

令和 4 年 6 月 18 日現在

機関番号：84202

研究種目：基盤研究(C) (一般)

研究期間：2019～2021

課題番号：19K06102

研究課題名(和文) 侵略的外来種ソウシチョウにおける捕獲技術の高度化と管理ユニット策定

研究課題名(英文) Advancement of capture technique and development of management unit for invasive alien species Red-billed leiothrix

研究代表者

天野 一葉(榎永一葉)(Amano, Hitoha)

滋賀県立琵琶湖博物館・研究部・特別研究員

研究者番号：50526316

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)：東北から九州の落葉広葉樹林にて、かすみ網を用いて特定外来生物ソウシチョウを捕獲して血液サンプルを収集した。8座のマイクロサテライトDNAマーカーを用いて、日本の19の地域集団(N=621個体)の遺伝的構造を検討した。全集団で高いヘテロ接合性(平均0.83-0.92)が示され、遺伝的分化度FSTと地理的距離に正の相関が見られた。STRUCTURE解析では3つのクラスターが検出され、中国大陸の3系統の定着が示唆された。クラスター構成から4地域(筑波山以北、東海-近畿と香川、中国-四国(香川除く)、九州)を本種の管理ユニットとし、クラスター間の混合が進む地域を優先的な駆除対象地域として提案する。

研究成果の学術的意義や社会的意義

外来種は生物多様性の最大の脅威の一つである。特定外来生物のソウシチョウは、近年日本各地の森林に侵入・定着して分布を拡大させ、在来鳥類群集を含めた地域の生態系への影響が危惧されている。本研究の学術的意義は、本種を広域な分布拡大期にある森林性外来鳥類のモデル動物として、既存の捕獲技術の改良を試みるとともに、遺伝情報に基づいた駆除のための管理ユニットを設定して、優先すべき駆除管理地域を提案したことである。由来の異なる集団が二次的に接触する交雑帯を重点管理地域に設定して、個体数モニタリングを強化したり、駆除の優先順位を高くしたりすることで、本研究の成果は外来種の駆除管理計画に応用できる。

研究成果の概要(英文)：In deciduous broad-leaved forests from Tohoku to Kyushu, we conducted a capture survey of an invasive alien species, the red-billed leiothrix, using a mist net, and collected blood samples. Using 8-locus microsatellite DNA markers, the genetic structure of 19 regional populations (N = 621 individuals) in Japan was investigated. High heterozygosity (mean 0.83-0.92) was shown in all populations, with a positive correlation between genetic divergence FST and geographic distance. Three clusters were detected in the STRUCTURE analysis, suggesting the establishment of three strains from mainland China. Based on the composition of the cluster, 4 areas (north of Mt. Tsukuba, Tokai to Kinki and Kagawa, Chugoku to Shikoku (excluding Kagawa), and Kyushu) are considered as management units of this species. We propose areas where clusters are mixed as priority areas for eradication.

研究分野：保全生態学

キーワード：集団の遺伝的構造 管理ユニット 遺伝的分化 特定外来生物 マイクロサテライト 外来鳥類 遺伝的多様性 保全生態学

科研費による研究は、研究者の自覚と責任において実施するものです。そのため、研究の実施や研究成果の公表等については、国の要請等に基づくものではなく、その研究成果に関する見解や責任は、研究者個人に帰属します。

1. 研究開始当初の背景

ソウシチョウは、1970～80年代から茨城県筑波山、兵庫県六甲山、福岡県英彦山、鹿児島県霧島など孤立した状態で野外に定着している集団が見られるようになった。ウグイスなど、類似した生態を持つ在来種への影響が懸念され、特定外来生物に指定されている。

