

令和元年6月18日現在

機関番号：32527

研究種目：基盤研究(C) (一般)

研究期間：2015～2018

課題番号：15K06935

研究課題名(和文) 沖縄で繁殖するコアジサシの渡りルートの解明

研究課題名(英文) An Explanation of Migration Routes of Little Terns breeding in Okinawa

研究代表者

早川 雅晴 (HAYAKAWA, MASA HARU)

植草学園大学・発達教育学部・准教授

研究者番号：60710928

交付決定額(研究期間全体)：(直接経費) 3,600,000円

研究成果の概要(和文)：東日本で繁殖するコアジサシは東南アジアからオーストラリア南東部にかけて、台湾で繁殖するコアジサシはオーストラリア北西部で越冬していることが知られている。台湾と距離的に近い沖縄で繁殖するコアジサシの越冬地を調査するためにGPSを使用した。回収には至っていない。先行研究として実施していたジオロケータによるデータからは、オーストラリア北東部で越冬していることが分かった。またGPSと並行して実施したmtDNAによる比較では、東日本で繁殖する集団と沖縄で繁殖する集団では、異なる遺伝子構成のグループに分けられたが、両グループが交流している可能性も示唆された。

研究成果の学術的意義や社会的意義

絶滅危惧種のコアジサシは渡り鳥であることから、保護のためには繁殖地・越冬地・中継地をセットにした保全が必要である。さらに、コアジサシの遺伝的な多様性を維持するためには、種としての保護だけでなく、個体群レベルでの保護が必要と考えられる。今回の研究により沖縄で繁殖する個体群は、東日本で繁殖する個体群と異なる可能性が高くなったので、沖縄の繁殖地の保全の重要性が明らかになったと考えられる。この先移動経路が明らかになっていくことで、保全すべき越冬地や中継地が明らかになっていくものと考えられる。

研究成果の概要(英文)：Little terns breeding in East Japan migrate to between Southeast Asia and the southeastern Australia, and Little terns breeding in Taiwan migrate to the northwestern Australia.

I tried to investigate where Little terns bred in Okinawa geographically near Taiwan migrated, using GPSs. However, I couldn't collect GPSs. From the data by the geo-locator which I carried out as a precedent study, it turned out that Little terns wintered in the northeastern Australia.

In addition, as a result of mtDNA investigation, it was revealed that "the group breeding in East Japan" and "the group breeding in Okinawa" were divided into the group of the different gene constitution, but the possibility that both groups interchanged was suggested.

研究分野：保全生態学

キーワード：コアジサシ 渡り GPS 沖縄 台湾 中国 mtDNA

1. 研究開始当初の背景

これまでの足環による先行調査では、東日本で繁殖したコアジサシは、ニューギニア・オーストラリア南東部・ニュージーランドで越冬していることが明らかになっている。また、ジオロケーターを使った私達の研究でも同様の結果が得られている(図1のAのルート)。

ところが、台湾で繁殖したコアジサシはオーストラリア北西部で越冬していることがジオロケーターの記録から明らかになった(図1のBのルート)。

この結果を踏まえ、「地理的に台湾に近い沖縄で繁殖しているコアジサシは台湾で繁殖するコアジサシと同じ経路で移動している」と仮説を設定した。



図1 コアジサシの渡りルート

理由1：沖縄でもこれまでに多くの標識用足環が装着されてきているが、海外での回収報告は1例もない。これは、調査者が人口の多いオーストラリア南東部・ニュージーランドに集中しているため、オーストラリア北西部に行っている個体は見つからなかった可能性が考えられる。

理由2：沖縄で繁殖しているコアジサシは、営巣開始時期と移動開始時期が東日本のものより半月位早い。

2. 研究の目的

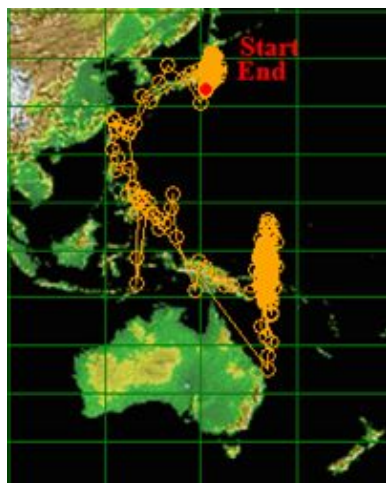
日本には沖縄で繁殖するコアジサシ個体群と、東日本で繁殖する個体群の少なくとも2系統が存在する可能性について、検証を試みる。

