

BIRD RESEARCH NEWS

2014年10月号 Vol. 11 No. 10

参加型調査 全国鳥類繁殖分布調査はじめます

生態図鑑 オオミズナギドリ

レポート 日本産鳥類のDNAバーコーディング



Photo by Toshifumi Miki

参加型調査

みんなで描く日本の鳥の今
全国鳥類繁殖分布調査はじめます

植田睦之

1974-78年

1998-2002年

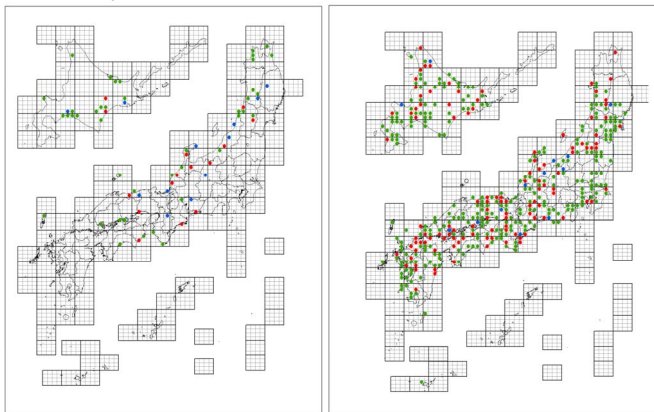


図1. アオサギの分布の変化. 1970年代から分布が大きく拡大したことがわかる. 赤が繁殖の確認された場所, 青が繁殖の可能性の高い場所, 緑が繁殖の可能性のある場所.

1970年代と1990年代に行なわれた環境省の全国鳥類繁殖分布調査. 日本全国の鳥の分布図を描くために, 日本野鳥の会を中心とした全国の約2,000人のバードウォッチャーの協力を得て実施されました. 調査に参加され, 当時のことを覚えている方も多いと思います.

全国の分布を明らかにすることは, 観察者の多い一部の種以外では困難です. そのためこの調査の成果は, 野生動物の全国的な分布とその変化をみることでできる数少ない情報として, 現在でも日本の生物多様性の評価のために使われています. また, モズ類やヨタカなどの若齢林に生息する鳥, シロチドリやコアジサシなどの裸地に生息する鳥などが減少していることがわかり, これらの鳥がレッドリストに掲載されることにもつながりました.

すでに前回の調査から20年が経とうとしています. 近年もスズメの減少, 外来種の拡大, 藪にすむ鳥の減少など, 鳥の生息状況に変化が起きており, 全国の鳥の今を明らかにする必要があります. しかし, 緊縮財政の世の中, 次の調査を実施できる予算的な目処がたっていないというのが現状です.

そこで, 日本の鳥の今を描くために, 皆さんの力を貸していただけないでしょうか? 現在バードリサーチは, NGOと環境省, そして大学の研究者などと共同で, 再び全国鳥類繁殖分布調査を実現するために動き出しています. 予算はまだないのですが, 助成金などで, 調査費用はなんとか確保できるだろうという見通しです. すでに日本野鳥の会と自然保護協会, 環境省生物多様性センター, そして何人もの研究者が参加を表明していて, 2016年度から2020年度にかけての現地調査の実施を目指して準備をしています.

2,300ある調査ルートや生息状況のアンケート調査, 識別ミスのチェックなど, 鳥の知識がある方のご協力ももちろん必要ですが, データの入力, ホームページやニュースレターの作成といった裏方のお手伝いも必要です. 鳥の調査はちょっと難しい, という方にも是非ご協力いただき, 20年に1度の大会を成功させたいと思っています.

繁殖分布調査のホームページを近日公開予定. 公開したらお知らせしますので, ご協力いただける方は参加登録をお願いします. すぐにお手伝いいただくことはないかもしれませんが, ご登録いただいた方には進捗状況や成果等を随時お知らせしていきたいと思っています.



