

令和3年度有害生物(オットセイ)生態把握調査

平成20年頃から北海道日本海沿岸においてオットセイによる漁業被害が問題となり、原因究明および対策が求められてきました。そこで被害防止対策を検討する上で必要な、北海道日本海におけるオットセイの分布、回遊、生物特性および食性等の生態を把握し、基礎的知見を得るために種々の調査を実施しました。
 *平成27年度より特定非営利活動法人水産業・漁村活性化推進機構が実施する補助事業「有害生物漁業被害防止総合対策事業」の下で実施されました。

調査の主な内容

- ・目視調査
- ・生態学的調査
(生物特性、食性分析)
- ・回遊経路調査
- ・集団遺伝解析
- ・総合解析

◆事業実施機関

構成機関: 地方独立行政法人北海道立総合研究機構稚内・中央水産試験場、国立大学法人北海道大学北方生物圏フィールド科学センター、東海大学



主な調査実施項目と対象地域

■道西日本海におけるオットセイの分布、回遊経路、生物特性等の結果は行政・漁協担当者等へ報告され、漁業被害軽減対策の検討に役立てられます。

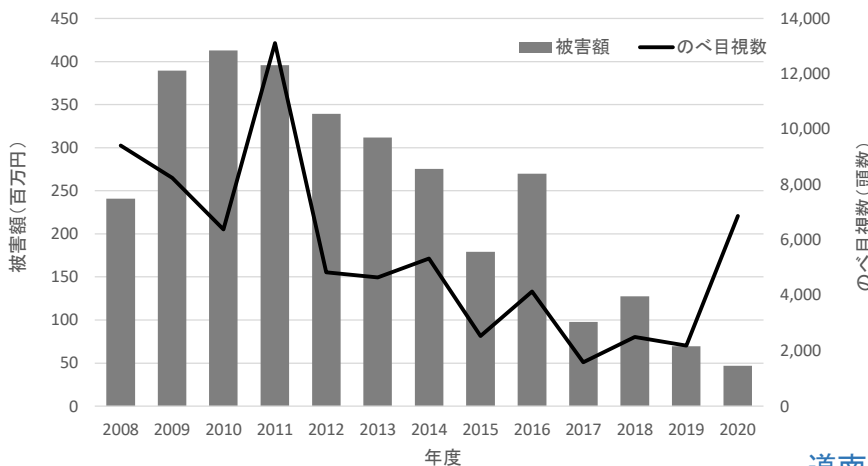
未発表のデータを含むため無断転載を禁ずる

被害実態

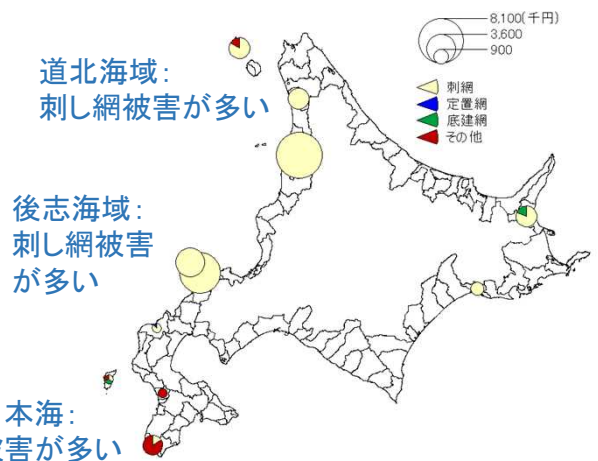
- ・2017～2019年度にオットセイのべ目視数、漁業被害額ともに大幅に減少したが、2020年度の目視数が増加した(道庁資料)。
- ・道北～後志海域は刺し網被害が、道南ではその他(敷網等)の被害が多かった。



刺し網揚網作業。アンコウの腹部だけ食害されている(画面中央左)



日本海海域における総被害額(棒グラフ)とオットセイのべ目視数(折れ線)の推移(2020年度は3月までの暫定値)



