

令和元年6月26日現在

機関番号：82105

研究種目：若手研究(B)

研究期間：2016～2018

課題番号：16K18715

研究課題名(和文)環境DNAに立脚した保残伐林の生物多様性の多角的分析

研究課題名(英文)Multilateral analyses of biodiversity in retention harvesting stands based on environmental DNA

研究代表者

辰巳 晋一(Tatsumi, Shinichi)

国立研究開発法人森林研究・整備機構・森林総合研究所・研究員

研究者番号：40773437

交付決定額(研究期間全体)：(直接経費) 3,100,000円

研究成果の概要(和文)：近年、木材生産と生物多様性保全の両方を考慮する方法として、森林を伐採する際に樹木をあえて残す「保残伐施業(Retention forestry)」が注目されている。本研究では、保残伐施業が生物多様性に与える影響を調べた。その結果、保残伐施業が行われた場所では、伐採が行われなかった場所と比べて、生物の種数が多いことが分かった。また、伐採跡地の植生の遷移は、隣接する個体間の競争に大きく規定されていることが分かった。

研究成果の学術的意義や社会的意義

本研究は、保残伐施業をはじめとする林業活動を行ったときに、森林に住む生物がどのように反応するかを理解・予測するのに役立つ。これまで我が国では、主に森林景観内に一定面積の保護林を区分け(ゾーニング)することによって、生物多様性の保全に配慮してきた。これに対し、保残伐施業は同じ場所で木材生産と生物多様性保全を両立させることを目指す新しい施業方法であり、本研究で得られた成果はその発展に寄与すると期待される。

研究成果の概要(英文)：Retention forestry, in which trees are left unlogged at harvesting events in order to conserve biodiversity in production forests, has recently received social concerns. In this study, we investigated the effects of retention forestry on biodiversity. We found larger number of species in retention stands than in unharvested stands. We also found that post-harvesting plant succession is largely driven by competition among neighboring individuals.

研究分野：生態系管理学

キーワード：森林 生物多様性 林業 菌類 植物

様式 C - 19、F - 19 - 1、Z - 19、CK - 19 (共通)

1. 研究開始当初の背景

近年、林業活動を行う際には木材生産だけではなく、生物多様性の保全にも配慮することが求められるようになってきた。我が国では、景観内に一定面積の保護林を区分け(ゾーニング)することにより、生物多様性の保全を図ってきた。一方で、北欧や北米では、伐採時に樹木をあえて残す「保残伐施業(Retention forestry)」によって、木材生産と生物多様性保全を両立させるというアプローチが普及してきている。しかし、保残伐施業に関するこれまでの研究では、「ある場所にすむ生物の種数」といった、比較的単純な指標によって生物多様性が評価されてきたという課題があった。

また、これまでの研究においては、草、鳥、哺乳類といった、野外観察が比較的容易な生物グループを用いて多様性が評価されてきた。これらのグループに対しては社会的関心が高く、その保全評価は保残伐施業を啓蒙する上では意義深い。しかし一方で、菌類(キノコやカビの仲間)といった、微小なグループについて評価した例は極めて少ない。これらのグループは、目には見えにくいものの、菌根共生を介して樹木に養分を供給したり、落葉を分解して腐植を形成し、植栽木の成長を促進したりするなど、林業に直接的な影響を与え得る。つまり、菌類の多様性を保全することは、単に「生物を守る」という倫理的・環境保護的な価値だけでなく、林業を通じた実利的な価値(すなわち、木材生産性の向上)にもつながり得る。

2. 研究の目的

そこで本課題では、生物多様性の指標としてこれまで広く用いられてきた「生物の種数(α 多様性と呼ばれる)」だけではなく、「 β 多様性」や「系統的多様性」を分析することで、保残伐施業が生物多様性に与える影響をより詳細に明らかにした。また、環境DNAを用いることで、これまで評価が難しかった菌類の多様性を評価することを目的とした。

β 多様性とは、「異なる場所において、生物群集の組成がどれくらい異なっているか」を表す指標である。 β 多様性を評価することで、林分(森林の単位)ごとの環境や大きさの違いが生物に与える影響を分析できる。

また、系統的多様性とは、種の進化的な背景に着目した多様性指標である。系統的多様性を用いることで、単純な生物種数(α 多様性)では表せない、生物が長い進化の過程で身につけてきた特性の豊かさを評価できる。