図2. 対象は日本で繁殖している鳥すべて

Photo by 内田博

オオミズナギドリ 英: Streaked Shearwater 学: *Calonectris leucomelas*

1. 分類と形態

分類: ミズナギドリ目 ミズナギドリ科

全頭長:	♂103.6±0.5mm (30)	♀97.5±0.5mm (30)
尾長:	♂139.4±1.0mm (30)	♀137.6±1.1mm (30)
翼長:	♂310.5±1.3mm (30)	♀303.3±1.3mm (30)
露出嘴峰長:	♂50.7±0.27mm (30)	♀47.7±0.28mm (30)
ふ趾長:	♂51.9±0.26mm (30)	♀50.1±0.26mm (30)
体重:	♂549.4±27.4g (17)	♀482.2±47.3g (17)

※ () は計測個体数。体重はOchi *et al.* (2010) による御蔵島で子育て中の親鳥の値で、平均±SDで示す。その他はArima *et al.* (2014) による値で、平均±SEで示す。

羽色:

雌雄同色。顔から体の下面にかけて白い。額から後頭にかけて黒褐色の斑が増えてゴマ塩柄になり、後頸から背、翼上面、尾にかけて暗褐色である。翼下面は下雨覆いが白く、黒褐色の風切羽に縁どられる。



写真1. オオミズナギドリ。

脚は鮮やかな肉色で嘴は青味を帯びる。虹彩は暗褐色。ヒナは灰暗色のダウンに覆われて孵化する。巣立ち期にダウンが急速に脱落し、成鳥に似た羽装になる。

鳴き声:

オスは15kHz前後を上限とする澄んだ高音でピューウィー、ピューウィーと鳴く。メスはオスの約半分の低い周波数帯でグア、オウーエー、グア、オウーエーと濁った音で鳴く(図1)。波が岩礁に砕けたり、風が照葉樹林を抜ける時の低周波の環境音が多い繁殖地では、耳をつんざく高周波のオス声が遠くへ響きやすい。帰島時もしくは離島時に繁殖地の上を鳴きながら飛ぶこともある。発声頻度は繁殖ステージで異なる。巣の防衛とつがい形成期や、亜成鳥の渡来期、孵化後1か月余りは、帰島直後と深夜から離島前の未明の数時間にとりわけ大音量で鳴く。育雛期半ばを過ぎると鳴き声は急減する。ヒナはピュリュリュと高い連続的な餌請い声を出す。巣立ち期にはメスのヒナは低い声も出し、声で雌雄がわかるようになる。

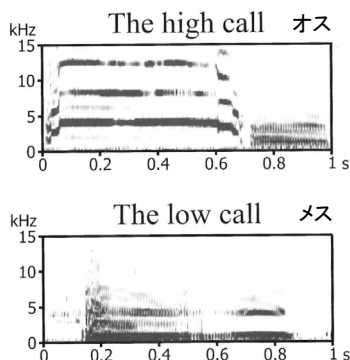


図1. オオミズナギドリ成鳥の雌雄の声紋(Arima *et al.* (2014)の図を一部改変)。

2. 分布と生息環境

東アジアの北緯24~42度、東経121~142度に位置する63の島々で集団繁殖する。そのうち南限繁殖地の沖縄県仲ノ神島を含む53島が日本の領海にあり、韓国に5島、中国と北朝鮮に各2島、ロシアには北限繁殖地となるカラムジン島1島がある。他に、かつて記録され現況は不明な繁殖地が21島ある。ほとんどの繁殖島は照葉樹林が優占する。

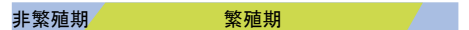
海流系で区分すると、繁殖地の約80%が暖流の黒潮と対馬海流域にあり、17%が寒流の親潮やリマン海流との混合域、2%が寒流のリマン海流域に分布する(岡 2004)。ほぼすべての繁殖島が外洋もしくは外海に位置する。内海では瀬戸内の宇和島(山口県)で少数が繁殖する。

赤道周辺、前年と同じ海域で越冬する傾向がある。

3. 生活史

1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12月

繁殖システム:



年1回、集団で繁殖し、繁殖期は9か月近くにおよぶ。

巣:

礫が少なく土壌が発達した地面に入口直径15~20cm、奥行1m余りの長い横穴を掘る。巣穴の一番奥にわずかな葉や小枝を敷き産座にする。古巣も使う。

卵:

鶏卵大。白色。一腹卵数は1個。補充産卵はしない。

帰島~抱卵期間:

御蔵島では、早いものでは2月末から帰島を始め、3月以降、順次数を増す。この時期から産卵までの3か月間は、オスはメスより頻繁に帰島する。メスは6月初旬から下旬にかけての平均17日間の索餌トリップから戻った直後に産卵する。雌雄共に4回ずつ抱卵する。1回あたりの連続抱卵日数は平均7日で、最長で10日におよぶ。平均の合計抱卵日数は50日である。

育雛期間:

8月半ばにほとんどが孵化する。10日齢で骨部位の成長速度が最大化し、20日齢で体重の成長速度が最大化する。尾翼の成長は後半に集中し、尾長は60日齢、翼長は75日齢で成長速度が最大化し、巣立ち時も翼は伸び続ける。御蔵島では、平均で11月7日に親が最後の給餌をして渡去するが、ヒナはその後にも在留し約10日後に親とほぼ同じ体重で巣立つ。そのため親鳥の育雛期間は平均80日で、ヒナの巣立ちは平均90日齢となる。育雛期の親は毎夜のように帰島する連続給餌と、数日から10日前後まったく帰島しない連続非給餌を繰り返す。

4. 食性と採食行動

食性と採食行動:

繁殖期の主要な餌生物はカタクチイワシ、トビウオ、サンマ、マサバなどの浮魚類やスルメイカなど。子育て期の親が洋上で過ごす時間の平均90%は飛翔しており、着水時間は残り約10%と少ない。1回の着水時間は平均2~3分。最大潜水深度は6m強で、大半が2~3m、なかにはほとんど潜らない個体もいる。

繁殖期の採食行動圏:

南北2,000kmの日本列島孤は、関東、東北の太平洋側で暖流と寒流がぶつかり合い、広域的な混合域が形成される。この混合域は生物生産性が高く、本種が繁殖島に戻る3月頃は房総から鹿島灘沖に形成されるが、ヒナが孵化する夏には暖流の勢いが増し、混合域は北進して三陸沖に形成され、親潮フロントは北海道襟裳岬沖にまで後

退し、釧路、根室沖一帯に好適な採食環境が出現する。

このダイナミックな混合域の移動に、本種は索餌行動圏を連動させ、採食効率を高めていることが近年分かってきた(Oka *et al.* 2014b)。索餌の自由度が大きい帰島からヒナの孵化までの5か月半に対して、育雛給餌で自由度が下がる子育て期3か月間の、繁殖島から混合域と親潮フロントまでの距離が、集団の繁殖成績に大きく影響する。子育て期に生産性の高い海域が遠いほど、移動コストが増し、親鳥の帰島頻度が減少するため、ヒナの成長が遅れ、巣立ち後の生残率が低下しやすい。親そのものも長距離飛行に最適化して体重が軽くなり、衰弱リスクを受けやすくなる。

東日本太平洋側で繁殖する集団には、御蔵島などの伊豆諸島繁殖集団と、三貫島、日出島などの三陸沿岸繁殖集団の二つがある。三陸沿岸繁殖集団は子育て期に周辺海域が混合域となり、採食コストが低い状態が3か月間続くが、御蔵島のように子育て期に良い餌場が遠くなる繁殖集団では、利得と損失のトレードオフが顕著である。

ただし、こうしたダイナミックに変化する海域で繁殖する集団は一部で、季節変化が少ない黒潮・亜熱帯海域の繁殖島も繁殖地全体でかなりの割合を占める。本種はそれぞれの繁殖島の周囲数百から1,000km以内の海洋の環境特性にあわせて、最適な索餌戦略をとっていると予想される。

5. 興味深い生態や行動、保護上の課題

● 保全の問題点

肉食性哺乳類がない島で進化したため、人間によって持ち込まれたイタチやネコなどの捕食者を回避する身体形質や行動形質を獲得しておらず、これらの移入動物や人間による乱獲が個体群の絶滅や縮小を加速させた繁殖地も多い。いったん繁殖集団の規模が小さくなると、少産型の特徴から、減少要因が取り除かれても回復は難しい。

近年まで、繁殖島の多くで島民や沿岸漁民が本種を食用としていた。北海道渡島大島では、親、若鳥、ヒナ、卵を採る資源略奪型の採集で繁殖集団がほぼ絶滅し、その後半世紀を経ても回復していない。こうした食用利用のほか、イタチなどの外来動物を導入した伊豆諸島の三宅島や大島などの有人島では、近年、ほぼ絶滅した。

一方、巣立ち直前のヒナだけを採取する独自の狩猟規則を編み出した御蔵島の、本種を“牧鳥”に見立てた資源管理の例がある。数百年来、採集しながら最大の個体群を維持した優れた保全哲学をもっていた。御蔵島ではイタチの導入も行われなかった。しかし、皮肉にも1980年代の伝統的採取の廃止が本種に対する島民の無関心につながり、ノネコ急増の社会的背景になった。御蔵島では2005年からノネコの捕獲を始めて、2014年までに計389頭が捕獲された。不妊去勢手術の後、一部は島内外で里親を得たが、ほとんどは島内で再放獣のやむなきに至っている。環境省のモニタリング調査によれば、2007年、2012年にかけて御蔵島のオオミズナギドリは10万羽が減少。1978年の東京都による生息数調査と比較すると、35年間で5~8割減少した可能性が高い。

