

令和 3 年 6 月 21 日現在

機関番号：82617

研究種目：基盤研究(C) (一般)

研究期間：2018～2020

課題番号：18K06399

研究課題名(和文) 日本列島を起源に大陸へ広がった鳥類は何種類いるか

研究課題名(英文) How many birds are there which originated from Japan but widespread to the continent?

研究代表者

西海 功(Nishiumi, Isao)

独立行政法人国立科学博物館・動物研究部・研究主幹

研究者番号：90290866

交付決定額(研究期間全体)：(直接経費) 3,300,000円

研究成果の概要(和文)：これまでに245種1778個体の鳥類の日本産繁殖種のDNAバーコード領域をシーケンスし、BOLD Systemsのデータベースに登録した。この最新のデータを分析して、近縁種間および種内の系統および大陸と日本の遺伝的多様性の比較から日本起源の種の推定を再度おこなった。その結果、日本起源が示唆された種は8種増えて48種となった。逆に大陸起源が示唆された種は52種になり、日本集団と大陸集団で系統関係や遺伝的多様性に違いが見られない種は48種になった。したがって分析数を増やしたものの、大陸にも共通して分布する日本産種のうち3分の1から半数は日本起源の可能性があるという評価には影響はなかった。

研究成果の学術的意義や社会的意義

「ガラパゴス化」という言葉が象徴するように、島での生物進化はその島以外では生きていけないような特殊な種を生み出すと一般には理解されている。ガラパゴス諸島のような海洋島では、それは確かにあてはまるが、日本列島のように地史的に大陸ともつながったことのある大陸島では必ずしもあてはまらない。現在では広く分布している鳥類種の中には日本列島で種分化し、日本列島を起源として大陸にまで分布を拡大した種も少なからずいることがDNAバーコードの分析の結果として示された。日本列島はアジア大陸の鳥の種多様性の起源地として重要な役割を果たしてきたことが示唆された。生物多様性の進化学的理解を進めたといえる。

研究成果の概要(英文)：We have sequenced the DNA barcode regions of 1,778 samples from 245 Japanese breeding species of birds and registered them in database of the BOLD Systems. We analyzed the latest data and re-estimated the species of Japanese origin by comparing the phylogeny among closely related species or the intraspecific genetic diversity between the continent and Japan. As a result, the number of species suggested to be of Japanese origin increased by 8 to 48. Conversely, the number of species suggested to be of continental origin increased to 52, and the number of species with no difference in phylogenetic relationships or genetic diversity between the Japanese and continental populations increased to 48. Therefore, although we increased the number of species analyzed, it did not change our assessment that one-third to half of the Japanese species co-distributed in continent may have originated in Japan.

研究分野：鳥類分子生態学

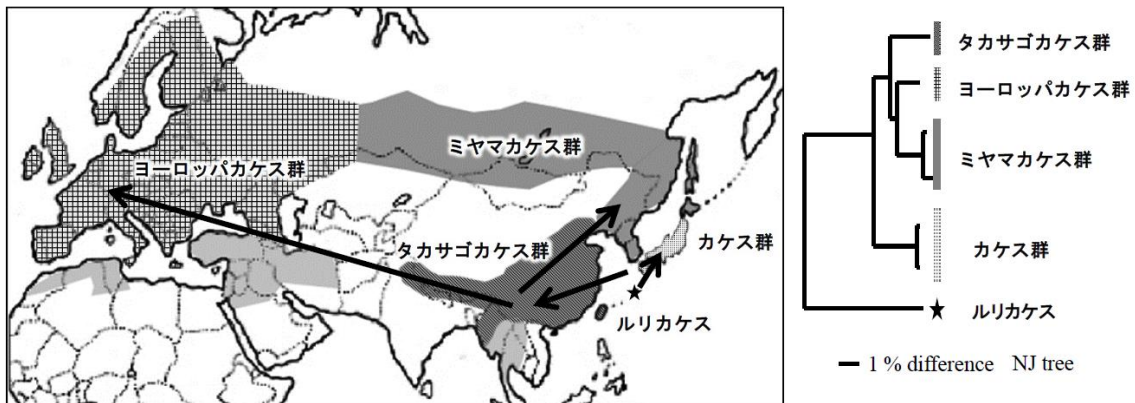
キーワード：生物多様性 種多様性 種分化 種の起源地 DNAバーコード 鳥類 大陸島 日本列島