環境DNAとは、環境中に存在するDNAや、それを分析することでそこに住む生物を特定する技術のことを指す。本研究では、保残伐施業が行われている林分における土壌中のDNAを分析することで、菌類の多様性を評価した。

保残伐施業は、我が国でも数年前から実験的に実施されており、ゾーニングとは異なる林業オプションとして注目されはじめている。本研究は、生物多様性を保全しながら木材を生産するための施業技術の構築に寄与すると期待される。

3. 研究の方法

本研究では、保残伐施業による生物多様性の保全効果を評価した。そのために、保残伐施業が広域かつ長期的に実施されているフィンランドの森林にて野外調査を行った。管理方法の異なる複数の林分において調査区を設置し、土壌サンプルの採取および環境調査を行った。土壌サンプルに含まれる菌類のDNA分析を行った。こうして得られたデータを使って、林分ごとの α 、 β 多様性を計算した。また、管理方法の違いと菌類の生物多様性の関係を分析した。

この他、伐採跡地の植生を復元するために植林が行われた場所において、同様に菌類の α 、 β 多様性を定量化した。伐採跡地において植物が遷移していく際(つまり、環境の変化とともに生物種が移り変わっていく際)、植物の系統的多様性がどのように変化するかを、個体ベース森林動態モデル(樹木一本一本を単位として、森林の成長を予測するモデル)を使ってシミュレートした。

4. 研究成果

保残伐施業が実施されているフィンランドの森林における植物データを使って、保残伐施業が α ・ β 多様性に与える影響を解析した。その結果、保残伐施業が行われた林分は、伐採されていない林分と比べて伐採10年後の α 多様性が高いことが分かった(図1)。一方で、 β 多様性は「保残伐」「伐採なし」「皆伐」にかかわらず、変化しなかった(図1)。この結果は「皆伐すると森林が本来持つ空間異質性が失われる」という従来の想定を覆すものである。一方で、保残伐が行われた場所では、伐採後に新たに定着する植物の β 多様性が高かった。これは、保残された森林パッチが避難場所として機能し、そのパッチが伐採跡地への植物への再定着を促したのだと考えられる。菌類の多様性については、林分間で顕著な違いは検出されていない。

また、伐採跡地における植物の遷移と系統的多様性の変化を、個体ベース森林動態モデルでシミュレートした結果、隣接する植物個体間の競争が、系統的多様性を大きく規定することが示された(図2)。研究成果は国際英文誌 Journal of Ecology に掲載された。