保全への手がかりとして、小笠原諸島で実施されている

ノネコの全頭持ち出しがある。これによりオオミズナギドリなどの海鳥や島の固有鳥類の繁殖集団が復元されつつある。小笠原の例では獣医師が里親を見つける方法がとられているが、同様の問題に悩むすべての島で同じ手法をとるのは不可能に近いだろう。御蔵島でみられているように激増したノネコは島固有の生態系の脅威となり続けている。抜本的な対策が早急に求められている。

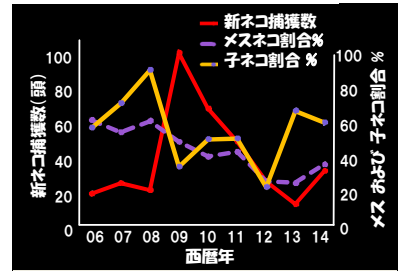


図2. 御蔵島で捕獲し不妊去勢したノネコ数とメス、子ネコ割合の推移(Oka *et al.* 2014a).

6. 引用・参考文献

Arima, H., Oka, N., Baba, Y., Sugawa, H. & Ota, T. 2014. Gender identification by calls of the Streaked Shearwater examined by CHD genes. *Ornithol. Sci.* 13: 9-17.

Matsumoto, K., Oka, N., Ochi, D., Muto, F., Satoh, TP & Watanuki, Y. 2012. Foraging behavior and diet of Streaked Shearwaters (*Calonectris leucomelas*) rearing chicks at Mikura I. *Ornithol. Sci.* 11: 9-19.

Ochi, D., Oka, N. & Watanuki, Y. 2010. Foraging trip decisions by the streaked shearwater *Calonectris leucomelas* depend on both parental and chick state. *J. Ethol.* 28: 313-321.

岡奈理子. 2004. オオミズナギドリの繁殖島と繁殖個体数規模、および海域、表層水温との関係. *山階鳥類学雑誌* 35: 164-188.

岡奈理子. 2012. 御蔵島のオオミズナギドリの春から初夏の採食海域と福島第1原発放射能汚染. *ミクレンス -みくらしまの科学-* 1: 25-36.

Oka, N., Kanayama, S. & Tamura, Y. 2014a. Finding the future for a shearwater. *The 26th IOC, RTD, Tokyo, Rikkyo Univ.*

Oka, N., Ochi, D., Matsumoto, K., Shirai, M., Yamamoto, T., Watanuki, Y., Sato, K. & Yamamoto, M. 2014b. The cost of long distant adult foraging movement during reproduction - an inter-population study of Streaked Shearwaters-. *Ornithol. Sci.* 13 Suppl: 292.

Oka, N., Suginome, H., Maruyama, N. & Jida, N. 2002. Chick growth and fledgling performance of Streaked Shearwaters *Calonectris leucomelas* on Mikura Island for two breeding seasons. *J. Yamashina Inst. Ornithol.* 34: 39-59.

Yamamoto, T., Takahashi, A., Oka, N., Iida, T., Katsumata, N., Sato K. & Trathan, PN. 2011. Foraging areas of streaked shearwaters in relation to seasonal changes in the marine environment of Northwestern Pacific: Inter-colony and sexual differences. *Mar. Ecol. Progr. Ser.* 424: 191-204.

Yamamoto, T., Takahashi, A., Oka, N., Shirai, M., Yamamoto, M., Katsumata N., Sato K., Watanabe, S. & Trathan, PN. 2012. Inter-colony differences in the incubation pattern of streaked shearwaters in relation to the local marine environment. *Waterbirds* 35(2): 248-259.

執筆者

岡奈理子

公益財団法人 山階鳥類研究所 上席研究員/
東京農業大学 客員教授

ハシボソミズナギドリ大量死発生メカニズムを解くための栄養生理・繁殖生態などの総合研究を起点に、水鳥の生息地選択、海鳥の油汚染研究や、オオミズナギドリの生態研究に取り組む。御蔵島で激増したノネコを抑える活動も行っている。写真は2014年夏の国際鳥類学会議でノネコ問題について共に講演したアメリカのMark Rauzonさんと、鎌倉の招きネコ石像の前でツーショット(右が私、大槻都子さん撮影)。欧米式解釈ではバイバイ・キャッツの像となる。ノネコのいない島の実現にむけて願掛けした。