1. 研究開始当初の背景

東アジアの種多様性が高い理由として、東アジアでは氷河の発達が悪かったこと、海洋や乾燥域によって森林が分断されず連続していることによって南方への避難が可能となり氷期の絶滅が少なかったことが挙げられてきた (Qian & Ricklefs 2000, Nature, 407,180-182)。

研究代表者は韓国、ロシア、中国、台湾などの研究者と共同して東アジアの鳥類の集団構造を研究し、また日本列島の鳥類の DNA バーコーディングをおこなってきた。その結果、カケスのようにユーラシア大陸に広く分布する鳥類であっても、分子系統分析の結果、日本列島に起源することが示唆される種が見つかった。つまり下図に示すとおり、カケスの最も近縁種が奄美諸島固有種のルリカケスであり、日本から大陸まで広域分布するカケスのうち日本列島の本州以南の集団 (カケス群) が最初にルリカケスから分岐し、その後大陸の集団が分化したことが示唆された (西海 2009)。また、DNA 塩基配列による種同定を目的に登録されている DNA バーコードのデータを分析した結果、

カケスの亜種群のmtDNA系統樹と推定される分散の方向



日本から大陸まで分布する鳥類 217 種のうち少なくとも 40 種は日本列島集団の遺伝的多様性が大陸集団よりも高く、日本列島起源であることが示唆された (右表; Nishiumi & Kim 2015; *J. Ornithol.* 156, 325-331)。日本列島起源の広域分布種は、マリモが知られるようになったが (Boedeker et al. 2010)、鳥類にも上記のとおり少なからずいることがわかった。

日本と大陸の両方に分布する鳥類の遺伝的多様性	
	種数
日本列島の多様性が高い	40
大陸の多様性が高い	39
どちらともいえない	39
データ不足	99
合計	217

(Nishiumi & Kim 2015より)

2. 研究の目的

DNA バーコードのリファレンスデータは種同定だけでなく、隠蔽種候補の検出などにも利用されているが、申請者は集団分析をおこなうことで日本起源の広域分布種の候補を選び出すことに結びつけた (Nishiumi & Kim 2015)。本研究の目的は日本産およびアジア産鳥類の DNA バーコードのリファレンスデータをさらに充実させることなどを通じて、日本列島起源の鳥類種を定量化し、日本列島が鳥類の種多様性の創出に大きく寄与してきた可能性を検証することである。

3. 研究の方法

国立科学博物館の鳥類 DNA データベースに収蔵されている日本産鳥類サンプルに関して、鳥類のユニバーサル PCR プライマーセット (BirdF1, BirdF2) を用いて、DNA バーコーディングのターゲット領域を含む 749bp の COI 領域を増幅し、Applied

Biosystems3500xL を用いて両側からシークエンスして解析する。その結果得られた塩基配列をバウチャー標本の情報とあわせて DNA バーコーディングサイト BOLD systems に登録する。既に登録されている旧北区東部の鳥類と韓国の鳥類など他のプロジェクトで登録されている DNA バーコードと併せて比較分析する。BOLD systems 上で NJ 法による系統樹を作成し、日本の集団が系統樹の基部に位置する場合や日本の集団が大陸の集団に対して側系統群となる場合を見つけ出す。このことにより東アジアに分布する鳥類のうち日本起源の可能性が高い種を特定し、その数を再評価する。