原産地は中国南部からヒマラヤにかけてだが、これまでの形態および mtDNA の分析から中国各地から国内へ持ち込まれたと考えられている。中国ではそれぞれの地域個体群が様々な生息環境、異なる生態系で適応進化を遂げてきたことにより様々な遺伝的背景を持つことだろう。したがって、日本国内には様々な地域由来の遺伝的組成の異なる個体が放たれたことになる。それらが交配することで、元の集団には見られない遺伝的変異の新しい組み合わせが生じているに違いない。そのことは日本の環境により適した新しい遺伝子の組み合わせをもたらすおそれがある。これまでの5座のマイクロサテライト DNA マーカーを用いた解析から、古い個体群（筑波山、六甲山、英彦山）は比較的低い遺伝的多様性を示し、これらの中間地点において遺伝的多様性が高くなっている個体群があることわかってきた。

2. 研究の目的

分布拡大を続けるソウシチョウの生息状況を把握しつつ、取り除きのためのソウシチョウの捕獲方法について検討する。ソウシチョウ用のマイクロサテライト DNA の PCR プライマーを開発して、国内におけるソウシチョウの空間的な遺伝構造の現状を把握し、現在遺伝的多様性が最大で他の集団の増加を助長する恐れのある地域個体群、あるいは今後増加するおそれのある地域個体群を特定する。また、どのような場所で集中的な取り除きを行えばよいのか検討するための資料とする。

3. 研究の方法

(1) 東北、関東、近畿、中国、四国地域において繁殖期に捕獲調査を行い、血液サンプルの採集を行った。各地の植生調査の記録、web 上の環境写真や観察記録、全国的な鳥類調査の記録などを参考にして、ソウシチョウの記録がある場所やブナ林やミズナラ林とスズタケなどのササ群落のある場所を候補地として絞り、調査を行った。捕獲はかすみ網を林内のササ群落や低木の藪の中や側面に張り、同種の音声（さえずりや警戒声、仲間を呼ぶ声）を流して行った。血液の採取は、翼下静脈に注射針（27 ゲージ）を軽く刺して、にじみ出てきた血液をヘパリン処理した毛細管でおよそ 100 マイクロリットルを採取し、保存用バッファーに入れた後、室温保存した。捕獲および採血は、環境省の許可を得て行った。

(2) キアゲン DNeasy Blood & Tissue Kit を用いてサンプルから DNA を抽出した。ソウシチョウを対象に開発したマイクロサテライト DNA 12 座について、1 地点あたり最大 40 個体を対象に PCR 増幅を行い、オートシーケンサー ABI 3130xl を用いて遺伝子型を分析した。得られた遺伝子型のデータを元に、プログラム Genepop 4.7.5 を用いてハーディワインベルク平衡からの逸脱を調べた。また、「距離による隔離」の有無を明らかにするため、個体群間の地理的距離と遺伝的分化度 F_{ST} 値の間の相関関係の有無をプログラム GenAlEx ver.6.502 の Mantel 検定により調べた。さらに、複数の遺伝子座の遺伝子型データを使用して母集団を推測するためのモデルベースのクラスタリング手法であるプログラム STRUCTURE ver.2.3.4 を用いて、集団の遺伝的構造や母集団の数の推定、繁殖による遺伝子型の混合があるかどうか解析を行った。

