

令和 5 年 6 月 19 日現在

機関番号：13601

研究種目：基盤研究(C)（一般）

研究期間：2020～2022

課題番号：20K12255

研究課題名（和文）河川を利用する鳥類の季節移動と遺伝的集団構造の両方からみた国内河川の連結性の検討

研究課題名（英文）The connectivity of rivers in term of the seasonal movements and genetic structure of the long billed plover breeding in Japan.

研究代表者

笠原 里恵（Kasahara, Satoe）

信州大学・学術研究院理学系・助教

研究者番号：80791821

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）：河川の砂礫地に営巣するシギ・チドリ類などの鳥類の生息環境の維持と河川管理の両立には、種の季節的、広域的な移動範囲への理解が必要である。本研究では砂礫地で繁殖するイカルチドリに着目し、国内の複数の繁殖集団でGPSロガーを用いた個体追跡と、集団間の遺伝的関係を検討した。個体追跡から、本州北部の繁殖集団には、関東や中部地方に南下して越冬する個体がいること、移動の有無に関わらず、年間を通して河川が主要な利用環境であることが明らかになり、より広域的なスケールでの河川の自然再生が重要であると考えられた。集団間の遺伝的関係は個体追跡の結果を部分的に支持するものの、今後より詳細な分析が必要である。

研究成果の学術的意義や社会的意義

河川の砂礫地に生息する鳥類のシギ・チドリ類は、河川環境の指標種として重要視されてきた。鳥類は広域を移動するため、従来行われてきた河川単位の自然再生と同時に、河川の連結性を考慮した広域的なスケールでの自然再生や保全が重要である。本研究は、河川で繁殖するイカルチドリを対象にGPSロガーによる個体追跡を行い、本州北部の繁殖集団では、本州中部まで南下して越冬する個体がいること、年間を通して相対的に河川環境に依存している可能性が高いことなどを明らかにすることができた。個体間の交流の可能性は遺伝子解析からも示唆され、本種において考慮されるべき河川の連結性やスケールの一部を示すことができた。

研究成果の概要（英文）：Understanding the seasonal movement and its range of riparian birds such as plovers are important to consist with maintain of their habitat and river management for human. In this study, we tracked the seasonal movement of the Long Billed Plover breeding on gravel ground by GPS logger, and analyzed their genetic structure.

Our study revealed that some individuals bred in the Northern region moved to Kanto and Chubu regions in Honshu. We also found that the riparian environments are primary habitats for the species throughout the year. These results suggest that wider scale restoration of rivers is required to maintain riparian birds. Our genetic analysis partially supported the results of GPS tracking, however, more detailed analysis is needed to examine the genetic relationship among the populations.

研究分野：鳥類生態学

キーワード：季節移動 イカルチドリ 河川

様式 C-19、F-19-1、Z-19 (共通)

1. 研究開始当初の背景

気候変動などで河川における大規模氾濫の頻度が増加しつつある近年、河川管理では、頑健な治水と同時に、生物多様性への配慮や効果的な自然再生が重要な課題となっている。鳥類は食物連鎖の上位に位置し、自然再生などではしばしば指標とされ、とくに減少が懸念されている河川の砂礫地に生息する鳥類のシギ・チドリ類は、砂礫地再生の指標種として重要視されてきた。

一方で鳥類は広域を移動し、複数の国を經由して繁殖地と越冬地を移動するような渡りを行う種や、国内においても季節的に生息場所を変える種がある。気候変動に伴う大規模氾濫もしくは河川改修によって、繁殖地と越冬地のどちらか一方の環境が悪化すれば、増加率もしくは生存率が低下し、全体の個体数の減少につながりうる。鳥類のこのような性質を鑑みれば、鳥類を指標とした水辺の自然再生においては、従来行われてきた河川単位の自然再生と同時に、河川の連結性、つまり鳥類の移動範囲を考慮した複数の河川や地域を包括する大きなスケールでの自然再生や保全が重要である。しかし、シギ・チドリ類の国内での移動や地域集団の交流範囲は、現状殆どわかっていない。本研究では、近年発達した GPS ロガー技術と遺伝子を用いた分析の両方を用いて、日本の河川の砂礫地で繁殖と越冬をするイソシギとイカルチドリを対象に、移動範囲の解明を通して国内の河川の連結性を検討する。