具体的にはまず次の 20 の鳥類 DNA バーコーディングプロジェクトのデータを統合して分析した。

BJNSM: Birds of Japan, NSMT

BJIV: Birds of Japan IV; Breeding species phase II

YIO: Birds of Japan, YIO

YIOC: Birds of Japan, YIO - Phase II-beta

YIOD: Birds of foreign species, YIO

AROMF: Charadriiformes

BEPAL: Birds of the eastern Palearctic

BIRSC: Birds of Scandinavia

BPA: Barcoding of Philippine Accipitrids

BPB: Barcoding of Philippine Birds

BRIND: DNA Barcoding of Birds of India

CMCPB: Philippine Birds

KBBI: DNA Barcoding Korean Birds

NLAVE: Aves of the Netherlands

NORBI: Norwegian birds

PTARM: Holarctic Grouse

SIBHI: Birds of Hawaii, USNM

SIBIQ: Birds of Iraq and Afghanistan, USNM

SIBJP: Birds of Japan, USNM

SWEBI: Swedish birds

この分子系統樹において日本または大陸の分析したサンプル数が 2 未満の場合には、”Public Data Portal”に学名を入力してデータを抽出し、日本と大陸が共に 2 以上のサンプルが登録されている場合には、”Identification”に配列を入力して近縁種を含む 100 個体の系統樹を作成し、日本と大陸の遺伝的多様性を比較した。

4. 研究成果

合計 245 種 1778 個体の鳥類の日本産繁殖種の DNA バーコード領域をシークエンスし、BOLD Systems のデータベースに登録した。この最新のデータを分析して、近縁種間および種内の系統および大陸と日本の遺伝的多様性の比較から日本起源の種の推定を再度おこなった。その結果、日本産繁殖種 252 種のうち日本固有種が 15 種、日本起源が示唆された種は 51 種（下表）、大陸起源が示唆された種は 60 種になり、その他地域起源の海鳥が 5 種（北太平洋または大西洋、ニュージーランド）、日本集団と大陸集団で系統関係や遺伝的多様性に違いが見られない種は 48 種になり、サンプル不足の種

は73種が残った(「実績報告書・実施状況報告書」を作成後、さらに分析を進めたため、ここに示した数値は「実績報告書・実施状況報告書」とは完全には一致しない)。このように分析数を増やしたが、大陸にも共通して分布する日本産種のうち3分の1から半数は日本起源の可能性があるという過去の評価には影響はなかった。

新たに日本起源が示唆された種の中でも特に重要な種はカワウで、最近縁種であるウミウが日本海周辺に分布が限られており、ヨーロッパやオーストラリアまで広く分布するカワウ集団の中で日本集団が最も初期に分岐し、また遺伝的多様性が最も高いことが示唆された。日本(あるいはその周辺を含む)に最近縁の固有種がおり、種内系統では最も初期に日本集団が分岐したことを示す鳥類の例としては、ヤマシギ、オオアカゲラ、トラツグミ、センダイムシクイ、カケスに次いで6種目となった。

