

令和 4 年 5 月 8 日現在

機関番号：30109

研究種目：基盤研究(C) (一般)

研究期間：2018～2021

課題番号：18K05751

研究課題名(和文) ヒグマは良い種子散布者か？ヒグマ生息地内外におけるヤマブドウ、サルナシの種子散布

研究課題名(英文) Effect of bear on seed dispersal in *Vitis coignetiae* and *Actindia arguta*

研究代表者

松山 周平 (Matsuyama, Shuhei)

酪農学園大学・農食環境学群・准教授

研究者番号：30570048

交付決定額(研究期間全体)：(直接経費) 3,400,000円

研究成果の概要(和文)：本研究ではヒグマの生息地域と非生息地域で植物の種子の移動距離の比較を試みた。ヒグマ生息地域の一つにおいてヤマブドウの種子が10km以上離れたところまで定着していたことは、ヒグマ生息地域では長距離の種子散布があることを示唆した。ヒグマが生息していない地域の種子散布距離をうまく推定できなかったため、ヒグマが生息するかどうかヤマブドウの種子の移動距離に影響するかどうかはわからなかった。ただし、ヤマブドウの遺伝的多様性はヒグマが生息する地域と生息していない地域との間に明瞭な違いがなかったことから、少なくとも長い時間スケールでみると動物群集の違いは植物の分散速度に影響を与えないと推測された。

研究成果の学術的意義や社会的意義

本研究は、北海道の地域性を生かし、ヒグマの生息地域と非生息地域で植物の種子の移動距離・遺伝的多様性の比較を試みた初めての研究である。研究期間内にヒグマ非生息地域の種子の移動距離を評価できなかったが、遺伝的多様性を比較した結果は、植物の種子散布を担う動物群集が異なる場合であっても遺伝的多様性には大きな違いがないことを示した。

研究成果の概要(英文)：In this study, we attempted to compare the distance of seed dispersal between brown bear habitat and non-habitat areas. In one brown bear habitat area, mountain grape (*Vitis coignetiae*) seeds were established more than 10 km away, suggesting that there is long-distance seed dispersal in brown bear habitat areas. Because we could not successfully estimate seed dispersal distances in areas without brown bear habitat, we did not know whether the presence or absence of brown bears affects the distance of seed dispersal in *V. coignetiae*. However, because there were no distinct differences in the genetic diversity of mountain grape between areas inhabited by brown bears and areas not inhabited by brown bears, we inferred that, at least on long time scales, differences in animal seed disperser communities do not affect the rate of plant dispersal.

研究分野：植物生態学

キーワード：種子散布 ヤマブドウ ヒグマ 空間遺伝構造 遺伝的多様性

様式 C - 19、F - 19 - 1、Z - 19 (共通)

1. 研究開始当初の背景

地球温暖化が進行する速度に対して植物の分散能力が十分でなければ、温暖化の進行に伴って生物多様性が減少することが懸念されている (Corlett & Westcott, 2013; Mokany et al. 2014)。クマなどの大型の動物は、植物の種子を長距離散布する可能性のある散布者であると考えられているが (e.g., Naoe et al. 2016) 散布された実際に定着しているかどうか重要である (Schupp et al., 2010)。

種子散布効率 (Seed Dispersal Effectiveness; SDE) (Schupp et al., 2010) のような実質的種子散布 (種子散布のうち散布後に定着したケース) の指標は、動物が種子をどのように利用するか、散布種子の発芽・定着などを調べて算出する指標である。パラメータを多数含むため (Traveset et al., 2014) 種子散布効率の研究事例は限られている。そのため、もし少ないパラメータ測定で実質的な種子散布を評価できれば、実質的な種子散布の研究が進み、植物の分散能力の推定精度は向上する考えられる。

