地履歴を持つ農地に湿地を再生した場合の環境下でのタンチョウの営巣適地を推定し、現状との比較を行った。

(3) 放棄・未利用農地における植生遷移パターンの解明と植生復元手法の検討

湿地履歴を持つ農地に湿原を再生させるための植生管理方法を検討するため、標津町、中標津町を流れる標津川下流部の湿原域と当幌川中下流域を調査地として現地調査を実施した。当地域

は湿地から転換された牧草地が多く存在する地域である。本地域において、営農中の牧草地、耕作停止後5年、12年、14年、25年が経過した牧草地と、残存する湿地を選定し、2m×2mの方形区をそれぞれ5区以上設置して植生と環境条件の調査を実施し、休耕・放棄年数、地下水位、周辺植生、埋土種子が植生遷移に与える影響を評価した。植生調査は春と秋に実施し、シダ、草本、木本を含む維管束植物と同定が可能なコケ類（ミズゴケ（*S. fuscum* (Schimp.) Klinggr.）、スギゴケ（*Polytrichum juniperinum*））の種名と植被率を記録した。植被率はBraun-Branquet（1964）を基準に5、4、3、2、1、+の6段階で評価した。残存湿地には、空中写真及び過去の植生調査の結果から開拓前の主要な植生だと考えられたコケモモイソツツジ群落、ヌマガヤ群落、ヨシークサヨシ群落、ハンノキ群落を選定した。ヌマガヤ群落には5区の調査区を設置して植生調査を実施した。ヨシークサヨシ群落については5区の調査区を設置して植生調査を実施したほか、当幌川6地点で実施された既存の植生調査データ¹⁷⁾を用いた。ハンノキ群落については4区の調査地を設置して植生調査を実施したほか、標津湿原3地点で実施された既存の植生データ¹⁸⁾を用いた。地下水位は春と秋に各方形区の脇で計測した。周辺植生は放棄された年次における牧草地の周辺200m（風散布距離を考慮）の湿生植物群落の面積を、環境省の植生図から算出した。

また、放棄・未利用牧草地の埋土種子による湿原植生再生の可能性を検証するため、各方形区で直径5cm×深さ10cmの土壌コアを採取し、2013年6月から2014年11月まで圃場で撒き出し実験を行って埋土種子相を把握した。撒き出し実験は、埋土種子を用いた湿原植生再生のための植生管理手法を検討するために、土壌深度2水準（0cm～5cm、5cm～10cm）、湛水深度2水準（0cm、5cm）を設けて行い、それぞれの条件で発芽した植物種を記録した。本実験は北海道札幌市北海道大学北方圏フィールド科学センター札幌研究林実験苗畑にて実施した。土壌サンプルは、篩を用いてリターやゴミを取り除いたあと、透水性の高い川砂を敷いた直径16.5cmのポットの上に厚さ1cmで播き出した。ポットを水で満たしたプラ舟に設置して地表面を湿潤条件と湛水条件に保った。プラ舟は一定の高さに排水口を設け、定期的に換水することで湿潤条件、湛水条件を一定に維持できるように設定した。各休耕・放棄年数ごとに2水準の深度から採取した土壌サンプルを、湛水条件と湿潤条件別にそれぞれ5ポットずつ、計100ポット撒き出した。実験中は上記の水分条件を維持し、発芽してきた種を同定して記録した。外部からの種子散布は寒冷紗でプラ舟を被うことで防いだ。プラ舟内の水温は8月の夏季に最高水温28℃、冬季の12月に最低水温0℃を示した。

地上植生調査及び埋土種子調査で出現した種を、「湿生植物種」、「牧草種」、「希少種」、「外来種」に分類した。「湿生植物種」は「日本の野生植物」（佐竹ほか 平凡社 2006）で湿生環境に生育する種とし、「牧草種」は「イネ科ハンドブック」（木場ほか 文一総合出版 2011）あるいは「日本イネ科植物図鑑」（長田 平凡社 1993）において牧草として利用される種とした。また、「希少種」には環境省レッドリスト又は北海道レッドリストにてEW、CREN、CR、EN、VU、NT、Rのいずれかに分類されている種を、「外来種」には北海道ブルーリストにてカテゴリーA～Gに分類されている種をあてた。ただし、クサヨシに関しては外来クサヨシと在来クサヨシの区別が困難であり、在来湿生群落の主要な構成種であることが過去の湿地調査で確認されたため¹⁸⁾、在来湿生植物種に分類した。

地上植生の方形区間及び土壌シードバンクの方形区間の種組成の比較は、出現種の植被度または個体数に基づいてNon-metric multidimensional scaling (NMDS) を行った。地上植生と土壌シードバンクの種組成の比較では、出現種の有無に基づいてNMDSを行った。解析には全てR 2.14.1

(R Development Core Team 2014) を用いた。

休耕年数（営農中牧草地を0年とする）、水位設定条件（湿潤条件、湛水条件）、サンプル採取深度（0～5 cm深度、5～10 cm深度）を独立変数とし、全種数、全個体数密度、湿生植物種数、湿生植物種個体密度を従属変数とした分散分析を行い、各要因の主効果を確認した。ただし、サンプル採取深度及び水位設定条件は休耕年数に対して入れ子構造になっているため、解析ではこれを考慮した。P値が0.01以下の1%水準で有意とする。休耕年数は5水準あるため、下位検定としてBonferroniの方法による多重比較を行った。サンプル採取深度及び水位設定条件の差の検定にはPaired t-testを用いた。解析には全てR 3.1.2（R Development Core Team 2012）を用いた。

（4）生物多様性保全に係る社会的合意形成方法の検討

1）林業地域における野生生物（シマフクロウ）への生息地提供可能性

私有林において森林施業の規範を設定しているのは森林計画であり、とりわけ市町村が策定する森林整備計画が地域の森林のマスタープランとして、森林整備・保全・利用の方針を設定するとともに、施業のルールを設定して、伐採届出の判断基準とすることとなっている。生物多様性に配慮した施業を進めるためには森林整備計画の中に位置づけることが必要といえる。そこで、北海道内の市町村で策定されている森林整備計画の調査を行った。

生物多様性保全型の施業を具体的に進めるためには、林業経営や施業について最終的に判断を行う森林所有者の意向がカギを握っており、森林所有者がこうした施業にどのような意向を持っているのかを明らかにすることが必要である。これまで日本国内では森林所有者の生物多様性保全型施業への意向を明らかにする研究は行われてこなかった。そこで、本研究では森林所有者の意向を分析するためにアンケート調査を行った。

アンケート調査は北海道庁森林計画課の協力を得て、足寄・本別・浦幌町及び鶴居村の全森林所有者を対象として行った。足寄町は国有林内にシマフクロウ生息地があり、白糠丘陵はシマフクロウの潜在生息可能地であり、この地域の私有林はコア生息域のバッファーとして重要である。またこの地域はまとまった人工林資源が存在しており、今後人工林伐採がさらに活発化することが予想される地域である。このためこの地域の森林所有者の林業経営の意向と生物多様性に配慮した施業の受容意向を明らかにすることは重要と考えられる。

調査は2013年12月から14年1月にかけて行い、森林簿に掲載されている全個人所有者にアンケート票を郵送で配布した。不達を除いた2405通のうち549通を回収した。

2）農業地域における野生生物（タンチョウ）への生息地提供可能性

野生生物（タンチョウ）の生息環境としてのポテンシャルを有する「保全対象農地」を量的に把握するため、農地の権利移動（有償所有権移転＝売買及び賃借権設定＝賃貸借）における、圃場1筆ごとの「農地評価」に着目した。農地評価の直接的な目的は、多様な圃場条件（区画形状や土壌条件など）を勘案して権利移転の対価（地価・借地料）を適正に設定することであり、実施主体は市町村単位に設置されている農業委員会である。

本研究では、釧路管内の東端に位置する浜中町農業委員会の協力を得て、農地権利移動の実績を基礎データとして用いた。浜中町は、2000年度からの「中山間地域等直接支払制度」を活用し、農業者自らが植樹などに取り組む「緑の回廊づくり」を2001年にスタートさせている。耕作不適

地を森林に戻すことで、生物の生息域の拡大を図ると共に、水質が悪化した河川環境の改善につなげることも狙っている。この「緑の回廊づくり」を進めるに際して、農業者が「回廊用地」を登録し、植樹時の苗木代を助成する仕組みが設けられている。2009年からは「登録看板」の設置、翌年には「登録証」の配布も開始された（図(4)-1）。このように環境意識の醸成に取り組んでいる地域であることも、浜中町を選定した理由である。



図(4)-1 浜中町「緑の回廊づくり」の登録農業者の例
(左が「登録看板」、右が「登録証」)

浜中町農業委員会による農地評価の方法は、売買と賃貸借で異なる。ここでは、売買に着目することとした。賃貸借の場合は、権利移動の対象が生産的利用レベルの高い農地に限定される傾向が強いが、売買の場合は「一括処分」が基本であり、「谷地」にあたる農地も含めて権利移動の対象となるのが一般的である。本研究では、権利移動対象の農地に限定して「保全対象農地」の存在状況を把握するというアプローチをとるが、農地利用の全体状況を捉えるためには、売買移動をとるのが適切である。

そこで、売買の場合の農地評価の内容を見ておくと、そこには特徴的な「農地区分」が採用されている。まず、大きくは「農地」と「採草放牧地」に分けられており（両者を合わせて一般的には「農用地」と呼称される）、無条件で生産的利用の対象となるのは前者である。この「農地」は、評価面から基本的には5区分されており、ha当たり40～60万円の基本価格（地価）がそれぞれ設定されている。他方、後者の「採草放牧地」は「可耕地」「湿地A」「湿地B」「その他」に4区分されている。農地は土地改良投資によってその性質が改善し得るが、「可耕地」は「多少手を加えれば農地になり得る」という評価であり（農業委員会からの聴き取りによる、以下同じ）、基本地価はha当たり30万円である。それに対して「湿地A」は「かなりお金をかけないと農地にならない」、「湿地B」は「草地にできない」と評価されている。基本地価は前者がha当たり5万円、後者が1万円と極端な低水準である。登記上の地目は「畑」か「牧場」となっており、その限りでは「農用地」に区分されることには変わりがないが、売買の場合はこのような農地も含めて一括処分されているのが実状である。なお、「その他」は牛舎等の施設用地が該当する（基本地