表：日本起源が示唆された51種

和名	学名	和名	学名
1 コアホウドリ	<i>Diomedea immutabilis</i>	27 アカショウビン	<i>Halcyon coromanda</i>
2 コシジロウミツバメ	<i>Oceanodroma leucorhoa</i>	28 カワセミ	<i>Alcedo atthis</i>
3 アカオネツタイチョウ	<i>Phaethon rubricauda</i>	29 オオアカゲラ	<i>Dendrocopos leucotos</i>
4 カワウ	<i>Phalacrocorax carbo</i>	30 コゲラ	<i>Dendrocopos kizuki</i>
5 ヒメウ	<i>Phalacrocorax pelagicus</i>	31 サンショウクイ	<i>Pericrocotus divaricatus</i>
6 ゴイサギ	<i>Nycticorax nycticorax</i>	32 モズ	<i>Lanius bucephalus</i>
7 アマサギ	<i>Bubulcus ibis</i>	33 コマドリ	<i>Erithacus akahige</i>
8 コサギ	<i>Egretta garzetta</i>	34 ルリビタキ	<i>Tarsiger cyanurus</i>
9 ホシハジロ	<i>Aythya ferina</i>	35 トラツグミ	<i>Zoothera dauma</i>
10 カワアイサ	<i>Mergus merganser</i>	36 コヨシキリ	<i>Acrocephalus bistrigiceps</i>
11 ツミ	<i>Accipiter gularis</i>	37 オオヨシキリ	<i>Acrocephalus orientalis</i>
12 イヌワシ	<i>Aquila chrysaetos</i>	38 メボソムシクイ	<i>Phylloscopus borealis</i>
13 チョウゲンボウ	<i>Falco tinnunculus</i>	39 エゾムシクイ	<i>Phylloscopus borealoides</i>
14 ウズラ	<i>Coturnix japonica</i>	40 センダイムシクイ	<i>Phylloscopus coronatus</i>
15 バン	<i>Gallinula chloropus</i>	41 キビタキ	<i>Ficedula narcissina</i>
16 タマシギ	<i>Rostratula benghalensis</i>	42 オオルリ	<i>Cyanoptila cyanomelana</i>
17 コチドリ	<i>Charadrius dubius</i>	43 エナガ	<i>Aegithalos caudatus</i>
18 ヤマシギ	<i>Scolopax rusticola</i>	44 ホオジロ	<i>Emberiza cioides</i>
19 セイタカシギ	<i>Himantopus himantopus</i>	45 コジュリン	<i>Emberiza yessoensis</i>
20 コアジサシ	<i>Sterna albifrons</i>	46 シマアオジ	<i>Emberiza aureola</i>
21 マダラウミスズメ	<i>Brachyramphus perdix</i>	47 オオジュリン	<i>Emberiza schoeniclus</i>
22 カンムリウミスズメ	<i>Synthliboramphus wumizusume</i>	48 カワラヒワ	<i>Carduelis sinica</i>
23 ツツドリ	<i>Cuculus optatus</i>	49 スズメ	<i>Passer montanus</i>
24 キンメフクロウ	<i>Aegolius funereus</i>	50 ムクドリ	<i>Sturnus cineraceus</i>
25 アオバズク	<i>Ninox japonica</i>	51 カケス	<i>Garrulus glandarius</i>
26 フクロウ	<i>Strix uralensis</i>		

その他にも次のような成果が得られた。クロツグミ *Turdus cardis* がカラアカハラ *T. hortulorum* とわずか 0.4%しか離れておらず、ヒマラヤハイイロツグミ *T. unicolor* とムナグロアカハラ *T. dissimilis* も含めて 4 種が同一の BIN (Barcode Index Number) に入ることがわかり、この種群のヒマラヤ起源が示唆された。ヨタカは亜種ヨタカ *Caprimulgus jotaka jotaka* の分布域が日本列島だけでなく朝鮮半島やシベリア南東部、中国東北部～東部まで含まれるが、バーコードの系統樹では韓国とハバロフスクの集団は日本集団と遺伝的に 6%も異なり、日本集団は固有種である可能性が示唆された。

海鳥については特に海外の登録数が多い種で不足し、これまでほとんど分析できなかったが、いくつかの種では起源が推定できるようになった。コアホウドリ、コシジロウミツバメ、マダラウミスズメ、カンムリウミスズメ、アカオネツタイチョウは日本起源が示唆された。コアホウドリとクロアジアホウドリ、アホウドリの 3 種は 3%未満の違いしかなく、小笠原諸島など日本の島嶼部または太平洋北部で種分化したことが示唆された。コシジロウミツバメは太平洋北部だけでなく、大西洋北部にも分布するが日本の島嶼部の起源が示唆された。マダラウミスズメは太平洋の北西部にしか分布しないが、日本での遺伝的多様性が高く、氷河期に日本列島に南下していた集団が完新世になって北方に分布を拡大したと推定される。カンムリウミスズメは分布が日本の島嶼部中心でもあり、予想通り日本周辺域の多様性が高い。アカオネツタイチョウは太平洋からインド洋に分布するが、バーコードは太平洋の集団についてのみ登録されており、主に北半球と南半球の集団に系統群が分かれつつあるようだが、日本においてのみ両方の系統群に属するハプロタイプが見られている。

