

平成 30 年 5 月 23 日現在

機関番号：82105

研究種目：基盤研究(C) (一般)

研究期間：2013～2017

課題番号：25450226

研究課題名(和文) ナキウサギのメタ個体群構造とその存続性に関する環境要因の解明

研究課題名(英文) Elucidation of environmental factors related to meta population structure and its persistence of pikas

研究代表者

大西 尚樹(Ohnishi, Naoki)

国立研究開発法人森林研究・整備機構・森林総合研究所・主任研究員等

研究者番号：00353615

交付決定額(研究期間全体)：(直接経費) 4,100,000円

研究成果の概要(和文)：ナキウサギはパッチ状に分布している岩塊堆積地を好んで生息しているため、メタ個体群構造を持った分布をしている。北海道置戸町において、5年間にわたってナキウサギの生息調査を行い、各パッチの消長を調べた。調査対象とした岩塊堆積地16パッチの内、2013年には5パッチでのみ生息が確認されたが、2015年には全16パッチで生息が確認された。2016年、2017年には生息パッチ数は14であったことから、2013年を最少、2015年を最多とした個体数の変動があったと考えられる。5年間の内、捕獲に成功したことはなく、個体の動きを追うことは出来なかった。

研究成果の概要(英文)：Pika likes rock mass sediments distributed in patches, so it has a distribution with meta-population structure. I surveyed censuses for 5 years and investigated the fluctuation of each patch in Oketo town in Hokkaido. Of the 16 patches that were the subject of survey, the inhabitation was confirmed only in 5 patches in 2013, but in 2015, the inhabitation was confirmed in all 16 patches. Since the number of habitat patches was 14 in 2016 and 2017, it seems that there were fluctuations in the number of individuals with the smallest number in 2013 and the largest number in 2015.

I could not trace movements of pikas because no individual had been captured during the five years.

研究分野：動物生態学

キーワード：ナキウサギ

### 1. 研究開始当初の背景

局所個体群が互いにつながりをもちつつ消長を繰り返す構造をメタ個体群というが、これは主に昆虫をモデルとして研究が進んできた。その理由として、メタ個体群構造をとる動物は移動距離が比較的短く、小さなハビタットで生息できることが特徴として挙げられる。哺乳類では多くの種がこれらの特徴に反するため、メタ個体群の研究はほとんど行われていない。しかし小型哺乳類においては、ナキウサギのようにもともとの生態としてメタ個体群構造を持つ種や、開発等により生息地が孤立・縮小化し、本来大きな個体群だったものがメタ個体群構造を余儀なくされている種(リスやムササビなど)が存在する。また、メタ個体群を構成する局所個体群は数年単位で消長を繰り返すため、メタ個体群の存続性に関する研究には長期的な調査が必要であることも研究を困難にしている理由の1つである。

ナキウサギは体長 15cm 程度の小型哺乳類であり、日本では東ロシアに広く分布するキタナキウサギの一亜種であるエゾナキウサギ (*Ochotona hyperborea yesoensis*、以下、ナキウサギ)が北海道の北見・大雪山系、日高山系、夕張・芦別山系の主に標高 1100m 以上の冷涼な地域に生息している(図1)。ナキウサギは図2の写真のように岩の上にいるイメージが強いが、これは撮影しやすい場所が選ばれているためであり、このような開けた生息環境はナキウサギにとっては稀である。本来の生息地は森林内で薄いリターの積もった岩塊堆積地であり、第一次消費者として森林生態系の重要な一要素となっている。ナキウサギが生息地として利用する岩塊堆積地は森林内にパッチ状に点在している。各岩塊堆積地における個体数は季節によって増減し、また短期的な絶滅と近接する岩塊堆積地からの移入による再生を繰り返していると考えられ、岩塊堆積地を局所個体群とみなすことができる。このようにナキウサギは哺乳類には珍しく本来の生態として地域全体で個体数を維持するメタ個体群構造をとっていると考えられる。

一方で、ナキウサギは冷涼な地域に分布する事から、地球温暖化の影響により生息域の縮小と個体数の減少が危ぶまれており、環境省の最新のレッドリストで準絶滅危惧種に指定され、夕張・芦別山系の個体群は絶滅の恐れのある地域個体群に指定されている。しかし、ナキウサギに関する研究は生息環境や分布についてのものがほとんどで、その生態については報告が1本あるのみである(Kawamichi 1971)。そのため個体群動態や遺伝系統についての研究はほとんど行われていない。