2. 研究の目的

本研究では、国内の河川の砂礫地の地上に営巣し、ヒナを育てるイカルチドリ (図 1a) とイソシギ (図 1b) に注目し、空間的スケールが異なる 2 つの方法、“GPS ロガーを用いた個体追跡から季節的な移動先の確実な情報を得ること”、“DNA を用いて各地の繁殖集団の遺伝的関係を推定すること”を組み合わせ、個体レベルと集団レベルの両方から 2 種の国内での移動と集団のまとまりを推定することを目的とした。また GPS ロガーを用いた追跡では、越冬期の利用環境を明らかにすることも併せて目的とした。砂礫地に依存する鳥類の渡り生態と河川の連結性の解明を通して、今後の日本の河川水辺の生物多様性の包括的な保全と効果的な自然再生事業への貢献を目指す。

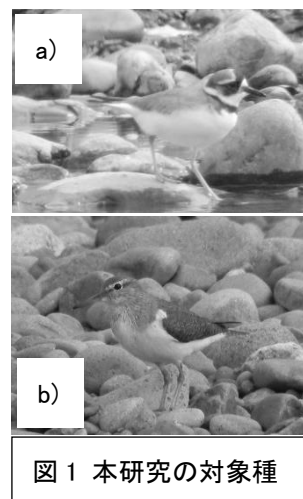


図 1 本研究の対象種

3. 研究の方法

(1) GPS ロガー を用いた個体追跡

本研究では、北海道、青森県、長野県の 3 地域において繁殖が確認されたイカルチドリとイソシギについて、都道府県および環境省から鳥獣捕獲許可を得たうえで、罠を用いて捕獲し、小型 GPS ロガー (イカルチドリ : Pinpoint-10 および Pinpoint-50 Lotek、イソシギ : Pinpoint-10、いずれも Lotek Wireless 社製) を leg-loop harness 法を用いて個体に装着した。鳥類に追跡機器を装着する際、一般には個体の体重の 3% 以下、もしくは 5% 以下であることが推奨されている。Pinpoint-10 はハーネスを含めても 1.2-1.3g、Pinpoint-50 は 2.2-2.3g であり、平均的な体重が 50g であるイソシギ、60g 以上であるイカルチドリのいずれにおいても 4% を下回った。GPS ロガーは 6 月下旬から 4 日に 1 点もしくは 2 日に 1 点の頻度で緯度経度を記録するように設定した。併せてカラーリングを装着し、GPS が羽毛に隠れても個体が識別できるようにした。GPS を装着した翌年以降は、調査地域のより広い範囲で個体を探索し、帰還を確認した個体を、再度罠を用いて捕獲し GPS ロガーを回収し、データを読みとった。位置情報の精度は補足衛星数に影響を受け、精度の薄弱さは DOP (dilution of precision) の値が指標となる。DOP が 4 より大きい記録地点は、位置精度が低いと判断し、環境情報の分析から除いた。また、記録地点の高度が 100m 以上の場合には、DOP にかかわらず、該当する点を環境情報の分析から除いた。

(2) 遺伝子を用いた繁殖個体群の遺伝的構造の解析

遺伝的構造の解析は北海道、青森県、長野県、和歌山県、鹿児島県の繁殖集団を対象に、おもにイカルチドリに着目して行った。繁殖期に相当する 3-6 月に各集団の繁殖個体を捕獲し、翼下静脈から血液試料を採取して 99.5% エタノールに保存した。フェノール・クロロホルム法で DNA を抽出し、ミトコンドリア DNA の ND5 領域 (約 680bp) と Cytb 領域 (約 1140bp) を対象に遺伝子を増幅させるための PCR (Polymerase Chain Reaction) 用プライマーを設計して実験を行い、塩基配列を決定した。決定した塩基配列からハプロタイプを決定し、地域集団ごとのハプロタイプ多様度 (0-1 の値をとり、数字が大きければ多様性が高い) と遺伝的距離として Fst (集団間における遺伝的分化の度合い、数字が大きければ分化の度合いが大きい) を算出した。