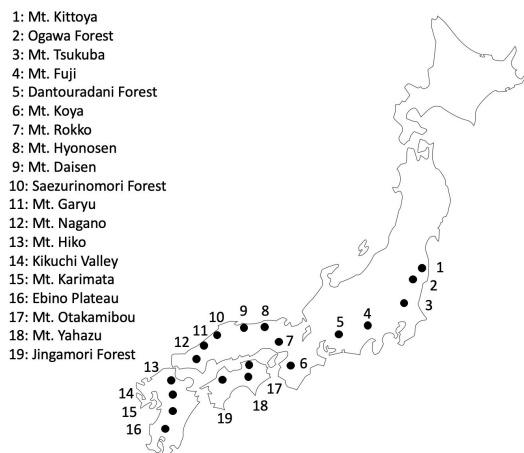


図1 調査地

4. 研究成果

野外調査は、宮城県、福島県、茨城県、群馬県、和歌山県、兵庫県、広島県、山口県と愛媛県において実施し、これまでサンプル数や生息情報が少なかった地域で群れの観察やサンプリングを行うことができた。阿武隈山地では4箇所（大滝根山、鬼太郎山、屹兎屋山、小川群落保護林）でソウシチョウの生息を確認した。生息が確認された場所は、落葉広葉樹林でササ群落（スズタケ-ブナ群団、クリ-ミズナラ群集など）のある標高 650~900 m の場所であった。東北地方でのソウシチョウの観察記録は少ないが、今回の調査から福島県南部ではソウシチョウが定着しつつあると考えられた。今回の調査では、大滝根山以北（安達太良山、福島市小島の森、手倉山、日山、片曾根山）や過去に観察記録のあるいわき市石森山でソウシチョウの生息は確認できなかった。また、捕獲調査を行った調査地以外にも、群馬県赤城山や奈良県大和葛城山、大阪府むろいけ園地、五月山公園でソウシチョウの小群を観察した。

これまでに日本国内の 19 の地域集団で得た 621 個体の DNA サンプル（図 1）において、12 座のマイクロサテライト DNA の遺伝子型を決定した。そのうちナルアリル（PCR 増幅のできないアリル）が検出されず、ハーディワインベルク平衡からの大きな逸脱もみられなかった 8 座の遺伝子型データを用いて、地域集団内および集団間の遺伝的構造について検討した。

すべての集団で高いヘテロ接合性（平均 0.83-0.92）が示された（表 1）。個体群毎に調べた遺伝子座の間の連鎖不平衡の検定を行ったところ、幾つかの個体群では有意に連鎖不平衡を示す 2 つの座の組み合わせが見られたが、その組み合わせが個体群間で共通して見られないことから、調べた 8 つの座は同じ染色体上の近接した位置にはないと思われた。

サンプル数の違いを考慮した対立遺伝子の数（Allelic richness）は、屹兎屋山の個体群が最も低い値（9.3）を示し、次に小川と六甲山が低い値（9.7）を示した。富士山は最も高い値（12.1）を示し、次に菊池溪谷（11.8）が高い値を示した。えびのを除いて、古い個体群（筑波山、六甲山、英彦山）や新しい個体群の一部（屹兎屋山、小川、矢筈山）は比較的低い遺伝的多様性を示した。一方、古い個体群の中間地点において遺伝的多様性が高くなっている個体群（富士山、大山、菊池、雁俣山）があった（表 2）。