このことから、ナキウサギを材料にすることで、小型哺乳類のメタ個体群動態について明らかになり、またナキウサギの保全に関わる基礎研究となることが期待された。

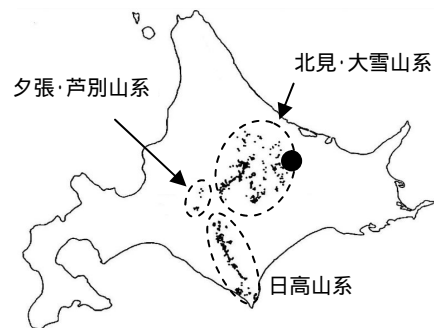


図1 エゾナキウサギの分布域。は本研究における固定調査地(置戸町)を示す。



図2 エゾナキウサギ

### 2. 研究の目的

エゾナキウサギを材料に哺乳類におけるメタ個体群の動態を長期調査により明らかにすることを目的とした。メタ個体群構造動態の解明には比較的長期の調査期間が必要であることから、本研究は5年間の研究期間を設ける。さらに、固定調査地を設置する置戸町中山は2004~08年までに23の局所個体群の在/不在データが公表されており(車田 2010)、研究代表者による2012年の予備調査と本研究の調査期間(2013~2017年)を加える事で、中断期間を3年含むものの2004~17年という長期研究となる。局所個体群の消長に加え、標識-再捕獲法による個体識別および遺伝構造解析により局所個体群間移動を明らかにする。

また、国内におけるウサギ類の系統関係についてはすでに報告があるが(Yamada et al. 2002)、エゾナキウサギのキタナキウサギ内における系統的な位置づけはまだ明らかになっていない。そこで、ロシアのキタナキウサギのサンプルと比較を行い、エゾナキウサギの系統的な位置づけを明らかにする。

### 3. 研究の方法

北海道置戸町に固定調査地を設定した。ここは先行研究により岩塊堆積地がパッチ状に分布していることが明らかになっている(車田 2010)。そこで、調査可能な16パッチ(岩塊堆積地)で、ナキウサギの活動が活発になる秋に生息調査を行った。生息調査は各パッチで貯食を探し、30分・人の探索努力で貯食が見つからなかった場合は、生息していないとした。また、貯食が見つからなくても、目視による確認、鳴き声または新鮮な糞を確認した場合は、生息しているとした。新鮮な糞はDNA解析用に回収した。

捕獲は生け捕りワナ（シャーマントラップおよびカゴワナ）を用いて行った。2014年に316個×晩、2017年に12個×晩設置した。誘因餌にはリンゴ、バナナ、食用菊、周辺の草を利用した。



図3 カゴワナを設置した様子。奥にナキウサギの貯食がある。

遺伝構造解析のためにマイクロサテライトDNAマーカーの開発を行った。2012年の予備調査時に捕獲したナキウサギの組織から抽出したDNAを制限酵素で切断し、次世代シーケンサーを用いて核ゲノムの塩基配列を決定した。

系統解析は北海道内で採取したエゾナキウサギの糞から抽出したDNAと、ロシアハバロフスクの個体のDNAを用いて、ミトコンドリアのシトクロムb(cytb)と核Mc1rの配列を決定した。また、データベースに登録されている塩基配列も使用した。

#### 4. 研究成果

固定調査地における生息調査を2012年～2017年の毎年秋に行った。生息が見込まれる岩塊堆積地16パッチのうち、生息が確認されたパッチ数は以下の通りである(図4)。

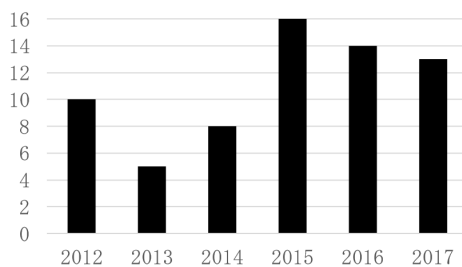


図4 各年の生息パッチ数。

2013年:5パッチ(図5) 2014年:8パッチ、2015年:16パッチ(図6) 2016年:14パッチ、2017年:14パッチ。本課題期間の前年である2012年は10パッチであった。このことから2012年から2013年にかけて個体数が減少し、その後回復に転じ、2015年に個体数はピークだったことがわかる。2013年は比較的個体数が多いとされる大雪山系においても例年になく目撃が少ないと言われ、分布域