4. 研究成果

(1) GPS ロガー を用いた個体追跡

北海道では、十勝川で繁殖したイカルチドリ 6 個体に GPS ロガーを装着し、1 個体から回収することができた (回収率 16.7%)。青森県では平川で繁殖した 17 個体に装着し、5 個体から回収

することができた（回収率 29.4%）。長野県では、千曲川で繁殖した 18 個体に装着し、3 個体から回収することができた（回収率 16.7%）。青森県以外の地域では GPS ロガーを装着した個体の帰還率が低いことが課題として残った。

季節移動が明確に確認できたのは青森県で繁殖する個体であった。追跡した 5 個体のうち、1 個体は青森県内で越冬したが、他の 4 個体は季節移動を示し、関東から中部地方への移動および越冬が確認された。北海道と長野県で繁殖した個体では、他県への移動は見られなかった。これらの個体には、繁殖河川からほとんど移動せず、周辺繁殖地周辺に留まる個体もみられたが、厳冬期の 1 時期のみ、繁殖した河川とは異なる河川で過ごし、春に再び繁殖河川に戻る個体も確認された。

繁殖期のイカルチドリは河川の砂礫地であるが、GPS ロガーに記録された緯度経度情報と土地利用図や航空写真を重ね合わせたところ、非繁殖期の環境利用は、季節移動が顕著な個体と、繁殖河川周辺に留まる個体と異なっていた。繁殖地周辺に留まった個体は非繁殖期においても河川を主要な生息地としていた。一方、青森県から関東・中部地方に移動、越冬した 4 個体では、移動中に立ち寄った環境は基本的に河川であったものの、水田や畑などの農耕地を主要な越冬環境として利用する個体もみられた。このほか、経路は不明であるものの、足環の確認により、国内外への移動が 1 例ずつ確認された。以上の結果から、イカルチドリにおいては繁殖地域によって季節移動の有無は異なるが、少なくとも青森県の個体は越冬のために本州中部地方まで南下し、地域間で個体の交流がある可能性が示された。また、同様に河川の砂礫地で繁殖するコチドリの先行研究 (Kasahara et al. 2020) と比較すると、イカルチドリは相対的に河川への依存度が高いことが示された。このことは、イカルチドリの個体数の維持には、繁殖地だけでなく、越冬地においてもこの種の選好性を考慮した河川管理が行われる必要があることを示唆している。併せて、利用する河川は個体で異なっていたことから、広域的な視点で河川の自然再生を行っていくことの重要性が示された。

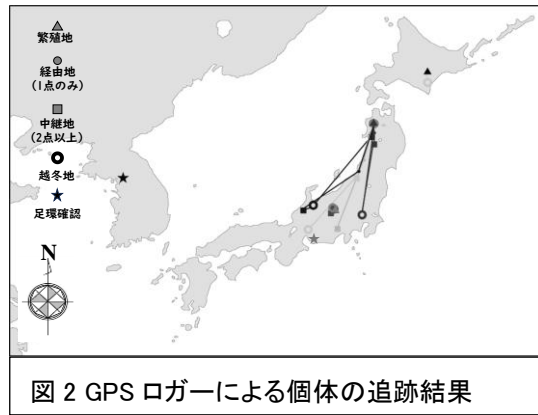


図 2 GPS ロガーによる個体の追跡結果

(2) 遺伝子を用いた繁殖個体群の遺伝的構造の解析

北海道、青森県、長野県、和歌山県、鹿児島県において得た 26、47、69、31、32 試料のうち、ミトコンドリア DNA の ND5 領域では、北海道 9 試料、青森県 30 試料、長野県 32 試料の塩基配列を、Cytb 領域では、北海道 8 試料、青森県 29 試料、長野県 31 試料の塩基配列を決定した。本研究中に設計し使用したプライマーでは、DNA がうまく増幅されない試料もあり、今後も継続して改良していく必要がある。