表 1 8 つの遺伝子座の個体群ごとのヘテロ接合度の期待値/観察値 He/Ho

	P01B	P03G	P18B	P19Y	P21Y	P26B	P31R	P37R
1: Mt. Kittoya	0.867/0.844	0.811/0.594*	0.888/0.906	0.867/0.844	0.896/0.906	0.866/0.875	0.912/0.813	0.857/0.844
2: Ogawa Forest	0.916/0.875	0.853/0.813	0.852/0.813	0.918/0.906	0.883/0.750	0.841/0.844	0.880/0.813	0.858/0.938
3: Mt. Tsukuba	0.896/0.875	0.883/0.800	0.866/0.850	0.909/0.925	0.862/0.800	0.813/0.825	0.910/0.900	0.890/0.875
4: Mt. Fuji	0.916/0.846	0.878/0.897	0.910/0.974	0.894/0.821	0.910/0.872	0.902/0.872	0.961/0.974	0.938/0.846
5: Dandouradani Forest	0.935/0.844	0.827/0.563*	0.885/0.875	0.910/0.938	0.891/0.688*	0.923/0.875	0.926/0.969	0.911/0.906
6: Mt. Koya	0.926/0.813	0.864/0.938	0.908/0.938	0.902/0.906	0.856/0.938	0.891/0.813	0.955/0.875	0.936/0.969
7: Mt. Rokko 2016	0.906/0.917	0.909/0.750	0.880/0.750	0.917/1.000	0.877/0.917	0.851/0.917	0.877/0.917	0.895/0.750
7: Mt. Rokko 2021	0.897/0.906	0.868/0.750	0.867/0.875	0.903/0.813	0.877/0.938	0.832/0.719	0.890/0.844	0.935/0.844
8: Mt. Hyonosen	0.841/0.813	0.831/0.938	0.899/0.813	0.923/1.000	0.853/0.813	0.847/0.875	0.944/0.938	0.919/0.938
9: Mt. Daisen	0.905/0.844	0.903/0.969	0.889/0.906	0.914/0.875	0.912/0.875	0.917/0.906	0.939/0.938	0.953/1.000
10: Saezurinomori Forest	0.917/0.938	0.811/0.781	0.893/0.938	0.911/0.875	0.896/0.875	0.867/0.813	0.933/0.969	0.913/0.969
11: Mt. Garyu	0.901/0.813	0.838/0.781	0.919/0.906	0.878/0.813	0.911/0.969	0.843/0.813	0.952/0.938	0.905/0.938
12: Mt. Nagano	0.828/0.813	0.738/0.688	0.899/0.844	0.915/0.969	0.864/0.688	0.839/0.844	0.936/1.000	0.926/0.969
13: Mt. Hiko	0.867/0.844	0.899/0.875	0.895/0.813	0.859/0.781	0.855/0.875	0.872/0.906	0.882/0.906	0.890/0.969
14: Kikuchi Valley	0.903/0.781	0.920/0.906	0.915/0.938	0.912/0.844	0.905/0.938	0.906/0.875	0.944/0.969	0.915/0.938
15: Mt. Karimata	0.934/0.906	0.865/0.906	0.890/0.875	0.923/0.938	0.911/0.938	0.880/0.906	0.928/0.938	0.934/0.969
16: Ebino Plateau	0.937/1.000	0.879/0.813	0.890/0.906	0.859/0.938	0.913/0.844	0.882/0.750	0.918/0.906	0.939/0.938
17: Mt. Otakamibou	0.921/0.912	0.848/0.824	0.917/0.941	0.825/0.824	0.878/0.794	0.871/0.853	0.934/0.971	0.934/0.853
18: Mt. Yahazu	0.889/0.781	0.896/0.875	0.848/0.781	0.889/0.969	0.881/0.781	0.859/0.656*	0.921/0.969	0.890/0.938
19: Jingamori Forest	0.921/0.875	0.868/0.813	0.864/0.906	0.909/0.938	0.892/0.969	0.904/0.813*	0.918/0.781*	0.931/0.938

*: p < 0.00625 (0.05/8) Hardy Weinberg test: Probability test

表 2 マイクロサテライト DNA の座・個体群あたりの Allelic richness

pop no.	Honshu										Kyushu				Shikoku				All		
	1	2	3	4	5	6	7	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17		18	19
	Mt. Kittoya	Ogawa	Mt. Tsukuba	Mt. Fuji	Dando	Mt. Koya	Mt. Rokko 2016	Mt. Rokko 2021	Mt. Hyonosen	Mt. Daisen	Saezuri no mori	Mt. Garyu	Mt. Nagano	Mt. Hiko	Kikuchi	Mt. Karimata	Ebino	Mt. Otakamibou	Mt. Yahazu	Jingamori	
n	32	32	40	39	32	32	12	32	16	32	32	32	32	32	32	32	32	34	32	32	621
P01B	10.0	11.2	11.2	13.4	13.5	12.6	11.0	10.6	10.4	11.4	11.8	11.2	10.9	11.3	12.5	13.7	13.2	12.1	11.4	11.8	13.8
P03G	7.3	8.8	8.9	9.8	7.0	9.3	9.0	9.0	8.9	10.1	9.1	9.5	9.6	10.0	11.0	9.5	9.9	10.4	9.6	8.6	10.3
P18B	9.8	8.8	8.9	10.9	8.9	10.6	10.0	8.4	9.9	9.6	10.0	10.5	10.1	9.7	10.8	10.5	9.6	11.0	8.8	8.8	11.0
P19Y	9.6	11.7	10.4	10.8	11.2	9.8	9.0	10.3	11.2	11.1	11.1	9.4	11.3	8.8	11.5	11.7	9.7	8.4	9.4	10.9	11.7
P21Y	9.3	9.0	8.5	11.2	9.9	8.6	8.0	7.9	9.8	11.4	10.3	10.9	9.1	8.4	11.1	11.0	11.4	9.8	9.0	9.3	11.1
P26B	8.4	8.2	8.4	10.1	11.8	9.9	8.0	8.6	8.3	10.9	9.4	8.9	8.1	8.3	10.0	9.8	10.0	8.2	7.8	9.9	10.4
P31R	11.1	10.3	12.4	16.4	12.8	14.9	11.0	9.5	14.1	13.6	13.2	14.4	12.6	11.4	15.3	12.6	12.6	13.9	12.3	12.8	15.9
P37R	8.9	9.8	12.0	13.9	12.6	14.0	10.0	13.0	12.3	14.8	12.5	11.9	14.0	11.2	11.9	12.9	13.7	12.9	10.4	12.2	14.9
Average	9.3	9.7	10.1	12.1	10.9	11.2	9.5	9.7	10.6	11.6	10.9	10.8	10.7	9.9	11.8	11.5	11.3	10.8	9.8	10.6	12.4