レポート

日本産鳥類のDNAバーコーディング

～その成果と公開～

公益財団法人山階鳥類研究所 齋藤武馬

今年6月、国立科学博物館と山階鳥類研究所の共同プロジェクト「日本産鳥類のDNAバーコーディング」が完成し、発表されました。このプロジェクトでは日本産鳥類234種のDNAが解析され、その配列情報が公開されました。またそれらの配列情報を用いた解析の結果、24種において、種内に別種レベルの大きな遺伝的差異があることが分かりました。この結果は一体何を意味するのでしょうか？今回は、中心となってこのプロジェクトをすすめてこられた山階鳥類研究所の齋藤武馬さんに、プロジェクトの成果をご紹介します！

【青山夕貴子】

DNAバーコーディングとはなにか？

「DNAバーコーディング」とは、「種名が分からない生物のDNAを、データベース上のすでに知られている種のDNAと照合することで、種を同定する技術」である。具体的には、ある生物一個体の標本または体の一部と、その個体のDNAの特定部位の配列を、セットでオンラインデータベースに登録する(図1)。このようにして膨大な種のDNAの配列情報がデータベースに蓄積されている。このデータベースを使って、種同定を行いたい個体(またはその一部)のDNA配列をすでに登録されている既知データと照合させることにより、種を判別することができる。



図1. DNAバーコーディングの仕組み

DNAバーコーディング事業は、鳥類に限らず、全世界のあらゆる生物種を対象としており、世界各国の研究機関が参加している。DNAバーコーディングは、2003年、カナダのGuelph大学のPaul Hebert博士が初めて提唱したもので、2004年にはプロジェクト推進のための組織、Consortium for the Barcode of Life(CBOL)(<http://www.barcodeoflife.org>)が設立された。鳥類では、The All Birds Barcoding Initiative(ABBI)が2005年に設立され、全鳥類種約1万種の解析と登録を目指して、解析作業が進められている。日本では、同じ年に国立科学博物館の西海功博士がABBI設立のワークショップに参加して研究を開始し、のちに著者を中心とする山階鳥類研究所のグループが参加するという体制で事業が進められている。

この技術を用いることにより、これまで生物群ごとに細分化された分類学者の「職人技」とされてきた、高度な専門知識を必要とする種同定を、簡便に行うことができるようにな

る。またその他にDNAバーコーディングが貢献することとして、隠蔽種の発見につながる事が期待される。隠蔽種とは、外見がそっくりで見分けがつきにくいことからこれまで同種とされていたが、DNA配列や生態の違いから別種とみなせる種のことをいう。これまでの解析から、実際に多くの隠蔽種とみなされる種が発見されている。また近年、全国の空港で飛行機のエンジンに鳥が巻き込まれたり、機体に激突したりするバードストライクが問題となっているが、DNAバーコーディングでは羽毛1枚または血液や肉片からでも種判別ができるため、機体に付着した痕跡物から種を同定することができ、事故防止の対策に役立つ。さらに、野生動物の食性の解明に役立つ。例えば、猛禽類や海鳥等の胃内容物のDNAを分析し、これらの鳥類が何を食べているかを特定することができる。他にもDNAバーコーディングが活躍する例はいくつもあり、生態学や分類学などの基礎研究から、環境保全や農林水産業、医療、食品等の応用分野にいたるまで、広くその活用が期待されている。

データの登録と解析方法

1. バーコーディングデータのデータベースへの登録

DNAバーコーディングでは、全DNA配列を登録するわけではなく、登録すべき特定の部位(バーコード領域と呼ばれる、ミトコンドリアDNAの約650塩基対の領域)が指定されている。国立科学博物館と山階鳥類研究所でこれまで集められた鳥の死体を用いて、標本作製し(これを証拠標本という)、それらのバーコード領域の配列を解読した。こうして得られた配列情報を、証拠標本の情報(採集場所、採集日、採集者等)とともに、バーコーディングのデータベース(BOLD Systems)に登録した。両組織で登録作業を進めた結果、234種、1,367標本の登録が完了した。なお、本研究で用いた分類体系は、ABBIの取り決めによりClements(2007)に準じた。

2. 日本列島内及び、日本-大陸間の遺伝的差異の解析

北米の繁殖種260種においてDNAバーコーディングを行なった先行研究では、種内変異の96%が2%以内の遺伝的差異に収まるという結果が得られている(Hebart *et al.* 2004)。しかし4種においては2%以上の大きな種内変異が見つかっており、こうした種は隠蔽種候補と考えられる。

