

令和元年6月18日現在

機関番号：82105

研究種目：基盤研究(C) (一般)

研究期間：2014～2018

課題番号：26450208

研究課題名(和文) 海の島と陸の島に棲む希少鳥類・コマドリの地域的減少が遺伝的多様性に及ぼす影響評価

研究課題名(英文) Population decline of the Japanese Robin in southern Japan related to deer overabundance may have a disproportionately strong influence on its genetic structure.

研究代表者

関 伸一 (Seki, Shin-Ichi)

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

研究者番号：50343801

交付決定額(研究期間全体)：(直接経費) 3,800,000円

研究成果の概要(和文)：コマドリは日本列島周辺地域の固有繁殖種で、ニホンジカの増加による生息環境の悪化にともなう個体数の減少が各地で報告されている。本研究では生息地の現状を明らかにするとともに、ミトコンドリアDNAの塩基配列にもとづく保全遺伝学的解析によって各地の集団の歴史と遺伝的多様性について検討した。遺伝的な集団構造には本土地域では歴史的な個体数の放散と分布の拡大による影響があったと推測され、分布が不連続な集団間でも遺伝的分化は軽微だった。最終氷期後に南から北への分布拡大があったと考えられる一方で、現在の遺伝的多様性は南部で低い傾向があったことから、今後の変化には注意する必要があると考えられた。

研究成果の学術的意義や社会的意義

コマドリは日本列島周辺地域の固有繁殖種で、鳴き声の良い鳥として古来親しまれてきた種であるが、ニホンジカの増加による下層植生衰退にともなって各地で個体数の減少と生息地の縮小が認められ、西日本の各県ではレッドリストの絶滅危惧種や準絶滅危惧種に指定する例が増加している。地域的な減少が進行しつつある中でコマドリの遺伝的な集団構造を明らかにしたことは、不連続に分布する山地性の小鳥類の動態を理解する上での学術的意義が大きいだけでなく、種の保全上も重要な意義がある。また、ニホンジカの個体群管理において森林生態系への影響を反映する管理指標として、下層植生に依存した希少鳥類の生息状況が重要であることも示した。

研究成果の概要(英文)：The Japanese Robin is endemic to the islands around Japan, and is a summer visitor in most of its breeding range. The robin usually breeds in thick undergrowth of the cool-temperate montane forest, and such a preference limits its habitat to be a network of island-like patches. Some southern populations of the robin are now declining sharply due to the loss of forest undergrowth caused by the increase of sika deer. The population genetic structure of the robin was investigated across its range based on mitochondrial cytochrome b and control region sequence. The haplotype distribution pattern among the mainland populations was inferred to be mostly a result of contiguous range expansion, reflecting the history of both range and population expansion from the south after the last glacial period, whereas the present haplotype diversity was the lowest in Kyushu. Population decline in southern Japan may have a disproportionately strong influence on its genetic structure.

研究分野：森林動物学、鳥類生態学

キーワード：コマドリ 地域的減少 亜高山帯 下層植生 ミトコンドリアDNA

様式 C-19、F-19-1、Z-19、CK-19（共通）

1. 研究開始当初の背景

日本列島の周辺では過去数百万年にわたる長期的な気候変動や陸域分布変遷の影響を受けてユーラシア大陸の近縁種から分化した地域固有の鳥類種が多く、ユーラシア大陸東部に生息するコマドリ類 (*Lavivora* 属) から分化したコマドリとアカヒゲの2種もその代表例である。コマドリは日本列島の山地帯上部から亜高山帯にかけて島状に散在する夏緑樹林や針広混交林（陸の島）と屋久島や伊豆諸島など一部の島嶼（海の島）のみ生息し、一方、コマドリのごく近縁な姉妹種であるアカヒゲは南西諸島地域の照葉樹林にのみ生息しており、それぞれのハビタットは限定され、地域ごとに分断されている。その結果、コマドリ類は日本列島の中で2種に分化しただけでなく、さらに種内でも地域により形態や生活史の分化が認められ、生物地理学的に非常に興味深い分布と集団構造を持つ種群といえる。

コマドリの分布する日本列島本土では、近年、ニホンジカの個体数増加による下層植生の劣化が多くの地域で深刻となっている。林床環境変化は森林性の鳥類全般に影響するが、生息地が限定的で下層植生への依存度が高いコマドリの場合には影響が非常に強く、短期間で個体数が大幅に減少したり、繁殖地が消失したりする事例が報告されている。移動能力の比較的高い鳥類では地域的なハビタット劣化は個体数減少や地域的絶滅にはつながりにくいと考えられてきたが、局所分布する種や狭いハビタット選好性を持つ種では地域集団に深刻な影響があることが明らかになりつつある。さらに、九州など分布域南部では、近年の気候変化の影響を受けた亜高山帯の森林そのものの衰退がハビタットの劣化を加速している。そのため、西日本ではコマドリを地域のレッドリストで絶滅危惧種・準絶滅危惧種に指定する県が増加している。

このようにハビタットの劣化と集団の衰退が急速に進行していることはコマドリの保全上の大きな課題であるが、その変化が分布域の南部から進行していることで集団の遺伝的多様性への影響はとりわけ大きい可能性がある。コマドリは過去の氷期にも分布の変化を経験しており、その時のレフュジアは生息域南部にあったと推測され、南から北へ進行しつつある現在の生息域の縮小は氷期のレフュジアに由来する南部の古い集団の衰退を意味するためである。