Based on minimum sample size of 12

F_{ST} の平均値は、六甲個体群(2016年サンプル)と他地点の組み合わせで最も高く(0.030)、最も低かったのは、大山と他地点の組み合わせと雁俣山と他地点の組み合わせで(0.019)だった。個体群間の混合が進んで遺伝的多様性が高くなっている地域(富士山、大山、菊池、雁俣山)は、平均して他の地域と遺伝的組成が似ていた(表3)。

表3 各個体群間の遺伝的分化度 F_{ST} の値

1	2	3	4	5	6	7	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	
Mt. Kittoya	Ogawa	Mt. Tsukuba	Mt. Fuji	Dando	Mt. Koya	Mt. Rokko 2016	Mt. Rokko 2021	Mt. Hyonos en	Mt. Daisen	Saezuri	Mt. Garyu	Mt. Nagano	Mt. Hiko	Kikuchi	Mt. Karimata	Ebino	Mt. Otakami bou	Mt. Yaha zu	Jingam ori	
0.000																			Mt. Kittoya	
0.015	0.000																		Ogawa	
0.014	0.008	0.000																	Mt. Tsukuba	
0.020	0.022	0.021	0.000																Mt. Fuji	
0.025	0.027	0.026	0.018	0.000															Dando	
0.026	0.028	0.027	0.017	0.018	0.000														Mt. Koya	
0.034	0.038	0.034	0.024	0.035	0.031	0.000													Mt. Rokko 2016	
0.031	0.033	0.028	0.020	0.026	0.031	0.016	0.000												Mt. Rokko 2021	
0.028	0.031	0.026	0.023	0.030	0.033	0.037	0.025	0.000											Mt. Hyonos en	
0.023	0.026	0.020	0.014	0.021	0.021	0.026	0.020	0.021	0.000										Mt. Daisen	
0.028	0.027	0.027	0.019	0.027	0.025	0.026	0.022	0.018	0.015	0.000									Saezuri	
0.025	0.028	0.027	0.018	0.026	0.026	0.032	0.024	0.019	0.015	0.009	0.000								Mt. Garyu	
0.025	0.030	0.030	0.020	0.031	0.029	0.030	0.026	0.017	0.019	0.013	0.013	0.000							Mt. Nagano	
0.029	0.037	0.033	0.023	0.027	0.027	0.030	0.026	0.032	0.020	0.024	0.027	0.028	0.000						Mt. Hiko	
0.023	0.028	0.025	0.015	0.019	0.021	0.027	0.020	0.022	0.014	0.019	0.018	0.020	0.015	0.000					Kikuchi	
0.024	0.027	0.026	0.018	0.020	0.020	0.028	0.020	0.020	0.012	0.013	0.016	0.019	0.025	0.016	0.000				Mt. Karimata	
0.025	0.024	0.020	0.017	0.022	0.021	0.025	0.020	0.025	0.012	0.016	0.020	0.024	0.022	0.020	0.017	0.000			Ebino	
0.033	0.034	0.036	0.022	0.026	0.024	0.036	0.031	0.034	0.022	0.025	0.028	0.029	0.029	0.021	0.020	0.023	0.000		Mt. Otakami bou	
0.034	0.036	0.030	0.025	0.030	0.031	0.035	0.025	0.023	0.016	0.022	0.022	0.024	0.025	0.016	0.017	0.021	0.034	0.000	Mt. Yaha zu	
0.031	0.031	0.028	0.018	0.020	0.021	0.028	0.022	0.027	0.016	0.018	0.020	0.027	0.022	0.015	0.014	0.014	0.021	0.020	0.000	Jingamori