日本産繁殖鳥類でもそのような種がないか明らかにするため、各種の種内の遺伝的差異を調べ、さらに分子系統樹を作成して種内の遺伝的構造を解析した。解析のスケールは以下の二つについて行った。

- 1) バーコーディングの対象とした234種、1,367標本を用いて、日本列島内の解析を行った。
- 2) 大陸(南千島, サハリン, 韓国を含む)と日本列島で共通して分布する142種、1,437個体について解析を行なった。大陸のデータは、すでに公表されている、Yoo *et al.* (2006)とKerr *et al.* (2009)のデータを用いた。

なお、本研究では種に属する亜種のうち、必ずしも全ての亜種について調べていない場合もある。種内の遺伝的差異の解析では、Kerr *et al.* (2009)に従い、1.6%以上の種内変異のある種を隠蔽種候補とした。

レポート

データの解析結果と考察

日本列島内の種間・種内の遺伝的差異と構造

種間変異が1%以下の種

解析の結果、96%以上の種では、他種とは1%以上の遺伝的差異があることが分かったが、別種であるにもかかわらず、種間変異が1%以下の種のペアが5ペア(10種)発見された(表1)。特筆すべきはマガモとカルガモで、両種の遺伝的差異は0%であった。これは、最近ロシア沿海地方で、両種の交雑が認められていることから裏付けられている(Kulikova *et al.* 2005)。その他、アカコッコとアカハラは0.15%、カッコウとツツドリは、0.3%の違いしか認められなかった。

種名	サンプル数	種間変異 (%)
マガモ	4	0
カルガモ	7	
アカコッコ	4	0.15
アカハラ	12	
カッコウ	5	0.3
ツツドリ	6	
シマセンニュウ	6	0.63
ウチヤマセンニュウ	2	
ケイマフリ	1	0.85
ウミバト	1	

表1. 種間変異が1%以下のペア

種内変異が1.6%以上の種

一方、種内で1.6%以上の遺伝的差異を持つ種は、11種あった(表2)。これらの種の種内の分岐パターンは、下記の4パターンに大別される。

- 1) 北海道と本州を隔てるブラキストン線を境とするもの
- 2) 南西諸島内で分かれるもの
- 3) 特定の島で分化が大きなもの
- 4) 同所的に分化の大きいものが存在する、または地理的傾向がないもの

1)のパターンでは、北海道の亜種ミヤマカケス、本州以南の亜種カケスで分かれるカケス(図2)、北海道以北の亜種エゾフクロウと本州以南の亜種(亜種フクロウ、その他の亜種)で分かれるフクロウ、北海道知床半島とその付近のみで繁殖する亜種オオムシクイと本州以南の亜種メボソムシクイを含むメボソムシクイ(ただし、現在の新しい分類では、これらの亜種は独立種となっている)がある。

2)のパターンでは、南西諸島の亜種リュウキュウキビタキ

種名	最大種内変異 (%)	分岐パターン
アカヒゲ	6.13	2
メボソムシクイ	5.06	1
カケス	4.43	1
トラツグミ	3.73	3
キビタキ	3.71	2
ヒヨドリ	3.57	2
カワラヒワ	3.37	3
リュウキュウコノハズク	2.90	4
ヤマガラ	2.82	3
フクロウ	2.81	1
キジバト	2.42	4

表2. 1.6%以上の種内変異を持つ種。分岐パターンの番号は本文に対応。

と九州以北の亜種キビタキで分かれるキビタキ(図3)がある。ヒヨドリは少し複雑で、奄美・沖縄本島の亜種アマミヒヨドリと亜種リュウキュウヒヨドリが一つのグループを形成し、大東諸島の亜種ダイウトヒヨドリが別のグループを形成する。さらにそれ以外の地域の亜種インガキヒヨドリと亜種ヒヨドリが第三のグループを形成している。アカヒゲでは、沖縄諸島の亜種ホントウアカヒゲが他の地域の亜種ア

カヒゲと異なるグループを形成した。

3)のパターンでは、カワラヒワがまず挙げられる。小笠原諸島の亜種オガサワラカワラヒワは、他の亜種カワラヒワや冬期に北から渡ってくる亜種オオカワラヒワとの間に分岐が見られる(図4)。ヤマガラでは、八重山諸島(西表島、石垣島)の亜種オリヤマガラが他の亜種に対して大きな分化を示した。トラツグミでは、奄美大島の亜種オオトラツグミがそれ以外の地域に分布する亜種トラツグミに対して分化が認められた。