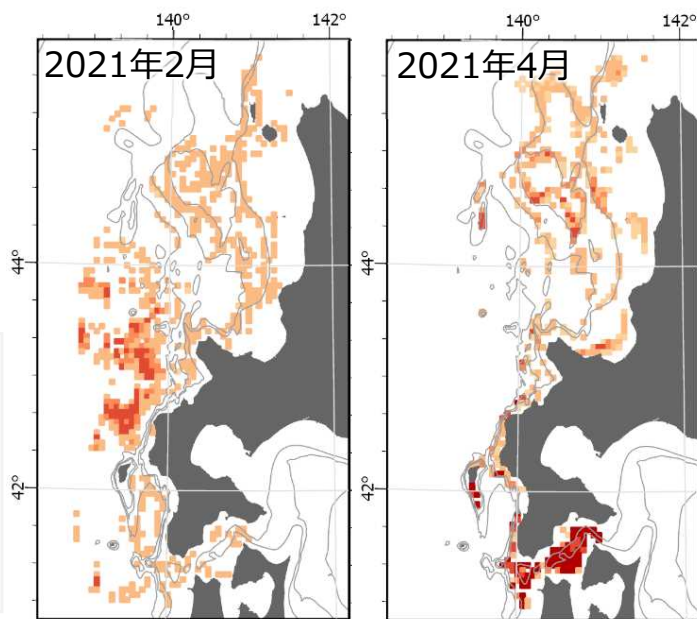
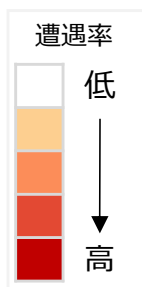
地区別漁業種別の被害総額(間接被害2020年度)

来遊状況調査

- ・2020年12月～2021年4月に北洋丸・金星丸（道総研所属）で目視調査を実施し、オットセイのべ126群229頭を発見した
- ・武蔵堆、留萌沖、奥尻島北部海域で発見が多かった
- ・統計モデルから、オットセイとの遭遇率の分布は変動すると推定された
- ・目視と合わせて収録した赤外線カメラでもオットセイが撮影できた
- ・画像判別モデルを作成し、高精度で生物が映った画像を抽出できることを確認した



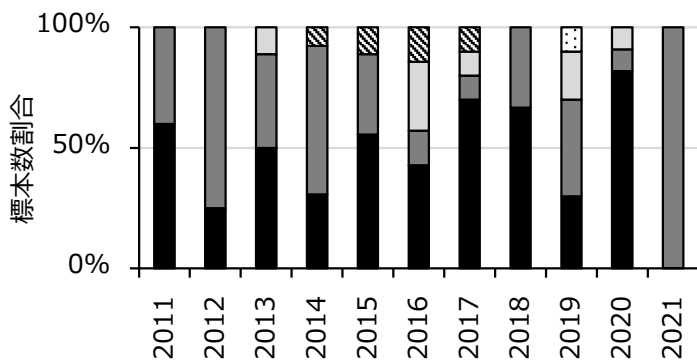
↑ 赤外線カメラで撮影されたオットセイ(赤丸内)



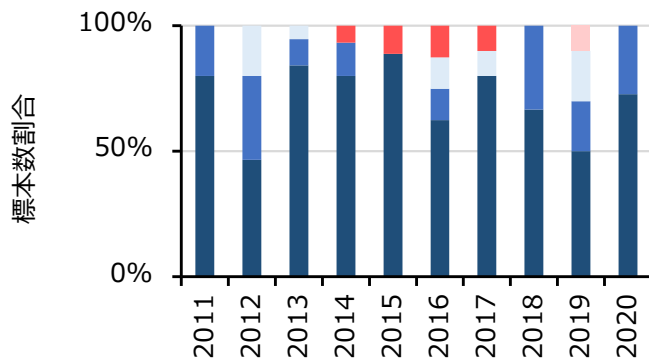
↑ 統計モデルから推定されたオットセイとの遭遇率の分布

生物学的特性調査

- ・2021年に礼文島で採捕された1個体と稚内・寿都に漂着した2個体、および2011年以降に松前地先、礼文島で採捕された105個体の年齢査定、性成熟状態の判定を行った
- ・収集された標本の推定年齢はオス:1～11+歳、メス:0～18+歳であった
- ・松前町地先において採捕が開始された2011年度以降、4歳以上の成熟したオスが標本の多くを占めていた