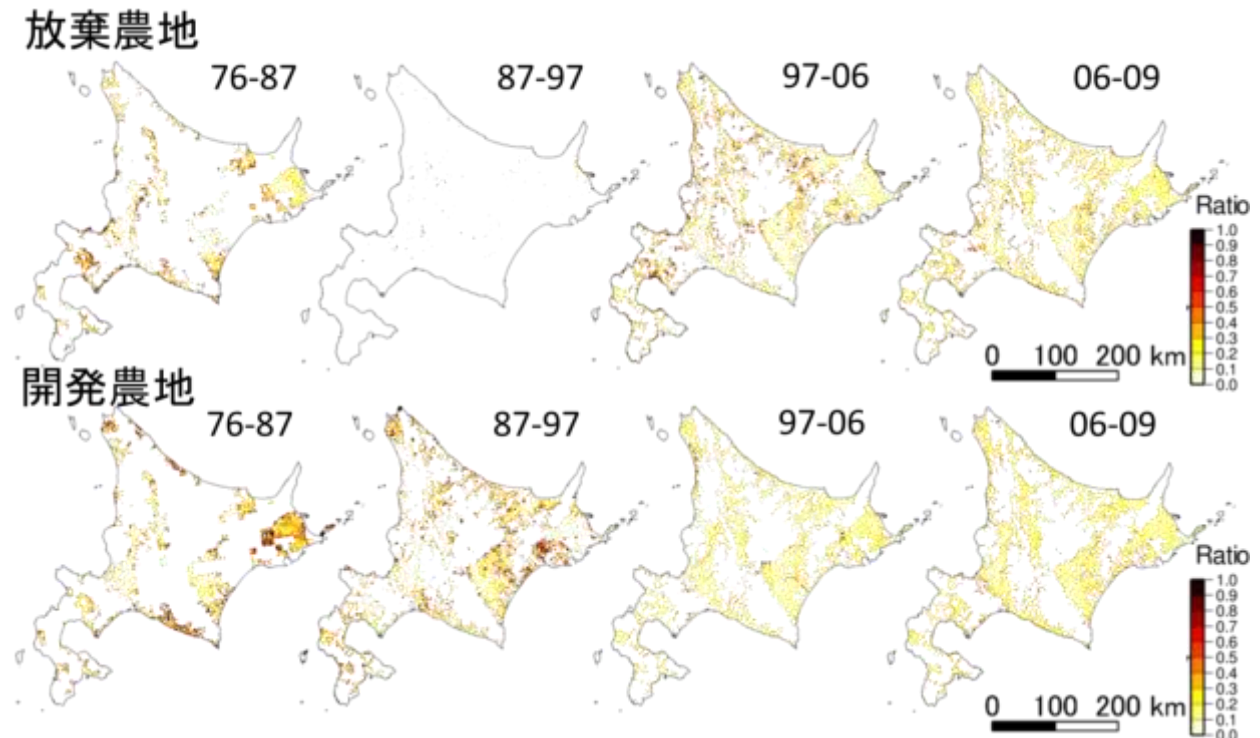
価はha当たり20万円)。

このような多様な農地区分を含みながら権利移動がなされるのが売買であり、賃貸借の場合は権利移動の対処となるのは「農地」のみである。本研究では複数年の売買実例を収集し、農地評価区分別の移動面積を集計した。このことを通じて、生息環境としてのポテンシャルを有する農地の存在状況について、その量的な把握にアプローチすることとした。

4. 結果及び考察

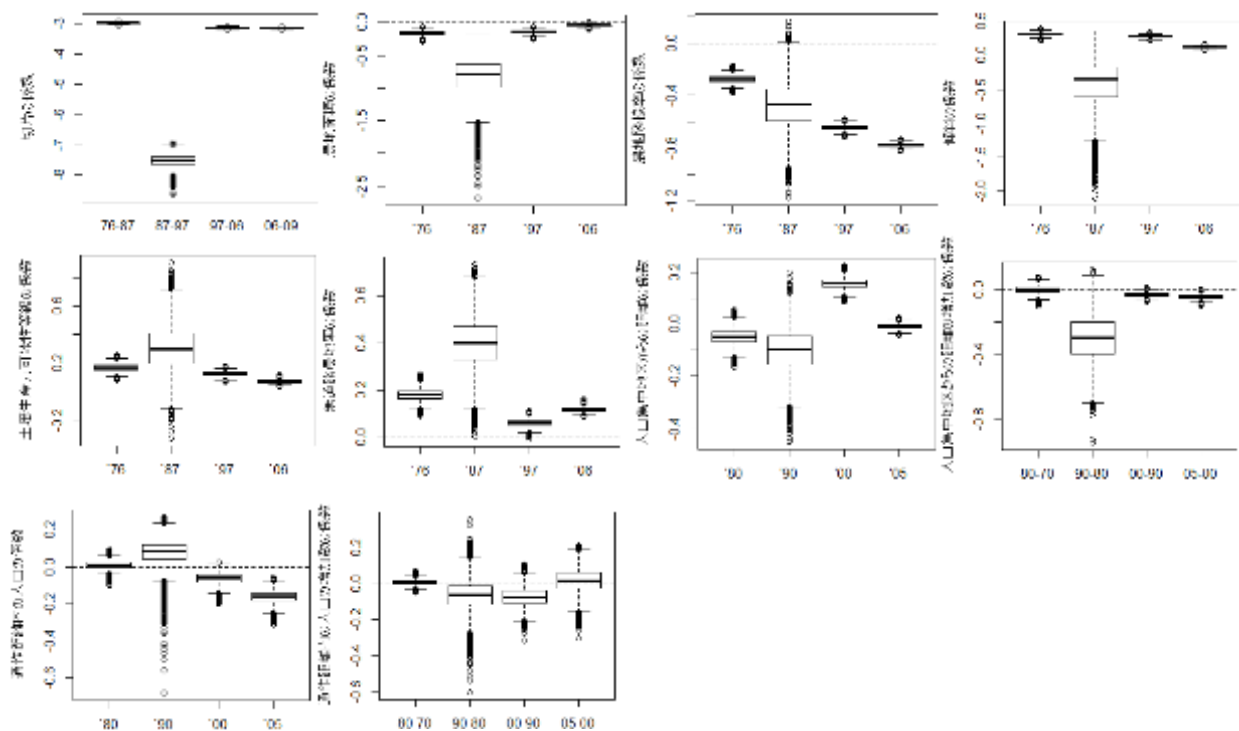
(1) 放棄・未利用農地発生パターンの解明と将来の土地利用変化の予測

過去30年間における農地利用の変化は地域・年度間で異なる傾向を示した(図(4)-2)。1976年と1987年の細分メッシュデータの比較では、森林や荒地から農地に変った農地(開発農地)と農地から森林・荒地に変った農地(放棄・未利用地)が全道各地で確認された。これは、1978～1987年度に実施された第4期北海道総合開発計画と1983～1992年度に実施された第3次土地改良長期計画において、優良農地の確保と再編が行われたことと一致する結果だった。一方、1987年と1997年の細分メッシュデータの比較では放棄農地の増加がほとんど確認されなかった。1988～1997年に実施された第5期北海道総合開発計画によると、この期間は、地域活性化のための農村開発・農地再整備が行われている。これを反映するように、同期間において開発農地が全道的に増加した傾向が確認された。しかし、1997年以降の細分メッシュデータの比較では、開発農地よりも放棄農地の増加が目立つようになった。これは、近年の農業活動の縮小傾向が土地利用を変化させつつあることを示す結果だと考えられる。



図(4)-2 放棄農地発生率(農地→荒地or森林、上)と開発農地発生率(荒地or森林→農地、下)。
100mメッシュの土地利用データを3次メッシュ(100mメッシュ100セル)ごとに集計した。
76-87は1976年と1987年の土地利用細分メッシュを比較・集計した結果である(他も同様)。

年代ごとの放棄・未利用農地発生要因を解析した結果、放棄・未利用農地発生要因は、年度間で同様の傾向を示す要因と異なる傾向を示す要因が存在することが明らかとなった（図(4)-3）。どの年度においても放棄農地率を増加させる要因としては、農地面積の小ささ、農地隣接率の低さ（農地の中心部ではなく辺縁部に位置する農地の割合）、土壌生産性可能性等級の低さ（正当な収量をあげ、または正当な土壌管理を行う上で大きな制限要因が存在する農地；1（良好）～4（土壌悪化の危険性がかなり大きい）、5（農地土壌ではない））、無道路農地率の高さが挙げられた。また、ほとんどの年度で放棄農地率を増加させた要因として、傾斜角度の大きさが挙げられた。一方、年度によって傾向が異なる要因として、通作距離内の人口（農地から半径約500m内の人口；500mは入植時の植民区画1区画分に相当）が挙げられた。人口は、1976年から1997年までは放棄農地発生率への影響はほとんど検出されなかったものの、1997年から2009年の放棄農地発生率には負の影響を与えるようになったことが示された。これらの結果から、これまでは「耕作に不適な農地」が放棄されていたが、近年はこれに加え、「人口が少ない農地」も放棄されるようになったことが示唆された。今後の人口減少社会において、人口減少は、放棄農地発生要因として、より影響力を増していく可能性がある。



図(4)-3 ブートストラップ法で推定した年代別の放棄農地発生予測モデルの切片と環境変数の標準化係数の推定値。

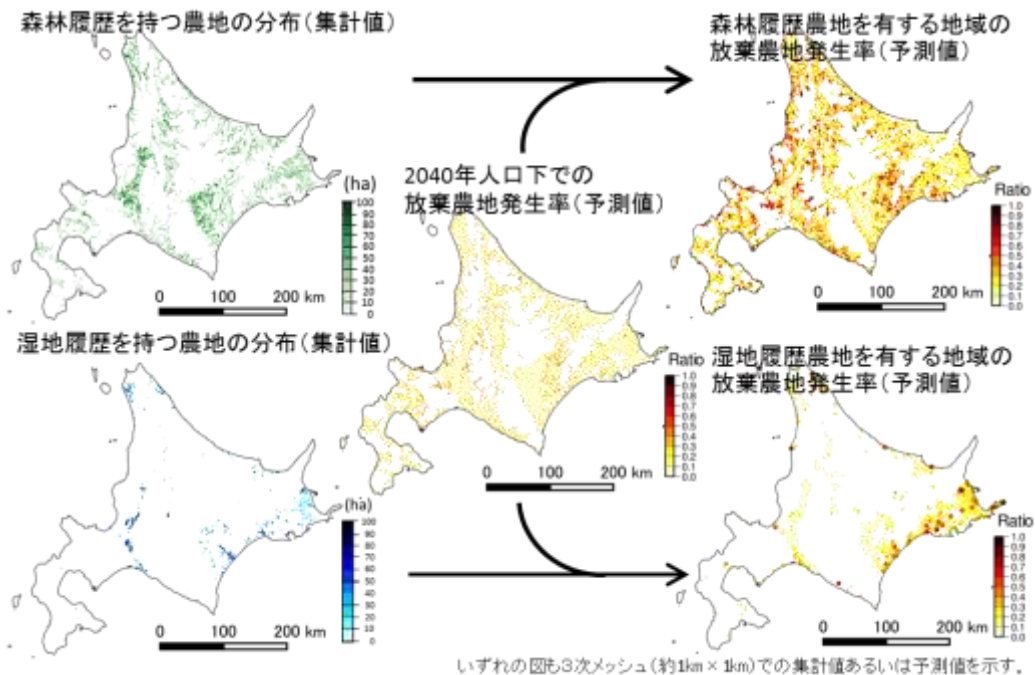
2006年から2009年における放棄・未利用農地発生率を用いて放棄・未利用農地発生予測モデルを構築した結果、放棄農地の発生は耕作地条件の悪さと人口の少なさによって予測された。影響力の強い要因としては、農地隣接率（4近傍ともに農地である農地の割合）の低さ、土地生産力可能性等級の低さ（正当な収量をあげ、または正当な土壌管理を行う上で大きな制限要因が存在する農地：1（良好）～4（土壌悪化の危険性がかなり大きい）、5（農地土壌でない））が挙げ