我々は「種子散布者構成の一部が異なるサイトにおいて実生-母個体間の距離を比較できれば、その差はある種子散布者の実質的な種子散布距離を表す」と考えた。北海道の本島はヒグマ生息域だが、奥尻島、利尻島、礼文島には生息していない。また、ヒグマ・中型哺乳類・鳥類はヤマブドウをよく利用するが、サルナシを利用するのは主にヒグマ・中型哺乳類であることから、これら2種を対象とした。

2. 研究の目的

本研究の目的は、(a)ヒグマ、中型哺乳類、鳥類の実質的な種子散布を推定すること、(b)実質的な種子散布と見かけの種子散布とのギャップを生ずる要因を推定することである。そのために、ヤマブドウとサルナシにおける(1) 稚樹と母樹間の距離 (実質的な種子散布)、(2) ヒグマ、中型哺乳類、鳥類の糞から得た種子と母樹間の距離 (見かけの種子散布) をヒグマ生息地内外での比較を試みた。

3. 研究の方法

調査は奥尻島、利尻島の国有林、浦幌町の道有林、北海道大学北方生物圏フィールド科学センター天塩研究林で行なった。浦幌町と天塩研究林にはヒグマが生息しており、奥尻島と利尻島はヒグマが生息していない。

3.1 実質的な種子散布

稚樹・母樹間の距離を調べるために、各調査サイトで20km程度トレイルを踏査し、ヤマブドウ・サルナシの母樹・稚樹の成葉を採取し、採取地点をGPSで記録した。成葉サンプルからCTAB法によりDNAを抽出した。

ヤマブドウでは10座のマイクロサテライト遺伝子座の遺伝子型を特定し、CERVUS3.0 (Marsall et al. 1998; Kalinowski et al. 2007) を用いて親子判別を行い、個体の位置情報から親子間の距離を算出した。サルナシでは12座のマイクロサテライト遺伝子座の遺伝子型を特定した。ただし、どの遺伝子座でもほとんど多型は見られず、個体識別ができなかった。

表1 各調査地で採取したヤマブドウの母樹数と全個体数

調査地	ヒグマ生息	母樹	全個体数
浦幌	する	75	503
天塩	する	12	291
利尻	しない	121	655
奥尻	しない	21	249

3.2 見かけの種子散布

浦幌、奥尻、利尻の3サイトにおいてヒグマ、中型哺乳類 (タヌキ、キツネ、テンなど)、小型鳥類 (主にヒタキ、カラ類) の糞を採取し、糞に含まれていた対象種の果実や種子をサンプリングした。サンプルのうち母個体由来の部位 (果皮、種皮など) からDNAを抽出した。抽出したDNAを用いてマイクロサテライト遺伝子型を特定し、遺伝子型から母個体を探索し、糞の採取位置と母個体の位置情報から見かけの種子散布距離を算出した。

4. 研究成果

前述の通り、サルナシでは既存のマイクロサテライト遺伝子座では個体識別ができなかったことから、研究成果はヤマブドウを中心に説明する。

4.1 実質的な種子散布

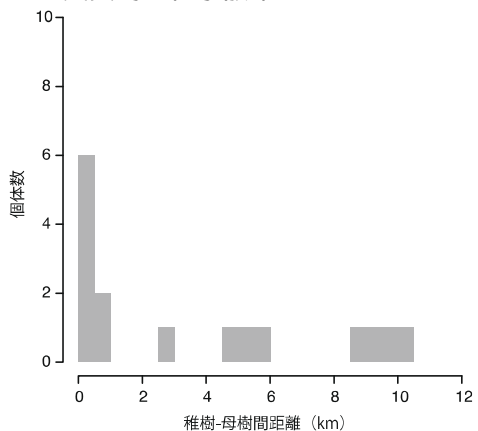


図1 浦幌において親子判別できた稚樹・母樹間の距離の頻度分布

4 サイト(奥尻島、利尻島、天塩町、浦幌町)で採取したヤマブドウのうち約 1300 個体の SSR 遺伝子座の遺伝子型を分析し、親子判別を行ったところ、浦幌町では 16 組について親子関係が推定された。稚樹-母樹間の距離の範囲は 7m から 10.3km であり、平均は 4.52km であった。500m 以内に多くの親子が認められた(図 1)。奥尻島、利尻島、天塩町では親子関係は特定できなかった。利尻島、奥尻島、天塩町の試料については遺伝子型が特定できていない遺伝子座を含む個体があり、これらの分析を進めることで親子関係が明らかにできるかもしれない。