個体群間の遺伝的分化度 F_{ST} 値と地理的距離との間には有意な正の相関が見られ ($R^2 = 0.0869$, $p = 0.006$)、「距離による隔離」が観察された(図2)。

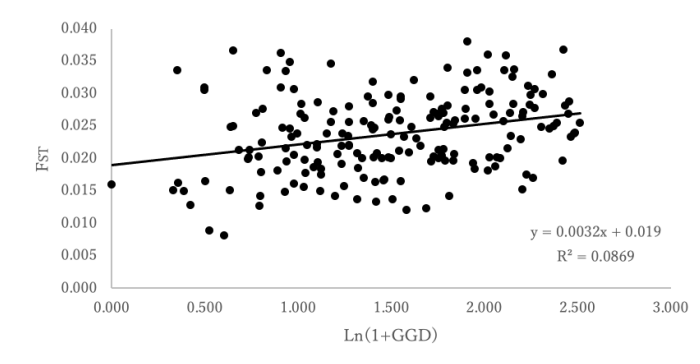


図2 遺伝的分化度 F_{ST} と地理的距離(GGD)の関係。有意な正の相関が見られた。

プログラム STRUCTURE を用いた解析では、日本のソウシチョウにおいて3つのクラスターが検出された。このことから中国大陆から3つの系統が輸入され、国内に定着したことが示唆された。これらのクラスターに基づき4地域(A筑波山以北、B東海から近畿と香川県、C中国から四国(香川県を除く)、D九州)が区別されたため、これらを日本における本種の管理単位と考えた(図3)。また、これらのクラスター間の混合が進み、遺伝的な多様性が高い地域(富士山、大山、菊池、雁俣山)を優先的な駆除対象地域として提案する。

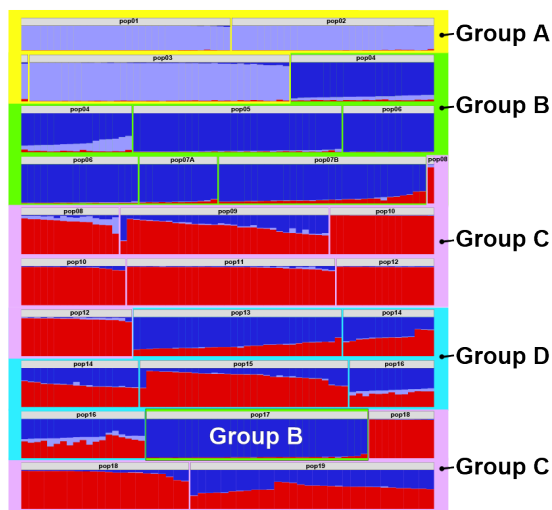


図3 STRUCTURE 解析による、 $K = 3$ でのバープロット図。3つのクラスターの構成から地域個体群を4つのグループ(A-D)に分けた。

5. 主な発表論文等

〔雑誌論文〕 計0件

〔学会発表〕 計1件（うち招待講演 0件 / うち国際学会 1件）

1. 発表者名 Hitoha E. Amano, Yasuyuki Ishibashi, Hitoshi Tojo and Syuya Nakamura
2. 発表標題 Invasive bird management: Development of eradication management units for the Red-billed Leiothrix in Japan based on genetic information
3. 学会等名 International Ornithological Congress (国際学会)
4. 発表年 2022年

〔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
研究分担者	石橋 靖幸 (Ishibashi Yasuyuki) (80353580)	国立研究開発法人森林研究・整備機構・森林総合研究所・主任研究員 等 (82105)	

	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
研究協力者	榎永 一宏 (Masunaga Kazuhiro)		

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