られ、通作距離内の人口（農地から半径500m内の2005年人口、500mは入植時の植民区画1区画分に相当）がそれに続いた（表(4)-1）。

表(4)-1 放棄・未利用農地発生予測モデルの切片と標準化回帰係数の事後平均と95%信用区間

変数	平均	95%信用区間
(切片)	-2.69	-2.81 - -2.56
農地隣接率	-0.94	-0.96 - -0.92
土地生産力可能性等級	0.38	0.37 - 0.40
通作距離内の人口	-0.19	-0.22 - -0.16
傾斜	0.06	0.04 - 0.07
湿地履歴農地率	0.04	0.02 - 0.05
人口集中地区からの距離	0.04	0.02 - 0.05
通作距離内の人口増加数	-0.03	-0.05 - -0.01
農地面積	-0.03	-0.05 - -0.01
人口集中地区からの距離差	-0.01	-0.03 - -0.00
無道路農地率	0.01	-0.00 - 0.03

このモデルに2040年人口の推計値（国土社会保障・人口問題研究所）から作成した将来人口の値を外挿し、2006年の農地が2040年人口下において未利用・放棄農地となる確率を予測した（図(4)-4）。予測された放棄地のうち、1920年代と1950年代の地形図における森林履歴を持つ放棄地には森林が再生し、1920年代、1950年代、2000年代の地形図における湿地履歴を持つ放棄地は湿地が再生すると仮定して履歴別に集計した（図(4)-4）。ここで、森林履歴を持つ放棄地はシマフクロウの営巣地あるいは移動経路として森林に再生し、湿地履歴を持つ放棄地はタンチョウの営巣地として湿地に再生するとして、（2）の将来シナリオに用いた。



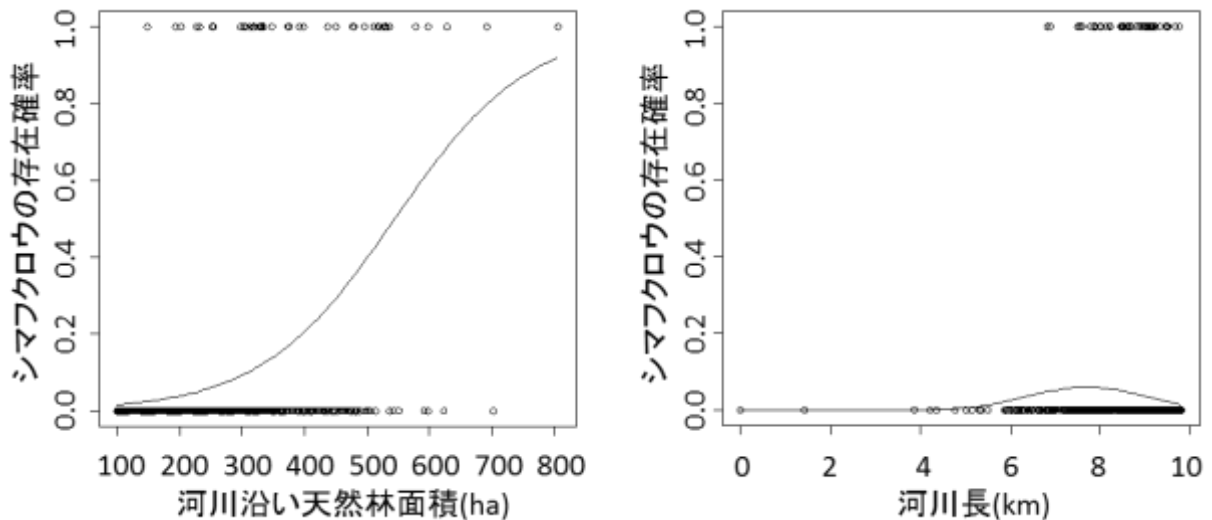
図(4)-4 2040年人口下での未利用・放棄農地発生予測

(2) 将来シナリオ下における生息地分布の推定

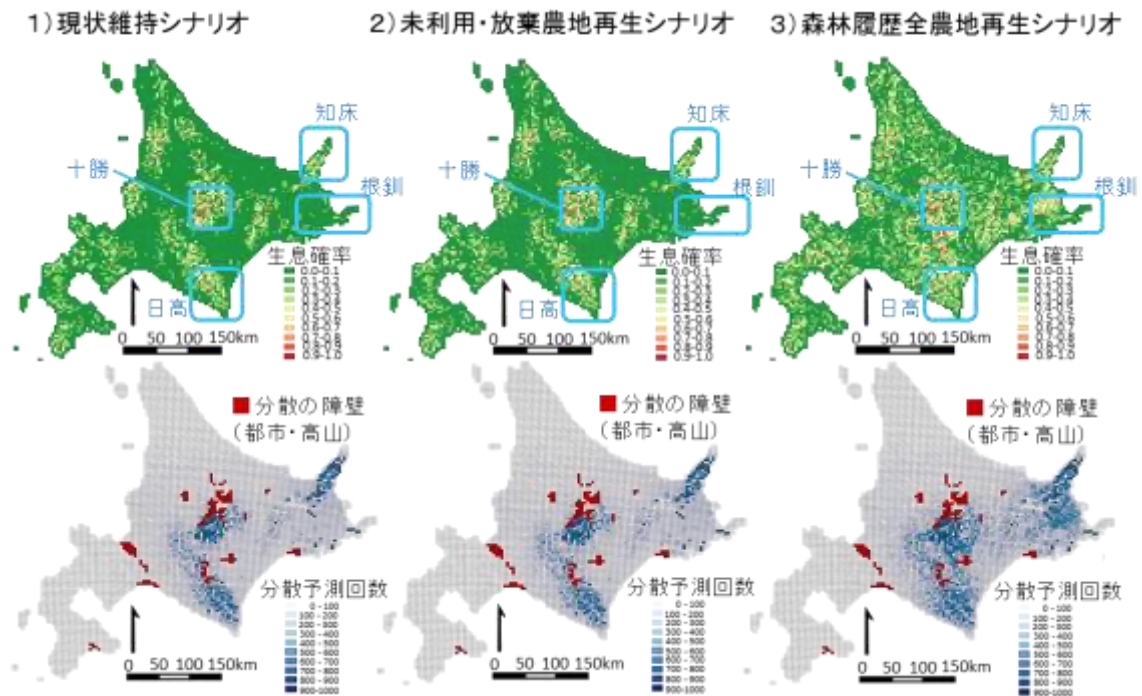
1) シマフクロウの生息地分布の推定

シマフクロウの生息は河川長と河川から300m以内の天然林率によって予測された(図(4)-5)。ここで、河川長は、餌となり得る生物の生息地の量を表すと考えられることから、餌資源量の指標となると考える。今回は、餌資源の質を表すと考えられるシマフクロウの主要な餌4魚種の潜在生息河川リーチ数によってモデルの当てはまりが有意に改善されることはなかった。このことから、餌環境評価のためには、餌資源の質(種数)より量(個体数)の把握が重要だと考えられる。

3つのシナリオを用いて50年後の分散をシミュレーションした結果、1)現在の環境が続いた場合は、知床個体群と根釧個体群の他地域への分散は期待できないが、日高個体群は北へ分散して十勝個体群と交流する可能性があること、2)2006年から2009年に放棄された農地のうち、河川から300m以内の森林履歴を持つ放棄農地に森林を再生するシナリオにおいても、現状のまま分散させた結果と大差ないこと、3)2006年の農地のうち、河川から300m以内の森林履歴を持つ全ての農地に森林を再生するシナリオの下では、根釧台地や十勝平野に生息適地が再生されることによって、知床個体群や根釧個体群を含むすべての個体群の分散が可能となり、個体群間の交流が進む可能性があることが予測された(図(4)-6)。シマフクロウ個体群の交流を促すためには、特に現在生息適地が不足している根釧台地や十勝平野において、河畔林履歴を持つ農地などを利用して、積極的に河畔林を再生することが必要だと考えられる。



図(4)-5 各説明変数の変化に応じたシマフクロウの存在確率の変化



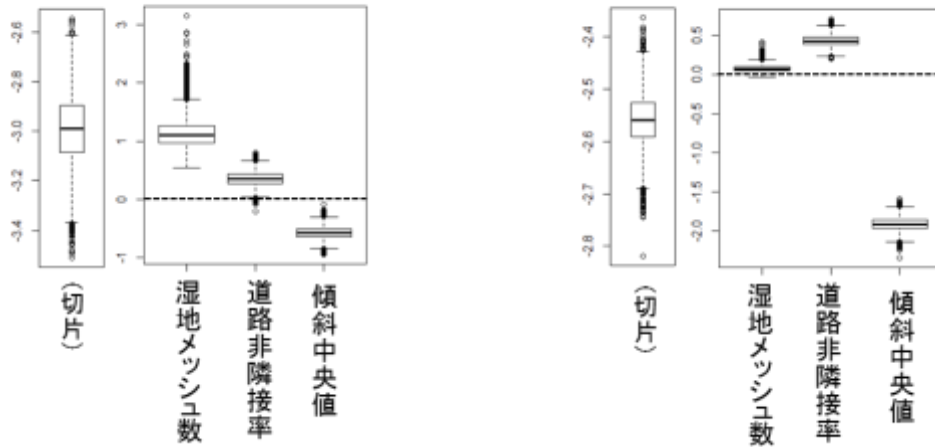
図(4)-6 各将来シナリオにおけるシマフクロウの潜在生息確率（上）と分散予測回数（下）