↑ オットセイの標本採集年別性年齢段階割合



↑ オットセイの標本採集年別性成熟割合生殖腺の発達段階をもとに区分した

松前胃内容物分析結果

※2011～2013年は道事業による調査結果

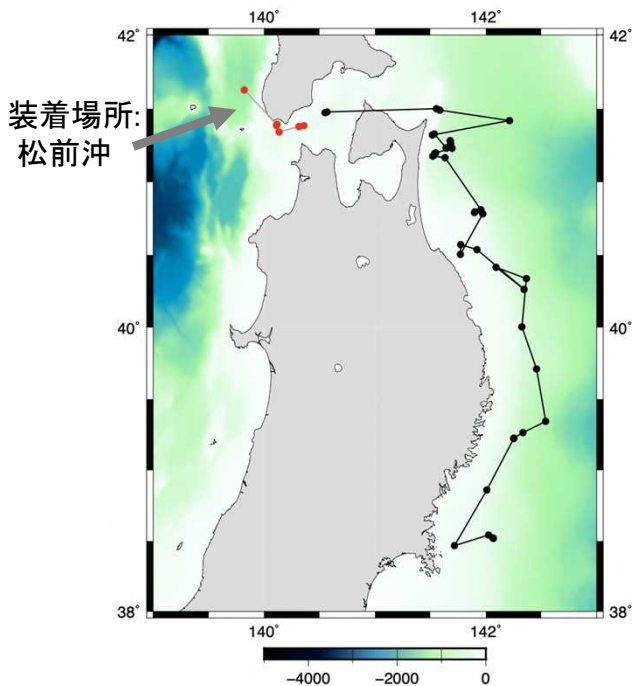
重量割合の高かった順	2011年	2012年	2013年	2015年	2016年	2017年	2018年	2019年	2020年
1	ホッケ	ホッケ	ホッケ	ホッケ	ホッケ	マダラ	マイワシ	ホッケ	ホッケ
2	スケトウダラ	ヤリイカ	スルメイカ	スルメイカ	スルメイカ	ホッケ	ホッケ	メバル属(クロソイ)	マイワシ
3	メバル属	スルメイカ	カタクチイワシ	マダラ	ヤリイカ	スケトウダラ		スルメイカ	ハツメ

松前沿岸域での食性まとめ

- ・ホッケが主要餌生物
- ・ホッケ、メバル属魚類など沿岸性底魚類を利用し、時期的にイカ類やマイワシなどの来遊があればそれらを利用していた

オットセイの回遊経路

北海道南部日本海側の来遊個体についてどの繁殖場由来か？を明らかにするため、衛星発信器による回遊生態の推定を行った



- 2021年4月にオス2個体捕獲・発信器装着
- No. 2101
 - 追跡3日間
- No. 2102
 - 追跡15日間
 - 三陸沖へ移動

2021年の衛星発信器による追跡(赤: #2101、黒: #2102)

オットセイの集団遺伝学的解析

- 9繁殖地由来個体における遺伝的集団差の有無の検討を行い、6系群に分かれることを示唆したが、ロシア系とアメリカ系は明確には分かれなかった



- 繁殖地で得られたハプロタイプと他海域で得られたハプロタイプを比較し、生息地利用と集団間の混合の規模を分析するMixstock法に注目



- 9繁殖地由来mtDNAハプロタイプと2014～2019年にかけて国内で捕獲された48個体由来mtDNAハプロタイプをMixstock法にて比較



- 33.4%がベーリング、25.6%がスレドネバと類似しており、サンミゲル（1.6%）やボゴスロフ（3.9%）は類似性が低いという結果となった（図参照）

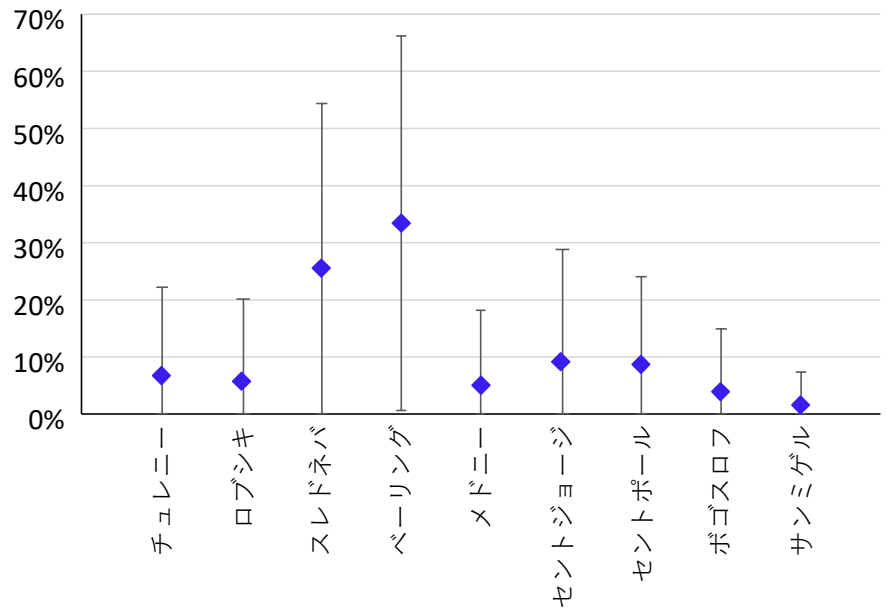


図. Mixstock結果

未発表のデータを含むため無断転載を禁ずる