これに加えて、地理的に近く沖縄と同一個体群の可能性が考えられる台湾及び中国南東部で繁殖するコアジサシの渡りの経路についても調査することで、沖縄で繁殖するコアジサシ個体群の東アジアにおける独立性の有無についても検証を試みる。中継地や越冬地の位置が個体群によって異なるとすると、絶滅危惧類に指定されている本種を個体群レベルで保護するための保全場所を明確にすることが期待できる。

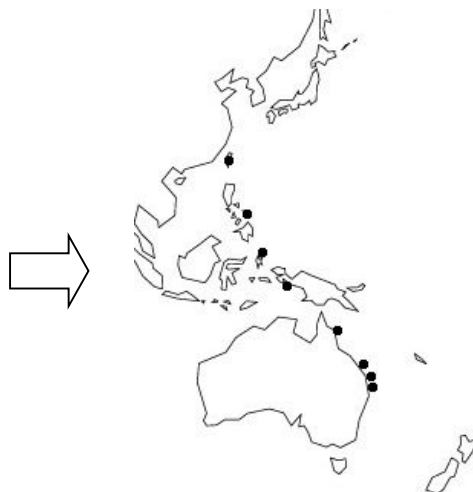
渡りの経路の解明と並行して、コアジサシのDNAの分析を進め、個体群を簡便に判定することが可能なプローブの開発を目指す。GPSによる渡りの経路と、プローブDNA解析の方法が確立すれば、将来的にオーストラリアやニューギニア等他の地域で繁殖するコアジサシの個体群動態を把握することができる。日本で繁殖するコアジサシはニューギニアやオーストラリアに渡っていく一方、ニューギニアで繁殖する個体群も存在し、さらにはオーストラリアでは生殖的隔離が生じており、6月に繁殖する個体群と12月に繁殖する個体群が同所的に存在している。太平洋のコアジサシ(*S. a. sinensis*)個体群の動態は流動的で混沌としている。この移動の多様性をDNA情報と共に整理していくことは、種分化のメカニズムの解明に大きなヒントを与えてくれることが期待できる。

3. 研究の方法

鳥類の移動に関する調査方法として、近年バイオロギングの1つであるジオロケータによる研究が進められている。ジオロケータは、機能を絞り消費電力を抑えるこ



ジオロケータによる調査結果



GPS による調査結果 (イメージ)

図 2

とで小型軽量化に成功したもので、小型の鳥の移動調査にも使用が可能になった。しかし、日照時間から緯度経度を割り出すために位置情報の誤差範囲が 100 km 以上と大きく、移動の概略を把握することしかできない (図 2・左)。これに対し近年、軽量 (1 g) の GPS 装置 (「Pin Point GPS」biotrack 社製) が開発され、生息場所をピンポイントで特定することが可能となったため (図 2・右)、この GPS を利用した。



図 3 : 泡瀬人工島の様子

GPA の装着にあたり、コアジサシを捕獲した場所は、沖縄県沖縄市泡瀬人工島 (図 3)、台湾・宜蘭県の新城溪河口、中国・広東省海豊県の海保自然保護区で、それぞれ 24 羽、10 羽、10 羽に装着した。台湾及び中国で野生生物の捕獲作業を直接行うことができないので、国立台湾大学