2) タンチョウの営巣地分布の推定

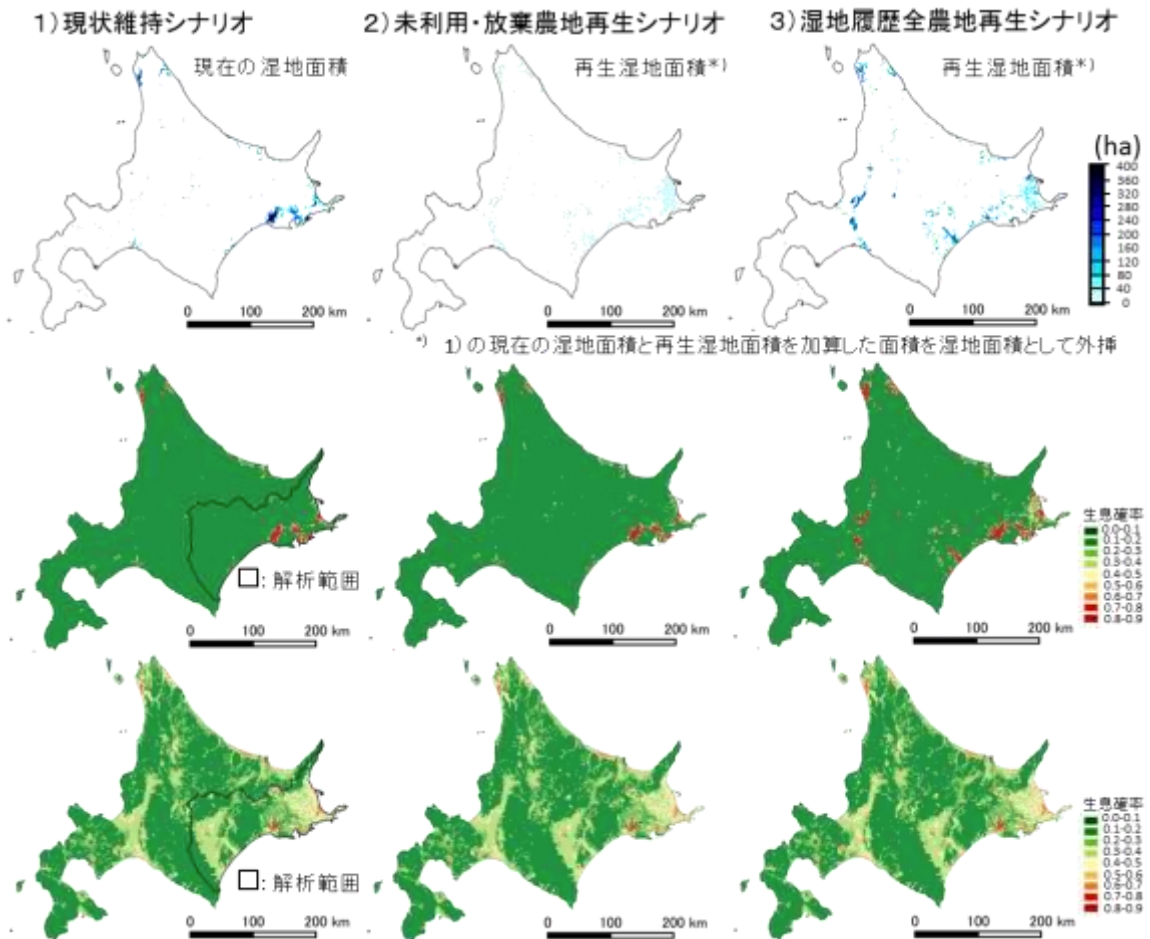
タンチョウの営巣は湿地面積、道路非隣接率、傾斜によって予測された（図(4)-7）。ここで、湿地面積は巣材及び餌資源の量を、道路非隣接率はキツネなどの外敵のアクセス性を、傾斜は営巣しやすさを指標すると考える。自然状態と農業依存状態の営巣確率予測モデルを比較すると、自然状態のモデルでは湿地が最も影響力が強かったが、農業依存状態のモデルでは湿地が最も影響力の弱い要因となった。

3つのシナリオを用いて営巣適地を予測したところ、湿地履歴を持つ農地に湿地を再生することで、自然状態で営巣できる環境を再生できる可能性があることが示された（図(4)-8）。ただし、人口減少に伴って発生する放棄農地を再生地に用いただけでは営巣適地は微増したにすぎなかったため、営巣適地再生のためには、湿地履歴を持つ農地に積極的に湿地を再生していくことが必要だと考えられる。

自然状態での営巣適地モデルの標準化係数 農業依存状態での営巣適地モデルの標準化係数



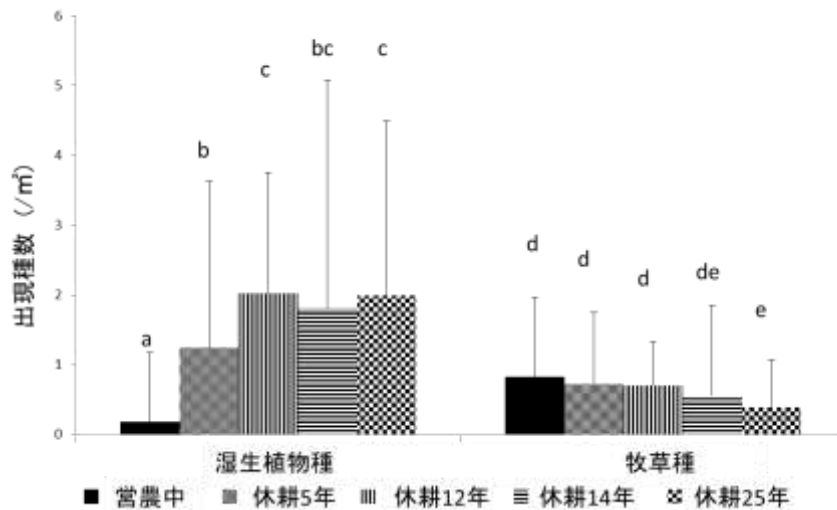
図(4)-7 タンチョウの営巣適地モデルの切片と環境変数の係数の推定値



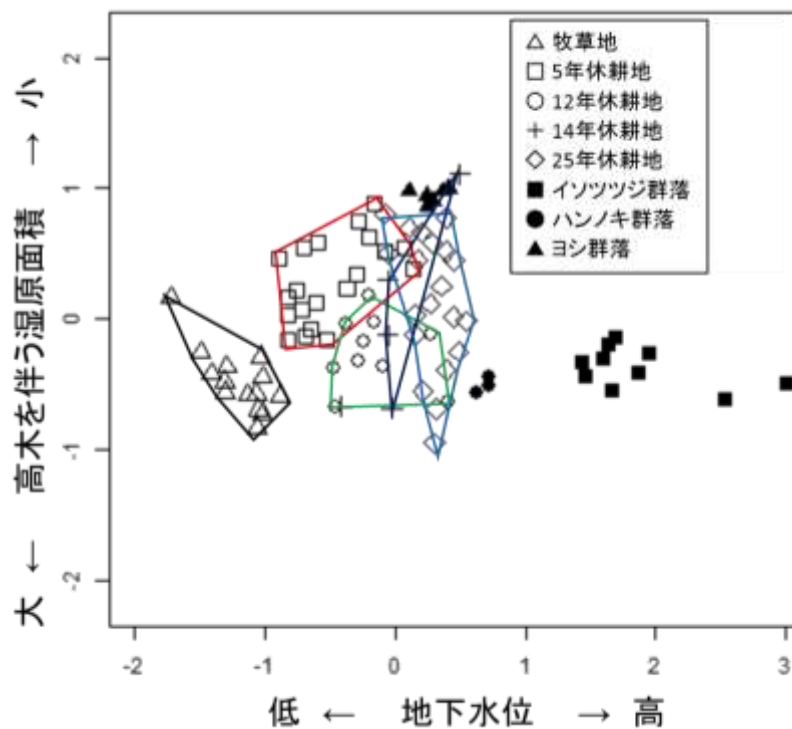
図(4)-8 各シナリオで設定した湿地面積（上）と各シナリオの環境条件下で予測されたタンチョウの自然状態での営巣確率（中）と農業依存状態での営巣確率（下）

(3) 放棄・未利用農地における植生遷移パターンの解明と植生復元手法の検討

牧草地の管理停止から6年経過すると、湿生植物種が急増したが、牧草種の完全な衰退には至らなかった（図(4)-9）。休耕直後に地下水位が上昇し、25年後には残存湿地の低層湿原に近い種組成となった（図(4)-10）。休耕牧草地の周辺にハンノキなどの高木種を含む湿原が多い場合はハンノキ-ホザキシモチケ群落になるが、少ない場合はヨシ-クサヨシ群落になることが明らかになった。牧草種が残ることから、自然の遷移に委ねるだけでは、開拓前の湿原の再生は困難であることが予想された。