ヒグマ生息地・非生息地間でヤマブドウの遺伝的多様性の指標に明瞭な違いはなかった。浦幌ではヘテロ接合度の観察値は期待値より高く、天塩、利尻、奥尻の観察値は期待値より低かった(表 1)。また、空間遺伝構造の強さにおいても明瞭な違いは認められなかった。いずれのサイトでも近距離で近交係数は高く、空間遺伝構造があることを示唆した。浦幌では 5000m クラスで正の近交係数を示した。ヒグマ野生生息地域と非生息地域において、集団の遺伝的多様性や空間遺伝構造の強さに差がなかったことは、これらの地域における種子散布者の構成の違いは、長期的にはヤマブドウの遺伝的多様性には影響していないことを示唆した。

表 1 4 調査地のヤマブドウの有効な対立遺伝子数、ヘテロ接合度の期待値(He)と観察値(Ho)

調査地	ヒグマ生息	サンプル数	有効な対立遺伝子数	He	Ho
浦幌	する	503	4.43	0.666	0.725
天塩	する	95	2.46	0.568	0.452
利尻	しない	489	3.88	0.729	0.613
奥尻	しない	174	3.60	0.691	0.583

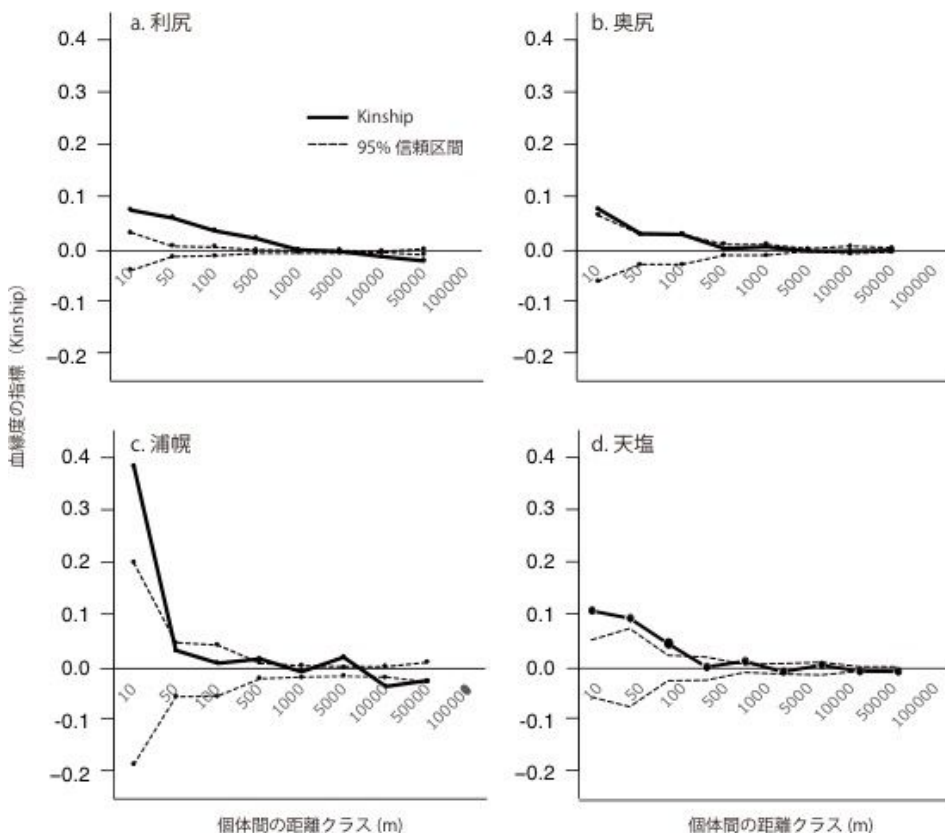


図2 利尻(a)、奥尻(b)、浦幌(c)、天塩(d)における個体間の距離と血縁度の指標の関係。実線は Kinship という血縁度の指標 (1に近いほど近縁であることを意味する)。破線は 95% 信頼区間を表す。