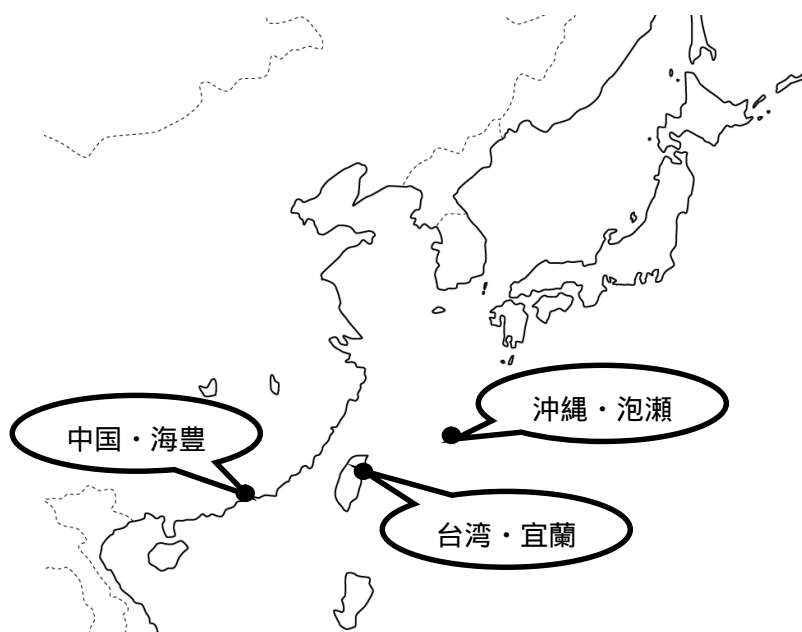


図 4 : GPS を装着したコアジサシの繁殖場所

の袁孝維教授のグループおよび、中山大学の Dr. Liu のグループ・香港観鳥会の Yu Yat Tung のグループと共同で調査を行った。

GPS による移動経路の調査と並行して、捕獲時に翼下静脈から血液を採取し、ミトコンドリア DNA の D-loop 領域（亜種間においても多様性が多い領域）の 5' 領域からの 1028bp の塩基配列を比較し、各集団間の遺伝的特徴を調べる計画であった。しかし、本研究期間中に名古屋議定書が採択されたため、



図 5 : GPS を装着したコアジサシ

海外の資料を日本で解析するのは難しくなった。そこで今回の解析では、国内の繁殖地間の比較を行った。沖縄（13 サンプル）の対照として、東日本のサンプルとして、千葉県 10 サンプル・東京都 18 サンプルを使用した。さらに東日本と沖縄の中間地点として、福岡県の 7 サンプルも加えて比較を行った。

4 . 研究成果

GPS の回収を試みたが、沖縄・台湾・中国共に、これまでに見つけることはできていない。しかし、本調査に先行して実施していたジオロケータを装着した個体を捕獲することができ、そのデータから、沖縄で繁殖しているコアジサシはオーストラリアの東部で越冬していることが明らかになった。

48 のサンプルの mtDNA の D-ループドメインから 29 のハプロタイプが検出された。日本に営巣していたコアジサシの遺伝的ハプロタイプは大きく 3 つのグループに分けられ、沖縄のグループの遺伝的構造は他の場所（東京、千葉、福岡）とは異なることがハプロタイプネットワークによって示唆された。

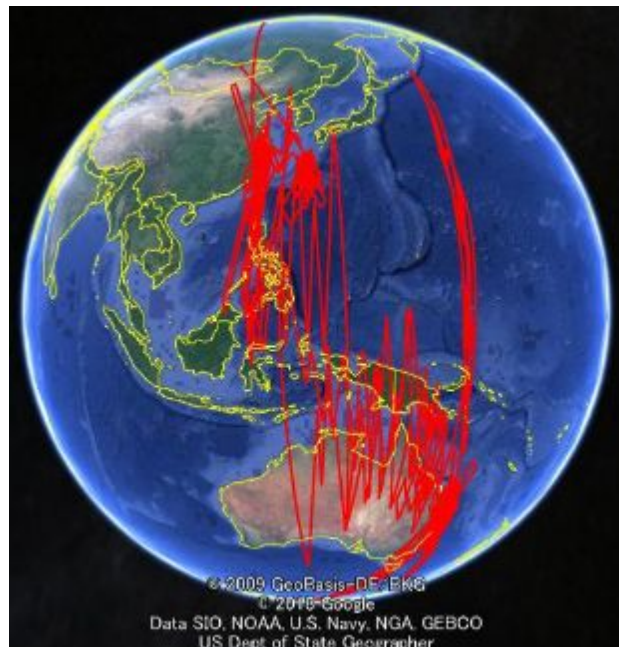


図 6 : ジオロケータで判明した沖縄で繁殖したコアジサシの移動経路

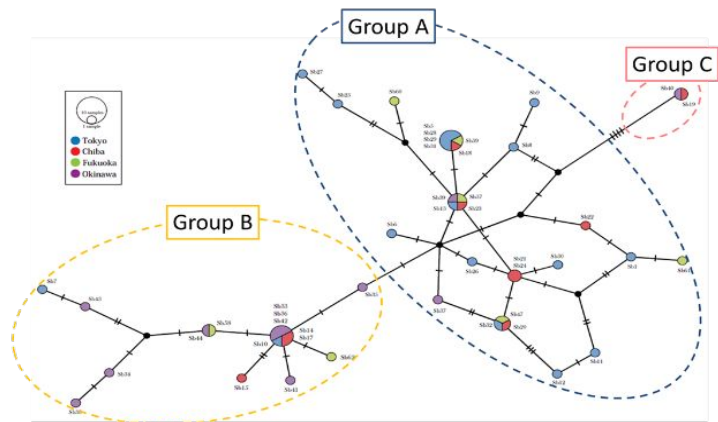


図7 : mtDNA Dループドメインのハプロタイプネットワーク

mtDNA Dループドメインのネットワーク(1029bp)47個のサンプルからTCS法で作成した。このネットワーク上で、遠隔位置のハプロタイプは遺伝的に遠いことを示す。日本で繁殖した人口は3つのグループ(A、B、C)に分けられた。