図(4)-9 休耕に伴う湿生植物種と牧草種の推移

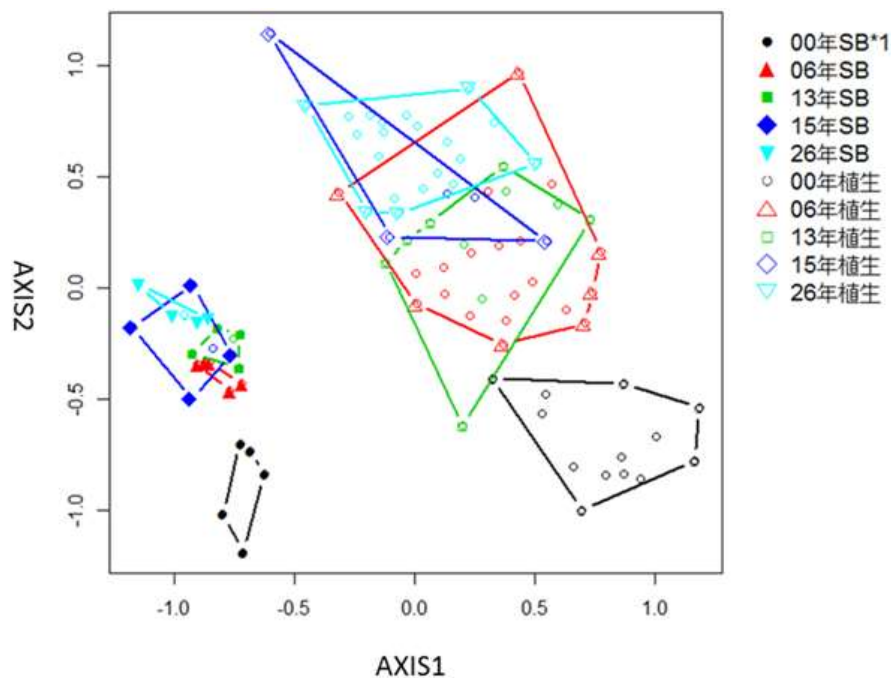


図(4)-10 地上植生の種組成

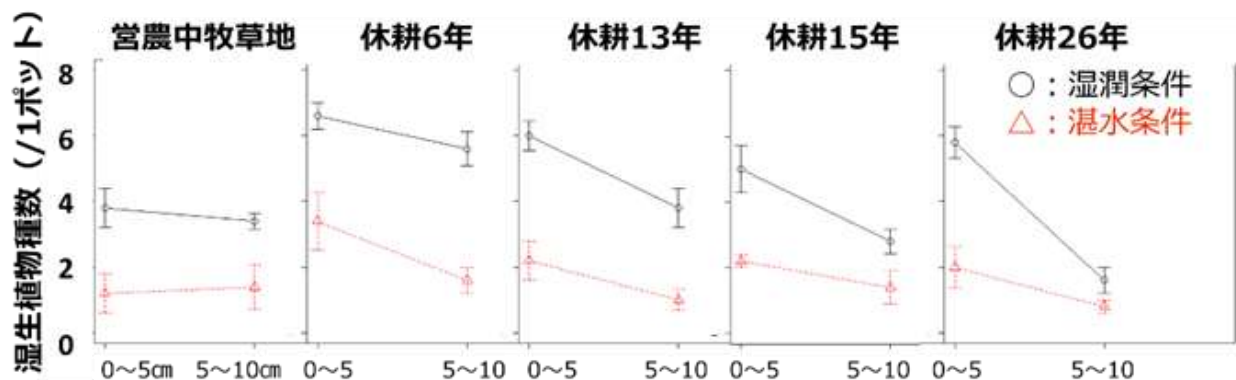
一方、土壌シードバンクからは、牧草種が出現せず、牧草種以外の外来種の出現も非常に限ら

れていた（表(4)-2）。また、地上植生と土壌シードバンクの種組成は一致せず（図(4)-11）、地上植生にはない湿生種が土壌シードバンクには存在することが明らかとなった。これは、湿原再生における土壌シードバンクの利用可能性を期待させる結果である。休耕年の若い地表面（0 cm～5cm）の土壌を湿潤条件においた水準で出現種数が最も多くなった（図(4)-12）。ただし、休耕13年～26年で湿生種の出現種数は減少しないこと、より深い深度や湛水条件でのみ出現する希少種もあることから（表(4)-3）、多様な条件の確保が多様な湿生種の再生につながると考えられる。

具体的には、排水溝を埋め戻すなどして休耕牧草地を湿潤条件・あるいは湛水条件下におき、牧草が地上に残っている部分を中心に地表面を耕起しシードバンクから新たな湿生植物種の再生を促す工法が考えられる。



図(4)-11 地上植生と土壌シードバンクの種組成の比較



図(4)-12 埋土種子に含まれていた湿生種数

表(4)-2 営農中及び休耕牧草地のシードバンクと地上植生の主要構成種

休耕年数	休耕牧草地シードバンク	個体数種密度 (/m ²)	休耕牧草地地上植生	被度 (%)
0年	イ	986.79	オオアワガエリ	90.00
	ヒメコウガイゼキショウ	63.14	シロツメクサ	48.00
	コナスビ	60.80	ナガバギシギシ	22.80
	オオバコ	32.74	セイヨウタンポポ	20.80
	オオヨモギ	28.08		
	スカシタゴボウ	28.08		
	クサヨシ	25.72		
	エゾオトギリ	21.06		
	ヒメタデ	21.06		
6年	イ	1536.31	ミゾソバ	73.20
	スカシタゴボウ	622.00	ナガハグサ	47.20
	ノミノフスマ	194.08	オオアワガエリ	48.40
	クサヨシ	166.02	クサヨシ	46.20
	イワノガリヤス	128.61	スギナ	41.00
	エゾヌカボ	128.61	イワノガリヤス	27.20
	ハルタデ	53.78	ハイキンポウゲ	27.20
	ハイキンポウゲ	46.77		
	アカバナ	35.08		
	エゾクサイチゴ	28.08		
	イヌタデ	25.72		
	ドジョウツナギ	21.05		
	13年	イ	724.89	オオアワガエリ
オオヨモギ		289.96	ミゾソバ	52.20
イワノガリヤス		86.52	ナガボノワレモコウ	52.20
エゾヌカボ		86.52	ナガハグサ	48.20
エゾクサイチゴ		74.83	ホザキシモツケ	42.00
スカシタゴボウ		65.47	ヨシ	40.00
クサヨシ		44.43	クサヨシ	28.40
			イワノガリヤス	26.00
15年	イ	484.04	ナガボノワレモコウ	60.40
	イワノガリヤス	70.15	クサヨシ	52.40
	エゾヌカボ	70.15	オオアワガエリ	44.00
	クサヨシ	60.80	ナガハグサ	36.00
	オオヨモギ	42.09	ホソバイラクサ	36.00
			カラマツソウ	32.40
			アカネムグラ	32.00
			オオヨモギ	32.00
			ミゾソバ	24.80
			イワノガリヤス	24.00
			ヒメシダ	24.00
26年	イ	818.43	クサヨシ	69.20
	エゾクサイチゴ	93.53	ホザキシモツケ	40.20
	エゾオトギリソウ	77.17	ナガボノワレモコウ	40.00
	スカシタゴボウ	56.12	ナガハグサ	37.40
	イワノガリヤス	51.44	スギナ	30.20
	エゾヌカボ	51.44	イワノガリヤス	22.40

クサヨシ	49.11	ヒメシダ	21.00
		ミゾソバ	20.40

表(4)-3 希少種と外来種が出現した実験設定条件

希少種	休耕年数	サンプル採取深度	水位設定	外来種	休耕年数	サンプル採取深度	水位設定
エゾオトギリ	0年	0～5cm	湿潤	ノハラツメクサ	0年	5～10cm	湿潤
	0年	5～10cm	湿潤		6年	5～10cm	湿潤
	26年	0～5cm	湿潤		13年	5～10cm	湿潤
					15年	5～10cm	湿潤
チシマミクリ ^{*1 *2}	13年	0～5cm	湛水		26年	5～10cm	湿潤
ヌマゼリ	13年	0～5cm	湛水	ヒメムカシヨモギ	0年	5～10cm	湿潤
					13年	5～10cm	湿潤
ヒメタデ	0年	0～5cm	湛水				
	0年	5～10cm	湿潤				
	0年	5～10cm	湛水				
	13年	5～10cm	湛水				
ヤナギヌカボ ^{*1}	0年	5～10cm	湛水				

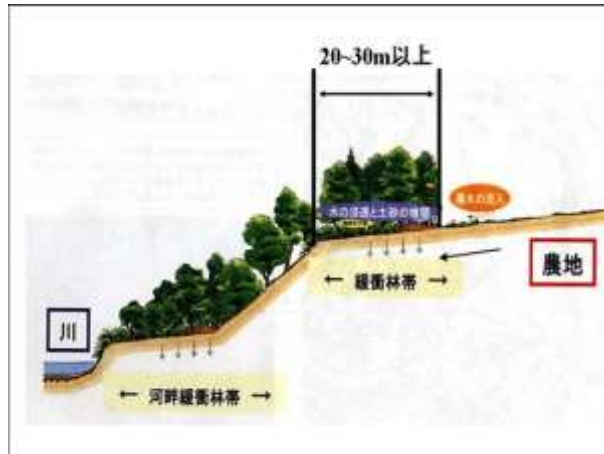
*1：環境省レッドリスト *2：北海道レッドリスト

(4) 生物多様性保全に係る社会的合意形成方法の検討

1) 林業地域における野生生物（シマフクロウ）への生息地提供可能性

市町村森林整備計画を調査した結果、生物多様性保全に配慮した記載がある市町村は限定的であることが明らかとなった。礼文町や黒松内町など、自然環境保全とそれを活用したツーリズムが活発な地域では希少種保全や森林再生が計画内容として記載されていたが、こうした市町村は例外的な存在であり、また生産林を対象とした計画内容ではなかった。生産林を対象とした生物多様性に関する計画内容がみられたのは標津町や厚岸町をはじめとする道東地域の市町村での河畔域保全に限定されていた。これら地域では水産業が盛んであり、酪農による水質保全が問題となっていたこともあって、水質保全の取り組みが進んでおり、これを受けて森林整備計画の中に河畔域保全のルールが組み込まれていた。河畔域保全ルールを初めて森林整備計画に取り入れたのは標津町で、2007年に森林整備計画に「・・・水辺林の伐採にあたっては・・・原則、段丘肩の部分から20～30m以上残すこととする」という規定を定め、これを伐採届の審査などの基準とすることとして河畔域の保全を進めてきた(図(4)-13)。

この後厚岸町も河畔域の保護を森林整備計画に盛り込んだほか、根室振興局管内で国有林も含めて河畔域保全を連携して進める取組も進みつつある。



図(4)-13 河畔域保全の取り組みのイメージ

以上のように、森林計画に環境配慮のルールを組み込むことは可能であるが、森林施業ルールの設定が地域の課題として重要であるという認識を共通のものとし、社会的な支持を形成することが重要といえる。生物多様性保全を地域社会での課題と結びつける、あるいは生物多様性自体を重要な課題として共有の認識とし、そのために施業のルールを導入することへの合意形成を行うことで、森林計画に生物多様性保全に関わるルールを組み込むことが可能になるといえる。

一方こうした取り組みを進めるために問題となるのは市町村における森林行政の脆弱さである。例えば、2011年に北大と北海道森林計画課が共同で行った道内全市町村に対するアンケート調査では、林務関係の単独の係がある市町村は約36%であり、市町村当たりの林務担当の専任職員数は1.2人であった。また、職員全体の中で大学または高校で森林を専門としたものは8%に過ぎず、林務担当の経験年数は2年以下がほぼ半数を占め、8割が5年以下であった。このように組織面でも専門性の面でも森林行政を実行するうえで大きな課題を抱えており、ほとんどの市町村が森林行政や森林計画制度の運用にあたって課題があるとしていた。

こうした状況の中で標津町がルールの設定とその実施ができたのは、大学の森林科学科卒の職員が採用され、この職員が中心となって河川保護という地域課題を施業ルールへ具体化し、行政内の合意を形成して行政計画にルールとして書き込むことができたためである。さらに、伐採届の運用に際して河畔域保全ルールを厳格に適用して、伐採届に記載された伐採対象林分が緩衝林帯にかかっている場合には現地で伐採できない部分を明示して、その実行を説得していくことを繰り返すことで、地域の中でルールを遵守する必要性が共有されてきた。