の広範囲にわたって個体数が減少していたと示唆された。

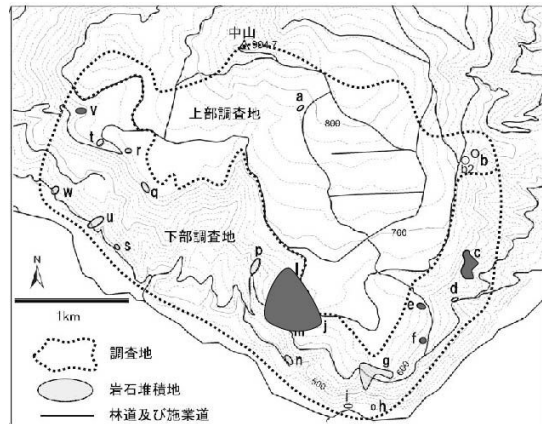


図5 2013年の生息状況。 は生息が確認できた岩塊堆積地を示す。

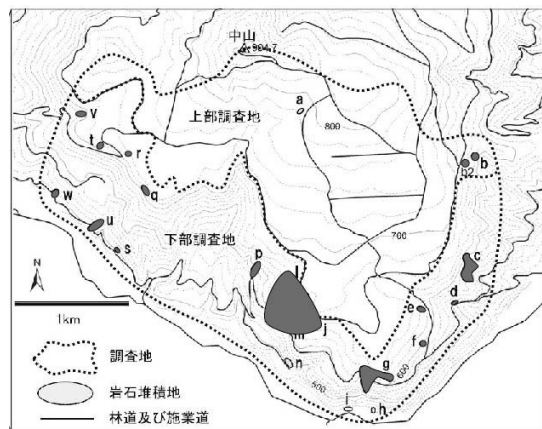


図6 2015年の生息状況。 は生息が確認できた岩塊堆積地を示す。

捕獲は2014年に行ったが、1頭も捕獲できなかった。誘因餌としてリンゴを使用していたが、自動撮影カメラを用いて行動を観察したところリンゴに対してナキウサギは反応を示していなかった。



図7 自動撮影カメラで撮影したリンゴへの反応の様子

2015年および2016年にリンゴ、サツマイモ、バナナ、周辺の草に対する反応を自動撮影カメラで観察した(図7)。その結果、バナナと周辺の草に反応を示したことから、2017年にはこれらを用いて捕獲を試みた。またロッキー山脈に生息するアメリカナキウサギ(*Ochotona princeps*)はヒマワリの花びらで誘因できることがあり、黄色いものに反応する傾向が示唆されている(Andrew Smith, 私信)。そこで、食用菊を誘因餌として併用した。しかし、この年も1頭も捕獲できなかった。当初の計画では、捕獲した際に標識を付けて放逐し、再捕獲することで行動を観察する予定だったが、捕獲ができなかったために、観察はできなかった。

2012年の予備調査時に捕獲した個体の組織からDNAを抽出し、次世代シーケンサーを用いてゲノム解析を行った。その結果、約1000のマイクロサテライトDNA領域を検出した。この内、30遺伝子座を選んでPCR用のプライマーを設計し、およそ半数でPCRに成功した。

ミトコンドリアDNAのチトクロームc領域の塩基配列を決定し、ハバロフスクの個体およびデータベース上のアジア大陸の個体と比較したところ、南部(ハバロフスク、サハリンおよび北海道)および北部(ブリアニア、チタ、北部クラスノヤルスク、マガダンおよびチュコットカ)の2つの大きなクラスターに分かれた。ペイジアンの時系列分析は、中期更新世以前にこの2つのクラスターが分岐し、その後、更新世後期に各地の個体群が遺伝的に分化したことを示唆した。さらに、Mc1r配列を用いたネットワーク分析では、ハバロフスク集団と北海道集団は異なるクラスターに分類された。これらの結果は、キタナキウサギの地域個体群は中期更新世以降、独立した個体数変動の歴史を有しており、氷期中に極東に複数のレフュージアがあったことを示唆している。

#### <引用文献>

- Kawamichi T. (1971) Annual cycle of behaviour and social pattern of the Japanese pika, *Ochotona hyperborea yesoensis*. 北海道大学理学部紀要 18: 173-185.
- 車田利夫 (2010) 置戸山地中山におけるエゾナキウサギ生息地の分布利用状況. 北海道環境科学研究センター所報 36: 65-69.
- Yamada, F., Takaki, M. and Suzuki, H. (2002) Molecular phylogeny of Japanese Leporidae, the Amami rabbit *Pentalagus furnessi*, the Japanese hare *Lepus brachyurus*, and the mountain hare *Lepus timidus*, inferred from mitochondrial DNA sequences. *Genes & Genetic Systems* 7: 107-116.

#### 5. 主な発表論文等

(研究代表者、研究分担者及び連携研究者には下線)

[雑誌論文](計 0件)

[学会発表](計 1件)

Gohta Kinoshita, Irina V Kartavtseva, Naoki Ohnishi, Hirofumi Hirakawa, Suzuki Hitoshi. Phylogenetic history of the northern pika (*Ochotona hyperborea*) inferred from mitochondrial and nuclear genes. 5th International Wildlife Management Congress, 2015.

[図書](計 0件)

[産業財産権]

出願状況(計 0件)

取得状況(計 0件)

#### 6. 研究組織

##### (1) 研究代表者

大西 尚樹(OHNISHI Naoki)  
国立研究開発法人森林研究・整備機構・森林総合研究所・主任研究員等  
研究者番号: 00353615

##### (2) 研究協力者

木下 豪太(KINOSHITA Gohta)