4.2 見かけの種子散布距離

浦幌では 2013 年から 2018 年の間にヤマブドウを含むヒグマの糞が 36 個採取された。奥尻と利尻ではそれぞれ 61 個、12 個の中型哺乳類の糞が採取され、奥尻では 28 個の小型鳥類の糞

が採取された。奥尻では中型哺乳類はタヌキとミンクであり、ヤマブドウを含むものが認められた。利尻ではイタチ、ネコとみられる中型哺乳類の糞が採取されたが、ヤマブドウは含まれていなかった。奥尻ではカラ類などから糞を採取されたが、ヤマブドウは含まれていなかった。

利尻では予備的に仕掛けたビデオカメラにマミチャジナイがヤマブドウを訪れる様子を観測した。また、奥尻ではカラス類のペレットにヤマブドウが認められた（森による観察）。これらのことはツグミ類、カラス類がヤマブドウを利用していることを示唆した。

研究期間の初期から、複数の手法で果実からの DNA 抽出とマイクロサテライト遺伝子型分析を試みたが、DNA の収量、PCR 成功率が低く、マイクロサテライト遺伝子型を特定できなかった。そのため、見かけの種子散布距離の推定に至らなかった。CTAB 法よりもスピンカラム式の抽出キットの方が DNA 収量は良い傾向があり、また、PCR の条件検討により成功率は幾分変化することから、本研究で採取した試料を分析し、成果が出るよう検討を続けたい。

参考文献

Corlett & Westcott. 2013. *Trends in Ecology and Evolution* 28: 482-488

Mokany et al. 2014. *Nature Communications* 5: 3971

Schupp et al., 2010. *New Phytologist* 188: 333-353

Traveset et al., 2014. *Seeds: the ecology of regeneration in plant communities*, pp 62-93

Naoe et al. 2016. *Current Biology* 26: R315-R316.

5. 主な発表論文等

〔雑誌論文〕 計0件

〔学会発表〕 計2件（うち招待講演 0件 / うち国際学会 0件）

1. 発表者名 松山周平, 村田朋弥, 佐藤日和, 村井祐太, 佐藤喜和
2. 発表標題 ヒグマの生息しない島におけるヤマブドウの空間遺伝構造
3. 学会等名 第131回日本森林学会
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 佐藤日和, 松山周平, 村田朋弥
2. 発表標題 大型哺乳類の生息していない島におけるヤマブドウの空間遺伝構造
3. 学会等名 日本生態学会第66回全国大会
4. 発表年 2019年

〔図書〕 計0件

〔産業財産権〕

〔その他〕

-

6. 研究組織

	氏名 (ローマ字氏名) (研究者番号)	所属研究機関・部局・職 (機関番号)	備考
研究分担者	鈴木 透 (Suzuki Toru) (20515861)	酪農学園大学・農食環境学群・准教授 (30109)	
研究分担者	佐藤 喜和 (Sato Yoshikazu) (60366622)	酪農学園大学・農食環境学群・教授 (30109)	

6. 研究組織（つづき）

	氏名 (ローマ字氏名) (研究者番号)	所属研究機関・部局・職 (機関番号)	備考
研究 分 担 者	森 さやか (Mori Sayaka) (70623867)	酪農学園大学・農食環境学群・准教授 (30109)	

7. 科研費を使用して開催した国際研究集会

〔国際研究集会〕 計0件

8. 本研究に関連して実施した国際共同研究の実施状況

共同研究相手国	相手方研究機関