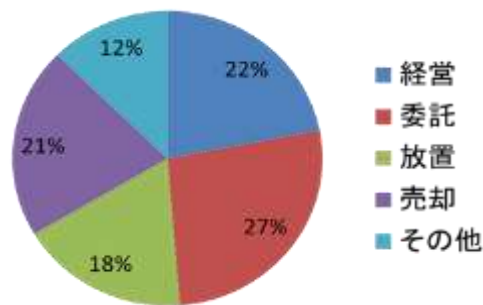
ただし、市町村が森林専門の行政職員を確保することは容易ではない。こうした点で専門的人材集団を持っている道林務行政などとの連携が重要である。例えば南富良野町では町独自のマスタープランを策定するにあたって、道の林務職員に出向してもらい、この職員と町職員、さらには町内外の専門家が協力してマスタープランを策定し、イトウを保護するための河畔域保全をプランに組み込んでいる。

このように森林計画の中で生物多様性への配慮をルール化してそれを実行してくためには、市町村林務体制の強化が必須である。

次に、森林所有者に対して実施した意向調査の結果を示す。回答者の森林所有者の属性は、平均年齢が69歳、また世帯主の修業はその他192名、農業131名、畜産・酪農74名であった。その他

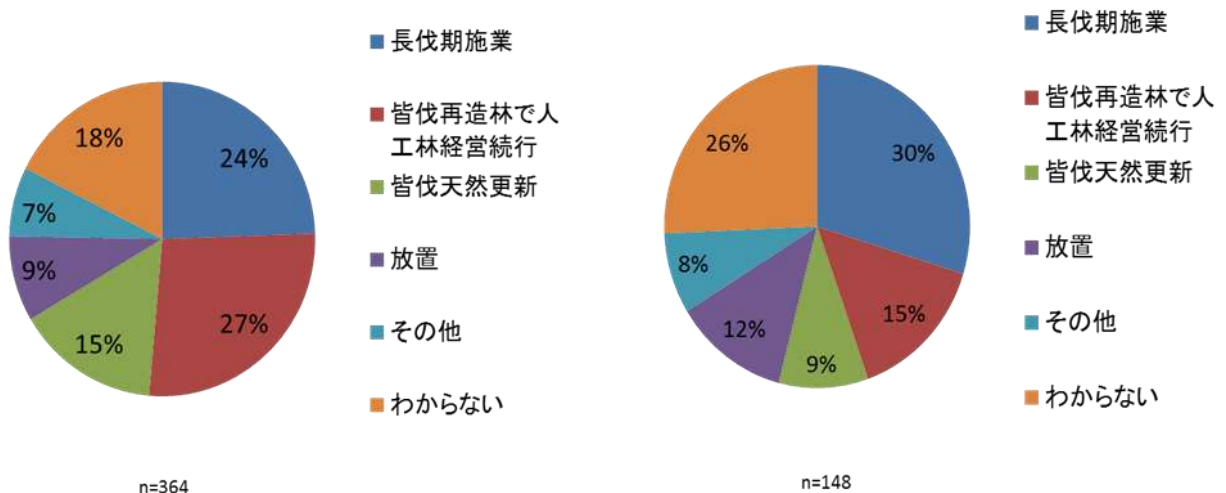
はリタイヤ層だと考えられる。所有森林の後継者が確保できているかについては、いるが26%、いないが50%、未定が24%だった。所有者の平均年齢が69歳であるにもかかわらず、後継者が確保できている所有者が26%に過ぎないという結果から、私有林の世代間継承が大きな問題となっていることが示唆された。

所有森林の経営意向の回答をまとめた結果、本人または後継者で経営を続けるが22%、委託するが27%と何らかの形で林業経営を続けるものが約半数であったが、放置するが18%、売却するが21%など、林業経営を放棄する比率がかなり高かった（図(4)-14）。なお、委託と回答したもののうち91%が委託先として森林組合を選択した。なお、後継者がいるもの、所有規模が大きいもの、在村のものが、経営意欲が高い傾向にあった。



図(4)-14 所有山林の経営意向

次に、人工林の経営意向の結果を示す（図(4)-15）。カラマツ林については、長伐期施業が24%、皆伐再造林で人工林経営を続けるが27%で、両者を合わせて51%が人工林経営を続ける意向を持っていた。トドマツ林に関しては、長伐期施業が30%、皆伐再造林で人工林経営を続けるが15%で、両者を合わせて45%が人工林経営を続ける意向を持っていた。このように山林経営意向と同様、経営を続けるという所有者は半数程度であり、皆伐天然更新や放置を選択した所有者も少なからず存在した。また長伐期施業を選択した所有者は、明確な施業方針があるというよりは判断先送りという側面が強いと考えられ、経営条件が厳しい中で人工林経営の先行きは不透明な部分が多いといえる。

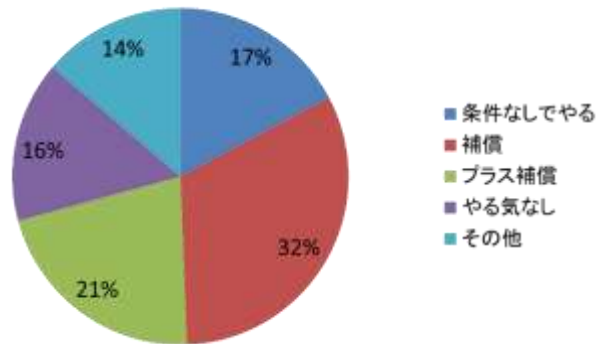


図(4)-15 カラマツ人工林の経営意向(左)とトドマツ人工林の経営意向(右)

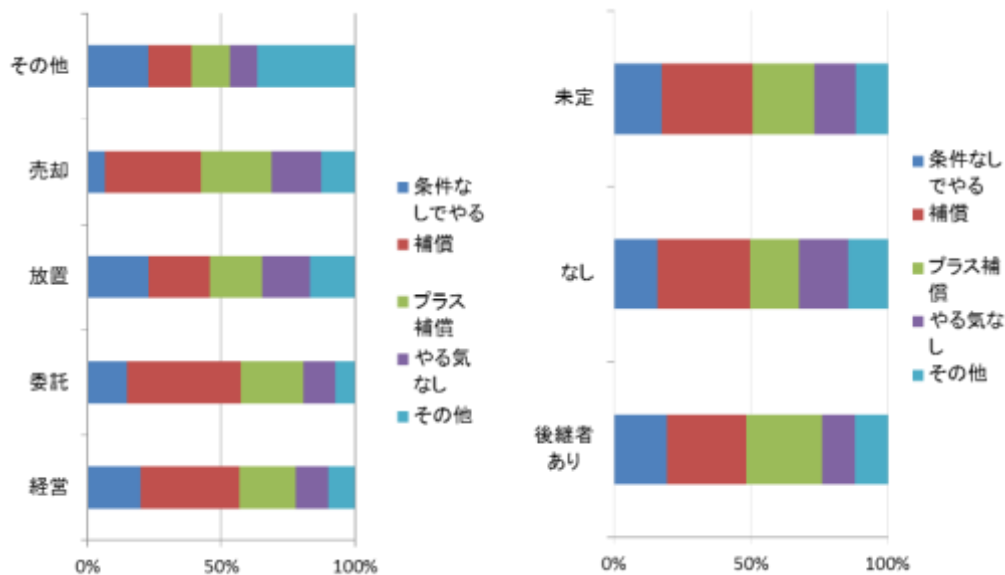
生物多様性保全に配慮した施業として、伐採時の広葉樹保残木施業と希少種保護のための河畔林保護などの施業規制の二つを設定した。前者は人工林経営に生物多様性保全を組み込むことを想定したもので、人工林皆伐にあたって枯損木や広葉樹を残存させるという施業方法であり、後者は希少種保護のために広域的な生態系保全の観点から河畔域やまとまりのある広葉樹のパッチを保全することを想定したものである。

保残木施業の意向を聞く前に、回答者である森林所有者に、所有山林に生息している生き物に関心があるかを聞いた結果、あるが53%、どちらともいえないが28%、ないが20%であった。

保残木施業については、保残木施業の意味と通常の施業よりも費用がかかり増しになるという説明をしたうえで、受容するかの意向を聞いた。その結果、条件なしでやるが17%、保残木施業実施に伴うコスト増の補償があればやるが32%、コスト増プラス上乘せ補償があればやるが21%となり、やる気がないは16%であった(図(4)-16)。また、所有山林の経営意向別、跡継ぎの有無別にクロス集計したところ、自身で経営を続けるまたは委託するなど何らかの形で経営をする意思がある所有者、後継者がいる所有者で施業を受容する意向が高い傾向がみられた(図(4)-17)。



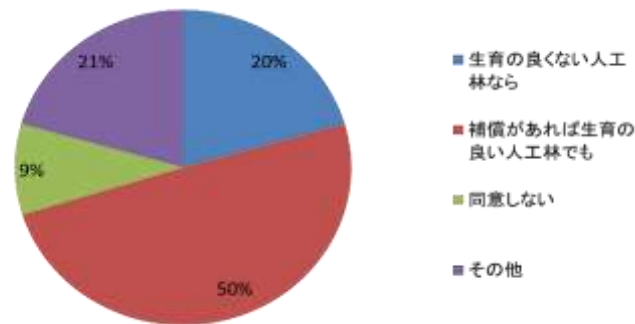
図(4)-16 保残木施業の受容意向



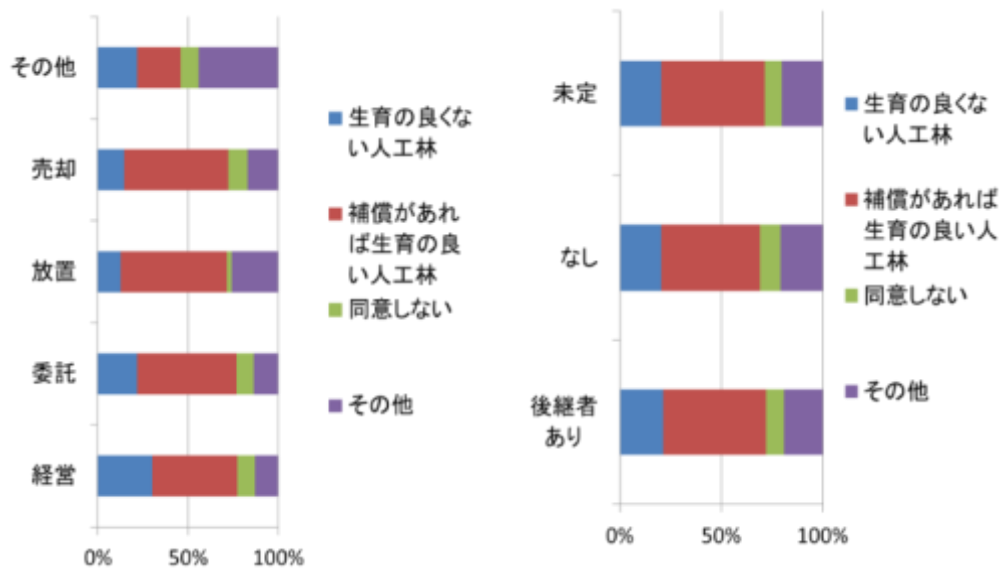
図(4)-17 所有山林の経営意向別・跡継ぎ別保残木施業の受容意向

希少種保護の施業規制への意向を聞く前に、回答者である森林所有者に、シマフクロウなどの希少種保護への関心があるかについて聞いたところ、関心があるが61%、どちらともいえないが26%、ないが13%であった