4)のパターンのリュウキュウコノハズクは、沖縄本島内で二つの大きなグループが同所的に存在する。またキジバトでは、種内に二つの大きな分化を示すグループがあるが、地理的な傾向が不明瞭であることが特徴的である(図5)。

これらの個々の種の系統地理パターンがなぜ現在のようになったのかについての説明は、各島嶼域がこれまでどのような地史的な歴史を経験してきたかによって異なるうえ、今回のDNAバーコーディングがカバーする部分的な遺伝領域のみの解析では細かい系統地理的な考察を与えることは難しい。それらを知るには、各種について今後さらなる詳細な遺伝解析を行う必要がある。

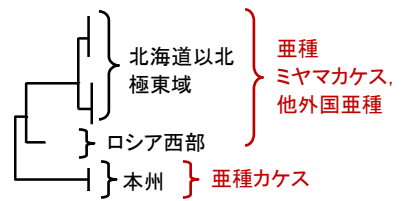


図2. カケスの分子系統樹。Photo by 小松周一(左: 亜種ミヤマカケス), 森佳子(右: 亜種カケス)。

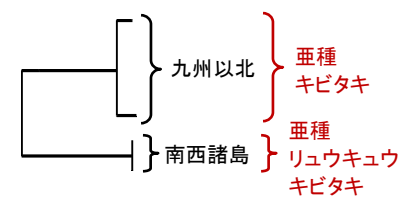


図3. キビタキの分子系統樹。Photo by 長嶋宏之(左: 亜種キビタキ), 高原建二(右: 亜種リュウキュウキビタキ)。

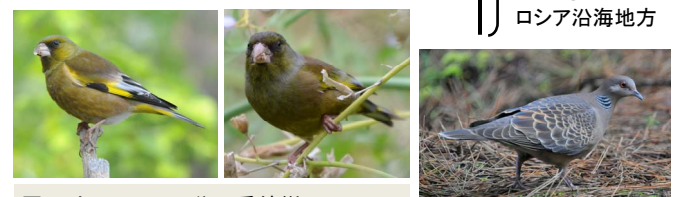
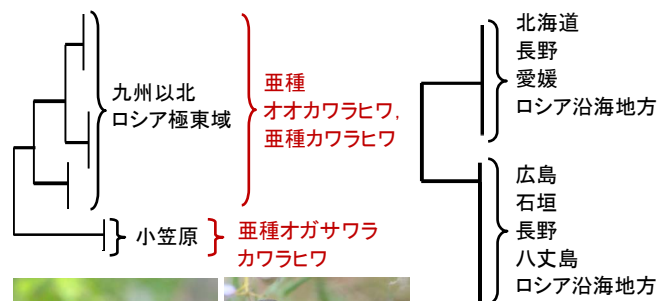


図4. カワラヒワの分子系統樹。Photo by 小笠原倅六(左: 亜種カワラヒワ), 葉山雅広(右: 亜種オガサワラカワラヒワ)。



図5. キジバトの分子系統樹。Photo by 湯浅彦彦

レポート

日本-大陸間の共通種の種内の遺伝的差異と構造

日本列島と大陸間に共通して分布する142種について、その遺伝的差異と構造を調べた結果、1.6%以上の種内変異を持つ種は、国内での解析でみられた11種を含めて24種あった(表3)。この中で新たな日本固有種を内包する可能性がある種は、アカヒゲ、カケス、トラツグミ、キビタキ、ヒヨドリ、カワラヒワ、リュウキュウコノハズク、ヤマガラ、フクロウの9種である。

種名	最大種内 変異(%)	種名	最大種内 変異(%)
ヒバリ	8.38	カワラヒワ*	3.37
イツツバメ	6.40	サメビタキ	2.92
アカヒゲ*	6.13	リュウキュウ コノハズク*	2.90
ヨタカ	6.04	アカゲラ	2.82
メボソムシクイ	5.15	ヤマガラ*	2.82
カササギ	4.73	フクロウ*	2.81
カケス*	4.53	ハシボソガラス	2.45
アオジ	3.95	キジバト	2.42
トラツグミ*	3.73	ヤブサメ	2.21
キビタキ*	3.71	ハシブトガラス	2.13
ヒヨドリ*	3.57	アカモズ	2.01
ウグイス	3.43	ベニマシコ	1.82

