

科学研究費助成事業 研究成果報告書

令和 4 年 6 月 24 日現在

機関番号：14301

研究種目：基盤研究(C) (一般)

研究期間：2019～2021

課題番号：19K06099

研究課題名(和文) 博物館鳥類標本を用いた過去の遺伝的集団構造の復元：現在との比較と保全への応用

研究課題名(英文) Recover of genetic information from old bird specimens: applications of bird specimens to its conservation

研究代表者

杉田 典正 (Sugita, Norimasa)

京都大学・理学研究科・特定研究員

研究者番号：20620876

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)：キジ科の狩猟鳥は20世紀初期から資源保護のために放鳥されてきた。放鳥は鳥類の本来の遺伝的集団構造を攪乱した可能性がある。本研究では、対象種の約90年前の標本と現生個体群の遺伝情報を比較し、遺伝的多様性の時間経過における変遷の解明に取り組んだ。ミトコンドリアDNAの一部が分析された。約90年前の個体群では概ね地域ごとに特定のハプロタイプをもっていた。一方、現生個体群では距離の離れた地域間でハプロタイプを共有する傾向にあった。この変化の原因のひとつは過去の放鳥であると推測される。今後、より詳細に解析を進め対象種の効果的な保全管理を提案する。

研究成果の学術的意義や社会的意義

国内の博物館には生物標本が数百万点保管されている。標本には形態情報や生息地情報など18世紀後半以降の日本の生物多様性情報が記録されている。しかし、DNA溶液の保存といった遺伝情報の蓄積が充実しはじめたのは21世紀以降であり、それ以前の標本では遺伝情報が欠落している状態である。本研究では、過去と現在の遺伝情報を比較することで時間経過における遺伝的多様性の変遷を明らかにした。本研究の成果は、標本を活用した生物多様性保全に貢献するとともに、生物多様性保全において標本の収集と保管管理の重要性を示した。

研究成果の概要(英文)：Phasianidae birds have been released for resource conservation of hunting since the early 20-century in Japan. Releasing birds may have disturbed the original genetic structure of the birds. In this study, we attempted to reveal the change of genetic diversity over time by comparing the genetic information of an approximately 90 year-old specimen of the species with that of an extant population. A part of mitochondrial DNA was analyzed. The population about 90 years ago had specific haplotypes in each region. In contrast, modern populations tended to share haplotypes between distant regions. The release of birds would lead to this change in the past. In the future, more detailed analysis will be conducted to propose effective conservation management of the bird.

研究分野：保全生物学

キーワード：博物館 標本 遺伝解析 ミュゼオミクス 保全

様式 C - 19、F - 19 - 1、Z - 19 (共通)

1. 研究開始当初の背景

日本の博物館は、19世紀後半から約150年に渡り自然史標本を収集してきた。自然史標本は、ラベルに記載された採集地や採集年月日のほかに、標本自体に形態情報を含む。これらの情報は多くの研究に活用されてきた。また、近年の分子実験技術の発展により、自然史標本内部の遺伝情報を取り出すことも可能になった。これらの情報は全て標本となった生物が生きていた過去の情報である。標本の研究利用の利点は、現在では二度と入手できない過去の生物情報を時間を遡って入手できることである。過去の生物情報に加えて、現在の生物情報もあれば、過去と現在の情報の同一の部位を用いて比較することができる。生物の保全のための研究に標本を活用するとき過去と現在の比較は重要な視点となる。例えば、遺伝的多様性の過去から現在にいたる変遷の過程を直接比較することができる。本研究では、国内の自然史標本を生物の保全のための研究に活用するために、鳥類の標本を材料に約百年前の遺伝的多様性と現在の遺伝的多様性を比較した。そして得られた知見を鳥類の保安全管理に適用する方策を考える。

2. 研究の目的

狩猟鳥であるキジ科鳥類を研究対象とする。この鳥類は、約90年前から資源保護のため日本全国で放鳥されてきた。現在では遺伝的攪乱を考慮した放鳥に切り替わっているが、遺伝子が発見される前から放鳥されてきており、対象種では本来の集団遺伝構造が攪乱されている可能性が高い。本研究の目的は、キジ科鳥類の放鳥による遺伝的攪乱の影響を見積もるために、現在と放鳥初期の集団遺伝構造を明らかにし、時間経過における遺伝的多様性の変化を明らかにすることである。そのため、はじめにキジ科鳥類の現生個体群のサンプルを収集した。次にキジ科鳥類の過去のサンプルを得るために標本庫に保管の標本からサンプルを収集した(図)。それぞれに適切な分子実験の後、過去と現生個体群の遺伝情報を比較し、遺伝的多様性の変化を明らかにした。