次にシマフクロウなどの希少種の保護するためには、河畔域の保全やまとまった広葉樹林が必要となることを説明し、こうした森林を保全するための施業規制を受け入れるかについて聞いた。その結果、生育不良の人工林なら同意するが20%、補償があれば生育の良い人工林でも同意するが50%であり、同意しないが9%であった(図(4)-18)。また経営意向や後継者の有無によって、規制の受容意向にあまり大きな差がないことが分かった(図(4)-19)。



図(4)-18 森林保全のための施業規制の受容意向



図(4)-19 所有山林の経営意向別・跡継ぎ別森林保全のための施業規制の受容意向

以上より、生物多様性保全型施業を進めるためには第1に所有者や経営委託先となる森林組への普及教育が必要である。所有者の多くはこうした施業を受容する意向を持っており、また比率では少ないが経済的なインセンティブなしでも実行する意向をもつ所有者が存在する。これら所有者に具体的な施業の手法を普及することで環境配慮型施業が進む可能性がある。ここで留意すべきは、地域の森林行政の前線にいる市町村職員や普及指導職員の生態系保全やそれを進めるための施業についての知識が脆弱である点である。このため、これら技術者に対する教育・啓発を進

め、地域に即した配慮型施業のガイドラインを専門家も入って策定することが必要である。

第2には経済的なインセンティブの供与である。森林所有者へのアンケート結果からは補償等の措置によって環境配慮型施業が進む可能性が示されたが、現行の補助金体系ではこうした補償措置は考えられていない。財源を伴うものなので、現実化は困難だが、優先度の高い市町村での独自施策の検討や、道や国などへの働きかけを検討する必要がある。

2) 農業地域における野生生物（タンチョウ）への生息地提供可能性

収集した売買事例は、2010年度から2014年8月までの53ヶ月分である。我が国の農地制度において、売買は「農地法」（3条）によるものと、「農業経営基盤促進法」により処理されるものの2種類がある。このうち、町農業委員会が農地評価の実施対象としているのは後者のみである。その合計は63件・1,404haであったが、農地評価区分別の集計に必要な「価格算定表」の記録を利用し得る事例は、30件・503haであった（表(4)-4）。

表(4)-4 売買事例の農地区別集計結果

	農地A	農地B	農地C	農地D	農地E
(万円/ha)	(60)	(55)	(50)	(45)	(40)
面積	78.0	88.5	88.5	44.3	57.7
%	15.5	17.6	17.6	8.8	11.5

	農地特例	可耕地	湿地A	湿地B	その他
(万円/ha)	(35)	(30)	(5)	(1)	(20)
面積	4.8	9.3	2.8	120.5	8.5
%	1.0	1.8	0.6	24.0	1.7

（資料）浜中町農業委員会資料によって集計・作成。

ここでは、農地Aから「農地特例」までが2区分中の「農地」に該当し、その面積は全体の72%を占めている。他方、残る「可耕地」から「その他」までが「採草放牧地」の区分に該当し、このうち「湿地B」の占める割合が高いという結果を得た。ここで示した合計10区分の中でも「湿地B」の割合が最も大きく、全体の24%とほぼ4分の1を占めている。つまり、ここで示した売買事例の集計結果の限りではあるが、地域に所在する農地のほぼ4分の3は無条件で生産的利用に供し得るが、残る4分の1はそれに該当せず、「草地利用に不適」と評価される農用地である。この事実が、現場レベルで認識されている「谷地」の存在を裏づけるものである。この「湿地B」区分の存在は、集計対象とした30件すべてで確認される。

この「湿地B」の具体的な存在形態を、農業委員会が保有する圃場図（航空写真）によって確認した（図(4)-20）。今回は30haの売買事例の中の1団地の事例を示す。このケースでは「湿地B」が全部で5ヶ所あり、草地に隣接して存在している。作業の利便性からも、整形の圃場利用を確保しようとするればこの部分も含めて草地にするのが適当だと考えられるが、そうになっていない。「湿地B」が「草地にできない」と評価されるのは、このような現実を反映したものである。その分布は、かなりの個性があるが、比較的まとまった面積で所在する地片も確認される。零細・分散的に所在する他の農地と比べても、保全対象地としての提供可能性はより高いと考えられる。



図(4)-20 「湿地B」の所在例

5. 本研究により得られた成果

(1) 科学的意義

近年の人口減少が、土地利用の駆動要因として機能し始めた可能性を示すことができた。今後予測されている急激な人口の減少は、土地利用変化の駆動要因として農地や都市の土地利用を変化させ、人間の開発圧から解放される土地を増加させる可能性がある。また、人口減少に伴う土地利用の変化が2種の生息地の分布を変化させる可能性について検証できた。人口減少の影響を生物分布と関連させて示した本研究は、新しい示唆を与える研究として意義深い。

これまで、植物の分散予測のために用いられてきたシミュレーション方法を、絶滅危惧種の動物に応用して、将来の分散を予測することに成功した。

これまで、長期にわたる耕作で湿原シードバンクが失われてしまった場所では、近隣に自然湿原があったとしても、もとの湿原に戻ることは困難だろうと推察されてきたが、周辺に湿原が一定以上存在していれば、風散布種を主体とする低層湿原へ遷移することが可能であること示すことができた。これまで、地下水位や、周辺湿原からの種子散布が、放棄農地の自然遷移に与える長期的な影響を検証した例はほとんどなく、先行事例も牧草種が在来種であるヨーロッパに偏っており、牧草が外来種であり、制御が深刻なアジアでの実態解明が求められていた。

酪農経営が利用している農地を野生生物の生息地として提供してもらうための、働きかけの対象となり得る酪農経営と農地の存在状況を明らかにできた。

農地評価が実施されている売買実例を利用することで、現場レベルで「谷地」と呼称されている草地利用の不適地（もしくは低利用状態の草地）の存在量を把握することに成功した。事例地域においては、農地評価区分のうちの「湿地B」がそれに該当し、売買実例を集計した面積ベースではその4分の1を占めるなど、量的なウェイトが大きいことも併せて示した。これらは、酪農における土地利用の現状に即して検討した時に、タンチョウなど野生生物の生息環境とするための「保全対象農地」として提供できる可能性のある土地だといえる。

(2) 環境政策への貢献

<行政が既に活用した成果>

自然再生基本方針の見直しが行われるにあたり、中央環境審議会ならびに自然再生専門家会議委員として参画し、本研究成果に基づき提言したほか、環境省の「湿地の経済価値評価検討会」座長、ならびに「生態系サービス定量評価ヒアリング」委員として参画し、湿地・陸水域の生息・生育地サービスについて本研究成果をもとに意見を述べた。また、地域と連携した森林生態系保全検討会において、北海道道有林関係者へ向けて、研究成果を紹介しながら森林管理について助言を行った。

<行政が活用することが見込まれる成果>

環境省及び林野庁が進める「シマフクロウ生息地拡大に向けた環境整備計画」に対し、本研究で開発したシマフクロウの分散シミュレーション方法を活用して、保全地域や再生地域の選定について提言することができる。実際に、平成27年度に具体的な分散候補地や取り組みを策定する作業部会が設置することが決定しており、そこで本研究成果が紹介される予定である。

国交省が整備を進めている千歳川遊水地群の整備計画に参画し、遊水地に湿地生態系を再生する計画について、本研究成果に基づき提言を行っている。平成27年度から、千歳川河川管理事務所などと共同で湿地再生のための実験も開始した。本地域は、遊水地を治水目的のみならず、自然再生の場として活用する先駆的な事例となる可能性がある。

野生生物（タンチョウ）の生息環境として「保全対象農地」として、生産的利用に不適であるため積極的な取得の対象とはならないが売買に際しての「一括処分」の慣例により農業者に保有される「湿地B」（現場レベルでは「谷地」）などの土地を、公的機関等が保有する際の、経済面での可能性や必要となる措置（農業者の環境保全意識の醸成と保全活動に関与できる仕組みの創設、アメリカ農政の保全プログラムやEU農政の環境直接支払いのような環境保全を意識した営農を実践する農業者へのインセンティブの供与）について提言することができる。

6. 国際共同研究等の状況

特に記載すべき事項はない。

7. 研究成果の発表状況

(1) 誌上発表

<論文（査読あり）>

- 1) H. KAWAI, S. NAGAYAMA, H. URABE, T. AKASAKA and F. NAKAMURA: Environ biol fish, 97:575-586 (2014)
“Combining energetic profitability and cover effects to evaluate salmonid habitat quality “
- 2) N. ISHIYAMA, T. AKASAKA and F. NAKAMURA: Aquatic Sciences, 76:437-449 (2014)
“Mobility-dependent response of aquatic animal species richness to a wetland network in an agricultural landscape.”
- 3) F. NAKAMURA, N. ISHIYAMA, M. SUEYOSHI, J. NEGISHI and T. AKASAKA: Restoration Ecology, 22:544-554(2014)

“The significance of meander restoration for the hydrogeomorphology and recovery of wetland organisms in the Kushiro River, a lowland river in Japan”