表3. 日本列島とその周辺地域の隠蔽種候補。*は日本固有種を含む可能性がある種を示す。

隠蔽種候補が多い理由と分類の再検討について

前出の北米の繁殖種260種を調べた研究では、2%以上の種内変異を持つ種はわずか4種に過ぎない(Hebert *et al.* 2004)。それに対して、今回私達が見つけた隠蔽種候補を含む種(1.6%以上の遺伝的差異をもつ種)は、234種中24種にのぼり、2%以上で考えても23種である。この種数の違いは何に起因するのだろうか。北米大陸は、更新世(約250万年前~1万年前)の間、氷河の発達が著しく、最も氷期の厳しいときで、北緯40度付近まで南進していたことがわかっている。氷期-間氷期のサイクルによる氷河の前後退により、長い間個体群の遺伝的独自性を維持することが難しく、そのため種内の遺伝的差異が小さい種が多いと考えられる。それに対して、日本列島を含むユーラシア大陸東部は、氷河の発達がほとんどなく、その影響は少なかった。そのために長い間隔離され(氷河がなくても、氷期-間氷期の気候変動により、生息地の分断化はあった)、遺伝的差異を蓄積することができ、その結果、種内の遺伝的

変異が大きい種が多く残存しているという理由が考えられる。また日本列島は、6,000以上の島々で構成されているので、それぞれの島嶼で異なる地史的なイベントがおこり、それが個体群間の隔離を促進し、様々な地域での個体群間の遺伝的分化が進んだということも考えられる。

今回のDNAバーコーディング事業によって隠蔽種候補を含む種が24種見つかったが、この結果が即、新種が増えるということを意味するわけではない。分類の再検討を行うには、DNAによる遺伝的差異の他に、形態の測定値や羽色、生態などの生活史形質を加味した総合的な判断が必要である。日本国内の研究では、DNA配列、形態、音声の違いにより、1種が3種の独立種に分割されたメボソムシクイの例が記憶に新しいが(Saitoh *et al.* 2010, Alström *et al.* 2011)、このような包括的な研究手法が今回発見されたその他の隠蔽種候補にも適用され、将来的に分類の再検討が行われることが期待される。

今回のDNAバーコーディング事業によって登録された個体のDNA配列と証拠標本の情報はBOLD Systemのデータベースから閲覧できる。以下の方法でアクセスしてほしい。

1. 「BOLD Systems (<http://www.boldsystems.org>)」を開く。
2. 「Public Data Portal」をクリックする。
3. 検索欄に「YIO」または「BJNSM」を入力し検索。

Saitoh, T., Sugita, N., Someya, S., Iwami, Y., Kobayashi, S., Kamigaichi, H., Higuchi, A., Asai, S., Yamamoto, Y. & Nishiumi, I. 2014. DNA barcoding reveals 24 distinct lineages as cryptic bird species candidates in and around the Japanese Archipelago. *Molecular Ecology Resources* (オンライン版). doi: 10.1111/1755-0998.12282

引用文献

- Alström, P., Saitoh, T., Williams, D., Nishiumi, I., Shigeta, Y., Ueda, K., Irestedt, M., Björklund, M., & Olson, U. 2011. The Arctic Warbler *Phylloscopus borealis* - three anciently separated cryptic species revealed. *Ibis* 153: 395-410.
- Clements, J.F. 2007. *The Clements Checklist of Birds of the World*, 6th edn. Christopher Helm, London.
- Hebert, P.D.N., Stoeckle, M.Y., Zemlak, T.S. & Francis, C.M. 2004. Identification of birds through DNA barcodes. *PLoS Biology* 2: e312.
- Kerr, K.C.R., Birks, S.M., Kalyakin, M.V., Red'kin, Y.A., Koblik, E.A. & Hebert, P.D. 2009. Filling the gap - COI barcode resolution in eastern Palearctic birds. *Frontiers in Zoology* 6: 29.
- Kulikova, I.V., Drovetski, S.V., Gibson, D.D., Harrigan, R.J., Rohwer, S., Sorenson, M.D., Winker, K., Zhuravlev, Y.N. & McCracken, K.G. 2005. Phylogeography of the mallard (*Anas platyrhynchos*): hybridization, dispersal, and lineage sorting contribute to complex geographic structure. *Auk* 122: 949-965.
- Saitoh, T., Alström, P., Nishiumi, I. *et al.* 2010. Old divergences in a boreal bird supports long-term survival through the Ice Ages. *BMC Evolutionary Biology* 10: 35.
- Yoo, H.S., Eah, J-Y., Kim, J.S. 2006. DNA barcoding Korean Birds. *Molecules and Cells* 22: 323-327.