5. 主な発表論文等

〔雑誌論文〕 計7件（うち査読付論文 3件/うち国際共著 3件/うちオープンアクセス 2件）

1. 著者名 Matsui Shin, Whitworth Darrell, Sugita Norimasa, Nishiumi Isao	4. 巻 19
2. 論文標題 Breeding Status and Sex Ratio of Ancient Murrelets Captured in the Nocturnal At-Sea Congregation Off Teuri Island, Japan	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 Ornithological Science	6. 最初と最後の頁 203 ~ 203
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.2326/osj.19.203	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 該当する
1. 著者名 Saitoh Takema, Kawakami Kazuto, Red'kin Yaroslav A., Nishiumi Isao, Kim Chang-Hoe, Kryukov Alexey P.	4. 巻 37
2. 論文標題 Cryptic Speciation of the Oriental Greenfinch <i>Chloris sinica</i> on Oceanic Islands	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 Zoological Science	6. 最初と最後の頁 280 ~ 280
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.2108/zs190111	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 該当する
1. 著者名 Song Gang, Zhang Ruiying, Machado Stredel Fernando, Alstrom Per, Johansson Ulf S., Irestedt Martin, Mays Herman L., McKay Bailey D., Nishiumi Isao, Cheng Yalin, Qu Yanhua, Ericson Per G. P., Fjelds? Jon, Peterson Andrew Townsend, Lei Fumin	4. 巻 47
2. 論文標題 Great journey of Great Tits (<i>Parus major</i> group): Origin, diversification and historical demographics of a broadly distributed bird lineage	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 Journal of Biogeography	6. 最初と最後の頁 1585 ~ 1598
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) 10.1111/jbi.13863	査読の有無 有
オープンアクセス オープンアクセスとしている (また、その予定である)	国際共著 該当する
1. 著者名 西海 功	4. 巻 74
2. 論文標題 ライチョウの保全遺伝学	5. 発行年 2020年
3. 雑誌名 生物の科学 遺伝	6. 最初と最後の頁 166-169
掲載論文のDOI (デジタルオブジェクト識別子) なし	査読の有無 無
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 -

1. 著者名 濱尾章二・西海功	4. 巻 51
2. 論文標題 自然教育園の非繁殖期の鳥類：捕獲によって明らかとなった生息環境としての特性	5. 発行年 2019年
3. 雑誌名 自然教育園報告	6. 最初と最後の頁 7-12
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） なし	査読の有無 無
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 -

1. 著者名 西海 功	4. 巻 40
2. 論文標題 鳥の和名	5. 発行年 2018年
3. 雑誌名 海洋と生物	6. 最初と最後の頁 139-141
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） なし	査読の有無 無
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 -

1. 著者名 西海 功	4. 巻 829
2. 論文標題 鳥の分類順の意味が変わった	5. 発行年 2018年
3. 雑誌名 野鳥	6. 最初と最後の頁 14-15
掲載論文のDOI（デジタルオブジェクト識別子） なし	査読の有無 無
オープンアクセス オープンアクセスではない、又はオープンアクセスが困難	国際共著 -