<査読付論文に準ずる成果発表>

特に記載すべき事項はない。

<その他誌上発表（査読なし）>

特に記載すべき事項はない。

(2) 口頭発表（学会等）

- 1) 柴田昌俊、森本淳子、三島啓雄、比嘉基紀、志田祐一郎、中村太士：日本生態学会第60回大会（2013）
「湿原域における放棄牧草地の植生遷移を決定する要因」
- 2) 小林慶子、比嘉基紀、中村太士：日本生態学会第61回大会（2014）
「自然再生地選定に向けた耕作放棄地の広域分布の抽出と検証」
- 3) 柴田昌俊、森本淳子、村野道子：日本生態学会第61回大会（2014）
「湿原域における放棄牧草地の自然回復をめざしたシードバンクの解明」
- 4) 吉井千晶：日本鳥学会2014年度大会(2014)
「巢の位置データからシマフクロウの生息環境を推定する」（「鳥好きのためのGIS入門（その2）」）
- 5) 森本淳子、柴田昌俊：日本緑化工学会大会(2014)
「湿原域における放棄牧草地の土壌シードバンク」
- 6) 柿澤宏昭、立花敏、小野理、庄子康、鳥野亮祐：林業経済学会2014年秋季大会（2014）
「北海道東部における森林所有者の経営意識と環境配慮意向」
- 7) 吉井千晶、山浦悠一、小林慶子、竹中健、赤坂卓美、中村太士：日本生態学会第62回大会（2015）
「個体群再生計画下でのシマフクロウの分散：動的分布モデルを用いた予測」
- 8) 小林慶子、正富欣之、比嘉基紀、金子正美、中村太士：日本生態学会第62回大会(2015)
「人口減少に伴う耕作放棄地の発生予測と自然再生地としての利用可能性」
- 9) 森本淳子、柴田昌俊、志田祐一郎、村野道子、中村太士：日本生態学会第62回大会(2015)
「湿原域の放棄牧草地における自然再生の可能性」
- 10) 柴田昌俊、森本淳子、志田祐一郎、中村太士：第126回日本森林学会大会(2015)
「湿原域における放棄牧草地と残存湿地の土壌シードバンクの比較」
- 11) F. NAKAMURA, J. MORIMOTO, H. KAKIZAWA, H. HIGASHIYAMA, M.KANEKO, M. HIGA, Y. KOBAYASHI, C. YOSHII and M. SHIBATA：Vth International Wildlife Management Congress, Sapporo, Japan, 2015
“Possibility of habitat restoration associated with future land-use change in Hokkaido”（アブストラクト提出済み）

(3) 出願特許

特に記載すべき事項はない。

(4) 「国民との科学・技術対話」の実施

- 1) 柿澤宏昭：森林所有者へのアンケート結果の紹介と意見交換（北海道職員、森林組合職員、市町村職員、森林所有者など、2014年6月26日、池田町）
- 2) 中村太士：北海道札幌北高等学校「シマフクロウ・タンチョウを指標とした生物多様性保全～北海道とロシア極東との比較～」（2014年10月22日、2年生17人）
- 3) 柿澤宏昭：地域と連携した森林生態系保全検討会（北海道道有林、えりも町、2014年10月30日、えりも町）
- 4) 吉井千晶：北海道猛禽類研究会第14回勉強会、「シマフクロウの生息適地解析、将来の分布予測とその応用」．（2014年11月10日、札幌市）
- 5) 中村太士：学校法人希望学園札幌第一高等学校「未来の北海道の自然環境を考えようシマフクロウとタンチョウを指標として」（2014年12月4日、1年生16人）
- 6) 市民向けシンポジウム「シマフクロウ・タンチョウを指標とした生物多様性保全 北海道の過去・現在・未来」，2015年2月11日，北海道大学学術交流会館（札幌市）（主催：北海道大学大学院農学研究院・タンチョウ保護研究グループ・北海道大学大学院理学研究院・北海道大学大学院地球環境科学研究院、2015年2月11日、北海道大学学術交流会館、観客約200名）にて講演

(5) マスコミ等への公表・報道等

- 1) NHKニュース：ほっとニュース北海道（2015年3月25日、シマフクロウ保護に新しい力、サブテーマ1、サブテーマ2、サブテーマ4のシマフクロウ研究を統合した成果を4分ほど紹介）
- 2) 北海道新聞（2015年4月20日、夕刊、「シマフクロウ、タンチョウ道内の生息環境探る」）

(6) その他

- 1) 柴田昌俊、森本淳子、三島啓雄、比嘉基紀、志田祐一郎、中村太士：日本生態学会第60回大会（2013）「湿原域における放棄牧草地の植生遷移を決定する要因」ポスター発表（遷移・更新）最優秀賞受賞
- 2) J.MORIMOTO: International Symposium for Women Scientists 「Challenges in Restoring Wetlands from Abandoned pasturelands」 （2014年10月28日、札幌）
- 3) 森本淳子：農文化システムに関する国際シンポジウム「放棄農地における新たな価値の創出-グリーンインフラとしての活用-」（2015年3月3日、国連大学ウ・タント国際会議場、東京）
- 4) 吉井千晶、山浦悠一、小林慶子、竹中健、赤坂卓美、中村太士：日本生態学会第62回大会（2015年3月19日、鹿児島市）「個体群再生計画下でのシマフクロウの分散：動的モデルを用いた予測」ポスター発表（保全）優秀賞受賞

8. 引用文献

- 1) 国立社会保障・人口問題研究所：人口問題研究資料第327号，（2013）
「日本の将来推計人口—平成24年1月推計の解説および参考推計（条件付推計）—」
- 2) WB. TROWBRIDGE: *Ecological Applications*, 17, 5, 1312–1324 (2007)
“The role of stochasticity and priority effects in floodplain restoration”
- 3) LA. TOTH: *Restoration ecology*, 18, 6, 810-819 (2010)
“Unrealized Expectations for Restoration of Floodplain Plant Community”
- 4) PA. STROH: *Restoration ecology*, 20, 1, 103-112 (2012)
“The Influence of Time on the Soil Seed Bank and Vegetation across a Landscape-Scale Wetland Restoration Project”
- 5) A. BISCHOFF, G. WARTHEMANN, and S. KLOTZ: *Journal of applied ecology*, 46, 1, 241-249 (2009)
“Succession of floodplain grasslands following reduction in land use intensity: the importance of environmental conditions, management and dispersal”
- 6) GD. WANG, M. WANG, XG. LU and M. JIANG: *Ecological Engineering*, 77, 265-274 (2015)
“Effects of farming on the soil seed banks and wetland restoration potential in Sanjiang Plain, Northeastern China”
- 7) LL. BATTAGLIA, PR. MINCHIN, DW. PRITCHETT: *Wetlands*, 22.1, 1-17 (2002)
“Sixteen years of old-field succession and reestablishment of a bottomland hardwood forest in the Lower Mississippi Alluvial Valley”
- 8) T. KAISER, K. PIRHOFER-WALZL: *Plant and Soil*, 387, 1-2, 219-231 (2015)
“Does the soil seed survival of fen-meadow species depend on the groundwater level?”
- 9) M.P. VECRIN, R. VAN DIGGELEN, F. GREVILLIOT, S. MULLER: *Applied Vegetation Science*, 5, 263-270 (2002)
“The role of stochasticity and priority effects in floodplain restoration”
- 10) 永田洋平：釧路博物館報，217，2-9（1972）
「主として北海道東部におけるシマフクロウの生態について」
- 11) Y. HAYASHI: *J. Raptor Res*, 31, 3, 283-285 (1997)
“Home range, habitat use and natural dispersal of Blakiston’s fish-owls”
- 12) M. BRAZIL, S. YAMAMOTO: In “Raptors in the Modern World” Ed by BU Meyburg, RD Chancellor, WWGBP, Berlin, London and Paris, 389-402 (1989)
“The status and distributions of owls in Japan”
- 13) 山本純朗著：北海道新聞社（1999）
「シマフクロウ」
- 14) R. ENGLER, MigClim custom ver. (2014)
- 15) T. TAKENAKA: Ph.D. thesis, Hokkaido university, Sapporo, Japan
“Distribution, habitat environments, and reasons for reduction of the endangered Blakiston’s fish owl in Hokkaido, Japan”
- 16) 竹中健：斜里町立知床博物館編「知床の鳥類」、78-125（1999）

「シマフクロウ」

- 17) 富士田裕子：奥田重利先生退官記念論文集「沖積地植生の研究」、33-36（2001）

「野外環境を想定したハンノキ (*Alnus japonica* (Thunb.) Steu) の発芽実験」

- 18) 橘ヒサ子、井上京、新庄久志：財団法人自然保護助成基金1994・1995年度研究助成報告書
151-170（1997）

「標津湿原の発達過程と植生」

Biodiversity Conservation represented by *Ketupa blakistoni blakistoni* and *Grus japonensis*: Comparison of Hokkaido with the Russian Far East

Principal Investigator: Futoshi NAKAMURA

Institution: Hokkaido University
Kita9 Nishi9, Kita-ku, Sapporo, Hokkaido 060-8589,
JAPAN
Tel: +81-11-706-2510 / Fax: +81-11-706-2517
E-mail: nakaf@for.agr.hokudai.ac.jp

Cooperated by: Red-crowned Crane Conservancy

[Abstract]

Key Words: Blakiston's Fish Owl, Red-crowned Crane, Genetic diversity, Umbrella species, Future prediction, Restoration planning

Healthy river, riparian and wetland ecosystems are necessary to maintain populations of Blakiston's fish owl (*Ketupa blakistoni blakistoni*) and Red-crowned crane (*Grus japonensis*). Both bird species have been revered by people since ancient times but are currently listed as endangered due to their small population size. Their genetic diversity is expected to be low, but populations are recovering due to protection and reproduction projects in recent years. However, their natural riparian habitats have been damaged by intensive land use; therefore, a comprehensive management plan is required to establish their presence over the island of Hokkaido.

We evaluated their habitat and reproduction requirements, and predicted future habitat changes associated with the abandonment of current land use activities. This prediction, together with genetic diversity data, enabled the development of a restoration plan that maintains genetic diversity. We also assessed the contribution of these species to regional biodiversity by calculating their habitat overlap with other bird species. Furthermore, we proposed alternative conservation plans so as to ensure social acceptance by local communities.

The two species are also distributed in the Russian Far East. We found that nest densities of Hokkaido populations of the two species are higher than Russian populations. This is attributed to dispersal stagnation due to a lack of suitable habitats. The results of contemporary and past status of genetic variation among Hokkaido populations of the two species also suggest dispersal stagnation in recent years. Analysis of mitochondrial DNA sequences of the owl from historical specimens suggests that genetic diversity before the 1980s was higher than at present, and gene flow was found across populations. However, a sharp decline in genetic diversity and genetic differentiations between geographically

isolated populations was detected after the 1980s. Similarly, analyses of three genetic makers—mitochondrial DNA sequences, microsatellite makers and major histocompatibility complex genes—revealed low genetic diversity in current Hokkaido crane populations. Habitat suitability analysis and dispersal simulation suggested that habitat restoration using abandoned farmlands was effective in promoting dispersal. The local agricultural communities that we interviewed expressed a high potential to cooperate with the restoration project. Using bird species richness distribution maps, we compared the species richnesses of forest and grassland/wetland birds between the breeding and non-breeding sites of the two species. Results showed that the owl and crane breeding sites contained greater forest and grassland/wetland bird species richness, respectively. Thus, habitat restoration will be the most important strategy in conserving both species.