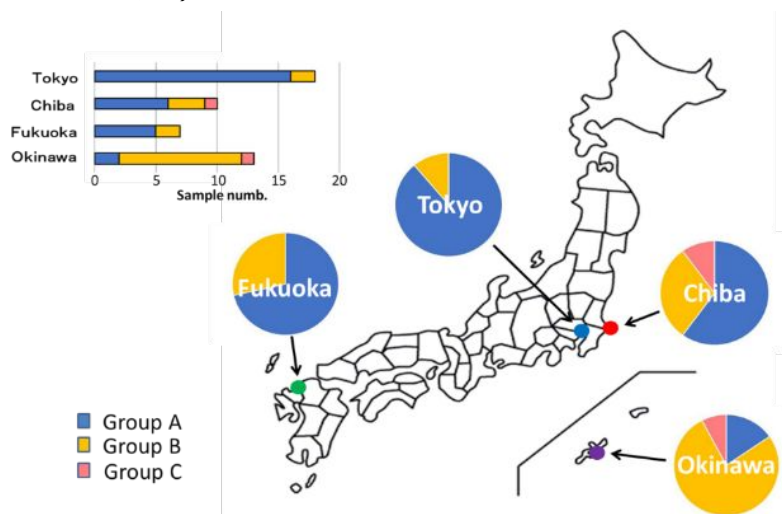


図8 : mtDNA D-ループドメインハプロタイプの分布

調査場所の各グループと色は、図7と同じである。mtDNA D-ループドメインのハプロタイプは、4つの国内繁殖地間で異なる遺伝構造を示した。沖縄ではBタイプが多かったのに対し、東日本の繁殖地ではAタイプが多い傾向が見られた。

Table1 Index of the genetic divergence (Fst) between groups.

	Tokyo	Chiba	Fukuoka	Okinawa
Tokyo	0	-	-	-
Chiba	-0.0057	0	-	-
Fukuoka	-0.0295	-0.0803	0	-
Okinawa	0.2260 (p<0.05)	0.0954 (p<0.05)	0.1382 (p<0.05)	0

ジオロケータのデータから、沖縄の繁殖個体は東日本繁殖個体と同様にオーストラリア北東部で越冬していることが明らかになった。しかし、回収率が少ないことと、DNAの塩基

配列の結果からは、沖縄の個体と東日本の個体には若干の差が見られたことから、コアジサシの渡り経路は、流動的である可能性が示唆された。

国内で繁殖するコアジサシ個体群の移動経路を評価するために、今後より多くの GPS とジオロケーターを回収することが必要と考える。

5. 主な発表論文等

〔雑誌論文〕(計 0 件)

〔学会発表〕(計 4 件)

コアジサシの体重の地域差について(共同). 室伏龍・藤井幹・早川雅晴. 日本鳥学会大会(筑波大学). 2017年9月16日

コアジサシの国内営巣地における遺伝的集団構造(共同). 鈴木美恵子・松原和純・金澤智・早川雅晴・藤井幹・北村亘・室伏龍・森山昭彦. 日本動物学会大会(富山県民会館). 2017年9月21日.

Are Little Terns *Sternula albifrons* breeding in Okinawa and East Japan different population? (collaborate). M.Hayakawa, T.Fujii, R.Murofushi, W.Kitamura, M.Suzuki, K.Matsubara, S.Kanazawa, A.Moriyama. International Ornithological Congress, at the Vancouver Convention Centre in Vancouver, Canada. Aug.21,2018.

コアジサシの沖縄繁殖個体群と東日本繁殖個体群は異なるか?(共著). 早川雅晴・藤井幹・室伏龍・北村亘・鈴木美恵子・松原和純・金澤智・森山昭彦. 日本鳥学会大会(新潟大学). 2018年9月15日

〔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〕

ホームページ等

6. 研究組織

(1) 研究分担者

(2) 研究協力者

研究協力者氏名: 藤井 幹

ローマ字氏名: (FUJII, takashi)

研究協力者氏名: 北村 亘

ローマ字氏名: (KITAMURA, wataru)

研究協力者氏名: 室伏 龍

ローマ字氏名: (MUROFUSHI, alexander ryoh)

研究協力者氏名: 金澤 智

ローマ字氏名: (KANAZAWA, satoshi)

研究協力者氏名: 森山 昭彦

ローマ字氏名: (MORIYAMA, akihiko)

研究協力者氏名: 鈴木 美恵子

ローマ字氏名: (SUZUKI, mieko)

研究協力者氏名: 松原 和純

ローマ字氏名: (MATHUBARA, kazumi)