図. 1930年頃に採集された対象集標本の採集場所.北海道を除く日本全国から標本が集められており、過去の本種の集団遺伝構造の復元が可能である。

3. 研究の方法

(1) 現生個体群のサンプル収集

日本全国の現生個体群の遺伝情報を得るために、主に3つの方法を用いた。1.対象種は狩猟鳥であるため狩猟期間に各地の猟師から死体を購入した。2.日本全国の博物館等の鳥類担当者との連絡をとり、事故等で回収され冷凍保存されている死体があれば提供を依頼した。3.本研究は、1と2の方法を中心にサンプル収集を行ったものの、上記の方法でサンプルが得られなかった地点においては、特別な許可のもと、研究代表者が捕獲を試みた。しかし、研究期間の2020年の繁殖期はコロナ渦により出張ができず、捕獲方法の検討の機会が1シーズン分失われた。また、対象種は、警戒心が非常に強く捕獲することが難しく、捕獲方法の確立は2022年の繁殖期まで持ち越された。

(2) 過去の個体群からのサンプル収集

本研究では、森林総合研究所所蔵の約250点の標本を利用した。標本から組織片を切り取った。組織片は、DNA抽出の実施まで超低温で保管した。標本組織の切り取り時の注意として、切断部分が目立たないように組織片の切り取りは最小限の大きさにとどめた。また、標本表面には、カビやホコリなどが付着しており、その後の分子実験に影響するので、標本組織切り取り前にこれらの混入を最小限に抑える方法を用いた。

(3) 分子実験

現生個体群の筋肉組織と標本の組織片からの DNA 抽出は、それぞれに適した市販キットを用いた。得られた DNA からミトコンドリア DNA の一部を PCR 増幅した。標本の DNA は断片化しているためターゲットを 6 回に分けて PCR した。プライマーは新しく設計した。本研究期間ではサンガー法により DNA 配列を決定した。DNA シーケンサーの出力データは、市販の分析ソフトを用いて解析された。得られたデータからハプロタイプネットワークを作成した。ハプロタイプの地理的な配置と時間経過における変化を分析した。

4. 研究成果

(1) 標本

約 120 点を超える現生個体群の標本を制作した。標本は国立科学博物館の収蔵庫に保管された。約 90 年ぶりに本研究対象種の日本全国にわたる大規模な標本収集を行うことができた。今回、保管される標本は、標本だけでなく筋肉組織と DNA 溶液も付随されて保存されている。本研究で本研究対象種の西暦 2020 年前後の形態情報や遺伝情報が利用可能な状態で長期にわたり保存される。これらの標本は、気候変動に対する生物の応答や生物多様性の変遷といった将来の起こりうる気候問題への基盤資料としての利用が期待できる。ただし、新型コロナウイルスの影響により捕獲作業のための出張が十分できなかったこともあり、すべての区別できる個体群のサンプルを得られたわけではない。これらの未収集の個体群の分析は今後の課題である。

(2) 遺伝解析

2022 年 5 月時点で現生個体群の 127 個体のミトコンドリア DNA の一部の配列を得た。また、96 点の標本から DNA を抽出し 86 個体の DNA 配列を得た。約 90 年前の標本は、現生個体群に比べてハプロタイプが地域ごとにまとまっている傾向があった。一方、現生個体群は複数のハプロタイプがモザイク状に分布していた。この結果は放鳥の影響によると考えられ、過去に互いに遺伝的に異なる個体群が生息する地域間でそれぞれの個体群が別の地域に放鳥されたことを示唆する。次に亜種の遺伝的差異について検討した。亜種間で明確な遺伝的差異は見られなかった。島嶼部では過去の個体群において特異的なハプロタイプが見つかった。しかし、現生個体群では島嶼部の個体群には他の地域のハプロタイプが混ざっている状態であった。これらの結果は、形態による亜種分類に加えて、遺伝解析を加えて亜種分類を再検討する必要性を示唆する。コロナ渦の影響により現生個体群のサンプル収集に遅れがあり、日本鳥学会編日本産鳥類目録第 7 版で区別されているすべての個体群のサンプルを得られなかったものの、当初の研究目的を大いに達成する成果を得ることができた。

5. 主な発表論文等

〔雑誌論文〕 計0件

〔学会発表〕 計0件

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

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