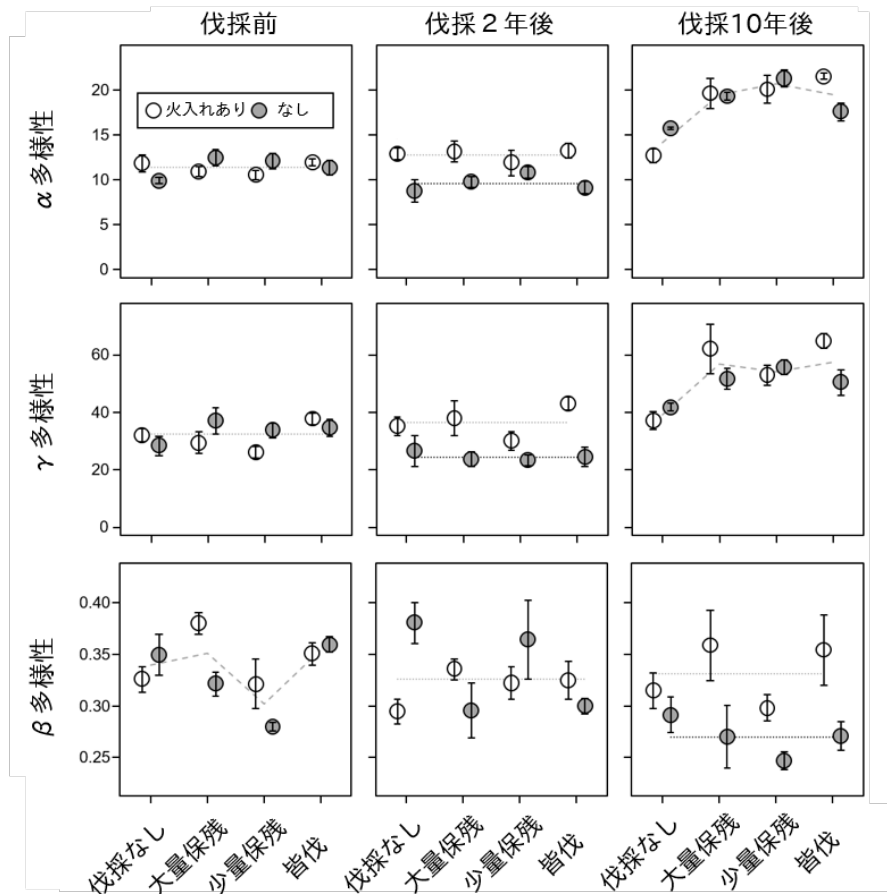


図1. 保残伐および火入れが植物の α ・ β ・ γ 多様性に与える影響。従来、伐採が生物多様性に与える影響を群集生態学的に評価する際は、 α 多様性（比較的小面積な場所にすむ生物の種数）や、 γ 多様性（より広い面積でにすむ生物の種数）が用いられることが多かったが、本課題ではさらに β 多様性（ある地域における群集組成のバラつき）を用いた。その結果、伐採の強度（伐採なし・大量保残・少量保残・皆伐）に関わらず、 β 多様性は変化していないことが分かった。この結果は、「伐採を行うと、森林が本来持つ環境の異質性が失われ、場所ごとの群集の違いも薄れる」という森林管理学における従来の予想を覆す結果である。

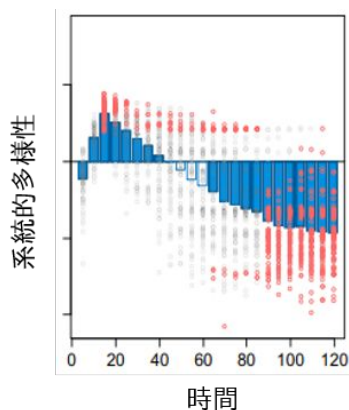


図2. 個体ベースモデルによって予測された、森林における遷移に伴う系統的多様性パターンの変化。群集生態学では長い間、生物の「種」が単位として用いられてきたが、本モデルでは「個体」を単位として定義し、これまで広く用いられてきた理論予測がどう変化するかを、シミュレーションによって明らかにした。この成果は、保残伐施業をはじめとする林業活動を行ったときに、森林に住む生物群集がどう反応するかを予測するのに役立つと期待される。Tatsumi et al. (2019) *Journal of Ecology* を改変。

5. 主な発表論文等

〔雑誌論文〕(計1件)

Tatsumi S (辰巳晋一), Cadotte MW, Mori AS (森章). Individual-based models of community assembly: neighborhood competition drives phylogenetic community structure (群集集合の個体ベースモデル：近傍競争が系統的群集構造を形作る). *Journal of Ecology*, 査読あり, 107号2巻, 2019, 735–746
DOI: 10.1111/1365-2745.13074

〔学会発表〕(計3件)

発表場所・日時：第65回日本生態学会大会 札幌コンベンションセンター 2018年3月15日

発表タイトル：Reassembly of soil fungal communities under plant diversity restoration (再森林化とシカ排除下における真菌群集の再集合) (英語口頭発表)

発表者：辰巳晋一、松岡俊将、藤井佐織、小林真、大園享司、Forest Isbell、森章

発表場所・日時：第102回アメリカ生態学会大会 ポートランド 2017年8月10日

発表タイトル：Reassembly of soil fungal communities under reforestation and deer exclusion (再森林化とシカ排除下における真菌群集の再集合) (英語ポスター発表)

発表者：Tatsumi S, Matsuoka S, Fujii S, Makoto K, Osono T, Isbell F, Mori AS

発表場所・日時：第64回日本生態学会大会 東京(早稲田大学) 2017年3月16日

発表タイトル：保残伐と火入れによる林床植生の群集集合則変化(ポスター発表)

発表者：辰巳晋一、Strengbom J、Kouki J、森章

〔図書〕(計0件)

〔産業財産権〕

出願状況(計0件)

取得状況(計0件)

〔その他〕

第65回日本生態学会 Best English Presentation Award 受賞

6. 研究組織

(1)研究分担者

なし

(2)研究協力者

なし

科研費による研究は、研究者の自覚と責任において実施するものです。そのため、研究の実施や研究成果の公表等については、国の要請等に基づくものではなく、その研究成果に関する見解や責任は、研究者個人に帰属されます。