〔学会発表〕 計16件（うち招待講演 3件／うち国際学会 3件）

1. 発表者名 望月みずき・西海功
2. 発表標題 琉球列島のヒヨドリはミトコンドリアDNAと核DNAで異なる系統を示す
3. 学会等名 日本生態学会第68回全国大会
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 重原美智子・川上和人・西海功
2. 発表標題 小笠原・伊豆諸島のツバメには南西諸島を渡るツバメとの遺伝的な違いがあるか？
3. 学会等名 パートリサーチ鳥類学大会2020 Online
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 西海功
2. 発表標題 日本列島の鳥の起源と進化 DNAの研究でわかった鳥たちの歴史
3. 学会等名 鳥博セミナー（招待講演）
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 Mochizuki, M. & I. Nishiumi
2. 発表標題 Two sympatric mitochondrial lineages of Oriental Turtle Dove
3. 学会等名 VII North American Ornithological Conference (国際学会)
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 May, H. & I. Nishiumi
2. 発表標題 Systematics, species delimitation and mitochondrial introgression in the Narcissus Flycatcher complex
3. 学会等名 VII North American Ornithological Conference (国際学会)
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 西海功
2. 発表標題 遺伝情報から見たニホンライチョウの分布変遷と脆弱性評価
3. 学会等名 日本生態学会第67回全国大会（招待講演）
4. 発表年 2020年

1. 発表者名 杉田典正・松井晋・西海功
2. 発表標題 天売島ウミスズメ個体群の遺伝的特性
3. 学会等名 日本鳥学会2019年度大会
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 森さやか・泉洋江・千葉悟・西海功・水田拓
2. 発表標題 マイクロサテライト多型解析で示された絶滅危惧種オトラツグミの低い遺伝的多様性
3. 学会等名 日本鳥学会2019年度大会
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 西海功・福田真・杉田典正・笠原里恵・中村浩志
2. 発表標題 絶滅した中央アルプスのライチョウは、どの集団に遺伝的に近かったか？
3. 学会等名 日本鳥学会2019年度大会
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 重原美智子・西海功・川上和人
2. 発表標題 小笠原諸島 - 伊豆諸島 ツバメの渡り調査2019 : DNA に地域差はあるか？
3. 学会等名 日本鳥学会2019年度大会
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 小島みずき・西海功
2. 発表標題 核DNA を基にしたキジバトの集団遺伝構造について
3. 学会等名 日本鳥学会2019年度大会
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 西海功・金井裕・山崎剛史・小田谷嘉弥・亀谷辰朗・齋藤武馬・平岡考・池長裕史・板谷浩男・大西敏一・梶田学・先崎理之・高木慎介
2. 発表標題 自由集会：みんなで作ろう！目録8 版
3. 学会等名 日本鳥学会2019年度大会
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 西海功・四方田紀恵・Win Win Nwe
2. 発表標題 DNAバーコードでわかったミャンマーで越冬する日本の小鳥
3. 学会等名 日本鳥学会2018年度大会
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 Nishiumi, I., N. Yomoda and W. Win Nwe
2. 発表標題 Two species of Japanese migrant birds wintering in Myanmar suggested by DNA barcoding
3. 学会等名 International Symposium 'Updating of Flora and Fauna of Myanmar' (招待講演)(国際学会)
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 西海 功
2. 発表標題 DNAからみる鳥の系統進化と分類
3. 学会等名 野学校第25回
4. 発表年 2018年

1. 発表者名 小島みずき・西海功
2. 発表標題 キジバトの2タイプのmtDNA と核DNAの比較
3. 学会等名 第66回日本生態学会大会
4. 発表年 2019年

〔図書〕 計4件

1. 著者名 Nobuyuki Tanaka	4. 発行年 2021年
2. 出版社 National Museum of Nature and Science, Tokyo	5. 総ページ数 215
3. 書名 A Guide to Flora and Fauna in Southern Myanmar.	

1. 著者名 楠田 哲士	4. 発行年 2020年
2. 出版社 緑書房	5. 総ページ数 288
3. 書名 神の鳥ライチョウの生態と保全	

1. 著者名 国立天文台	4. 発行年 2020年
2. 出版社 丸善出版	5. 総ページ数 1178
3. 書名 理科年表 2021 (机上版)	

1. 著者名 公益社団法人日本動物学会	4. 発行年 2018年
2. 出版社 丸善出版	5. 総ページ数 800
3. 書名 動物学の百科事典	

〔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
---------------------------	-----------------------	----

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
---------	---------