分析できた試料から、ND5 領域では合計 10 のハプロタイプが確認され、このうち、3 地域に共通なハプロタイプが 2 つ、2 地域に共通なハプロタイプが 1 つ確認された（図 3）。地域によらず同一のハプロタイプが各集団に共通して優占しており、遺伝的距離からみても、それぞれの繁殖集団が遺伝的に分化しているとはいえなかった（表 1）。ハプロタイプ多様度は北海道で 0.7、青森県で 0.5、長野県で 0.3 であった。また、Cytb 領域では合計 12 のハプロタイプが確認され、このうち、3 地域に共通なハプロタイプが 2 つ確認された。ND5 領域同様に、地域によらず同一のハプロタイプが各集団に共通して優占しており、各繁殖集団は遺伝的に分化しているとはいえなかった。ハプロタイプ多様度は北海道で 0.5、青森県で 0.3、長野県で 0.4 であった。

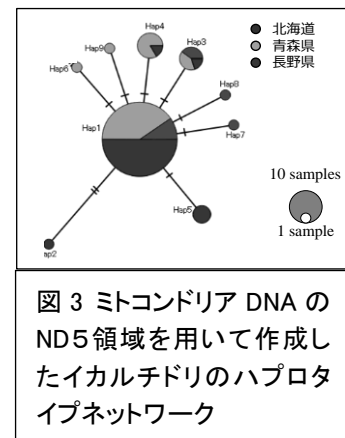


図 3 ミトコンドリア DNA の ND5 領域を用いて作成したイカルチドリのハプロタイプネットワーク

表 1 ミトコンドリア DNA の ND5 領域を用いて算出した遺伝的距離 (Fst)

	北海道	青森県	長野県
北海道	0		
青森県	0.05	0	
長野県	0.07	0.03	0

本研究で得られた繁殖集団間の遺伝的な関係は、GPS ロガーによる追跡結果と一部は矛盾せず、少なくとも東日本の間では繁殖集団間に交流がある可能性が示された。一方で長野県の繁殖集団に顕著な地域的移動が確認できなかったことを鑑みると、議論の余地も残る。可能性の一つとして、長野県の繁殖集団における GPS ロガー装着個体の翌年の帰還率が低かったことから、県外に移動してしまった個体は検出できていないことが挙げられる。この課題は、回収してデータを読み取るロガーではなく、近年小型化が目覚ましい、オンライン上にデータがアップされる機能を持つ GPS ロガーを使用することで解決できるかもしれない。また、遺伝的解析の側面からは、集団間の関係をより詳細に検討するために、分析集団の地域を増やすこと、また核 DNA を用いたマイクロサテライト分析の実施を進めていくことが重要であろう。

5. 主な発表論文等

〔雑誌論文〕 計0件

〔学会発表〕 計3件（うち招待講演 0件 / うち国際学会 1件）

1. 発表者名 笠原里恵（信大・理）・東信行（弘前大・農生）・中嶋瑞美（信大院・総合理工学）・今野美和（北海道帯広市）・今野怜（北海道帯広市）・榮村奈緒子（鹿児島大・農）・森本元（山階鳥類研究所）
2. 発表標題 日本で繁殖するイカルチドリの季節移動と利用環境
3. 学会等名 日本鳥学会2022年度大会
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 中嶋瑞美（信州大・総合理工学）・笠原里恵（信州大・理）・中村太士（北大院・農）・今野美和（北海道帯広市）・今野怜（北海道帯広市）
2. 発表標題 北海道で繁殖するコチドリへの渡り経路と長野県の集団との比較
3. 学会等名 日本鳥学会2022年度大会
4. 発表年 2022年

1. 発表者名 Satoe Kasahara, Minami Nakajima, Futoshi Nakamura, Miwa Konno, Satoshi Konno
2. 発表標題 Migration routes and habitat of the Little Ringed Plover Charadrius dubius breeding in Central and Northern areas in Japan.
3. 学会等名 Australasian Shorebird Conference 2022 (国際学会)
4. 発表年 2022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	榮村 奈緒子 (Emura Naoko) (10762114)	鹿児島大学・農水産獣医学域農学系・助教 (17701)	

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	東 信行 (Azuma Nobuyuki) (40262977)	弘前大学・農学生命科学部・教授 (11101)	
研究分担者	森本 元 (Morimoto Gen) (60468717)	公益財団法人山階鳥類研究所・自然誌研究室・研究員 (72641)	
研究分担者	西海 功 (Nishiumi Isao) (90290866)	独立行政法人国立科学博物館・動物研究部・研究主幹 (82617)	

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