したがって、今後のコマドリの保全にあたっては分布と集団構造、遺伝的多様性についての調査が不可欠である。ところが、コマドリの生息地である山地や島嶼などでは広域的な調査が容易でなく、断片的な観察情報はあっても分布域全体にわたる生息状況の把握や保全遺伝学的解析は行われていなかった。研究代表者は山地や島嶼での鳥類調査に精通し、これまでに十分な情報収集を行っており、困難とされてきた広域でのコマドリの生息状況調査や遺伝子サンプルの収集が可能であると考え、本研究の実施に至った。

2. 研究の目的

本研究では、国内のコマドリの主要な生息地の現状を調査するとともに、文献などから推測した過去の生息状況と比較する。現地調査では、生息地の下層植生の衰退度も評価し、草食獣の採食等によるハビタット劣化の広がりをも明らかにする。また、遺伝子サンプルを収集し、ミトコンドリア DNA を用いて集団の歴史と遺伝的多様性について解析する。これらの結果をもとに、集団の劣化や地域的絶滅がコマドリの集団構造と遺伝的多様性にどう影響するかを考察する。

3. 研究の方法

北海道から薩南諸島までの山地と島嶼のコマドリの主要な生息地を対象に、現地調査により生息状況を明らかにするとともに、文献などをもとに過去の生息状況を推測した。生息状況の現地調査はコマドリの繁殖期に調査路の両側 50m 以内のさえずり個体数を記録する方法で行った。広域調査の目的から調査回数を1回のみとした調査路も多く、コマドリのさえずり活動が活発ではない時期や時間帯に調査を実施する機会があったため、調査者が標高約 50m または直線距離約 250m 移動するごとにさえずりの再生音を約1分間流す手法を通常の観察と併用することにより発見効率を高めた。シカによる下層植生への影響を把握するための指標として落葉広葉樹林の下層植生衰退度 (Fujiki *et al.* 2010) を用い、衰退度の高い“D4”から衰退度の低い“D0”までの5ランクとシカの影響のない“ND”の計6ランクで評価した。コマドリの生息が確認された地域では、それぞれ環境省の許可を得てかすみ網による捕獲調査を行い、外部形質を記録するとともに血液または脱落羽毛などの遺伝子サンプルを収集した。遺伝子サンプルからはキットを用いて DNA を抽出し、Seki (2006) および Seki *et al.* (2007) の手法とプライマーを用いてミトコンドリア DNA チトクローム *b* (*cytb*) 領域およびコントロール領域を増幅し、塩基配列を決定した。決定した塩基配列をもとに、集団の歴史と遺伝的多様性、集団間の分化の程度について集団遺伝学的解析を行い、集団の劣化や地域的絶滅による集団構造と遺伝的多様性への影響について考察した。

4. 研究成果

コマドリの生息記録のある主要な生息地として屋久島、九州（中央山地、祖母山系、九重山系）、四国（石鎚山系、剣山系）、紀伊半島（大台山系、大峰山系）、中部地方（富士山、八ヶ岳山系、上高地）、東日本（奥日光山系、蔵王山系、八幡平山系）、道央（十勝山系）、道東（釧路地域）、道北（利尻島）、伊豆諸島北部（三宅島、御蔵島、利島）、伊豆諸島南部（八丈島、青ヶ島）の11地域21ヶ所で2014~2018年の5~8月に調査を行ってコマドリの生息を確認し、

生息状況と下層植生衰退度を調査するとともに、生息密度の高い地点では一部の個体を捕獲して、外部形質の記録と遺伝子サンプル収集を行った。九州から紀伊半島および中部地方にかけては調査路 1kmあたりの出現頻度は 0.0~1.8羽で、いずれも過去の文献や聞き取り情報に比べて生息密度は低く、九州ではとりわけ低い平均 0.7羽となった。1日あたりの捕獲数(捕獲効率)では 1.0~2.0羽だった。ただし、これらの出現頻度の指標は調査した時点でコマドリが生息している調査路についての値であり、生息地周辺の下層植生が完全に消失している地域は調査しなかった。下層植生衰退度は D3~D4 に区分される地点が多く、急斜面にスズタケなどの下層植生が断片的に残っている場所でのみコマドリが確認された。屋久島および中部地方から東日本、北海道の出現頻度は 2羽/km以上の地点が多く、捕獲数は 1.9~4.2羽/日で、下層植生にはニホンジカの影響は認められたものの衰退度は D2~D3 に区分される地点が多かった。ニホンジカの生息しない伊豆諸島および利尻島は出現頻度は 4羽/km以上で、捕獲数は 6.0~7.0羽/日だった。

17地域で捕獲した合計 238個体と、本研究に先立って繁殖期に収集した 42個体の計 280個体について、*cytb*領域 1007塩基対およびコントロール領域 1223塩基対の塩基配列を決定した。*cytb*領域では 34のハプロタイプが認められたが、伊豆諸島でのみ確認されたハプロタイプ Lt1 は他のいずれのハプロタイプ(La1~La33)とも遺伝距離が大きく、遺伝距離(K2p distance)は平均 0.021であった(図1)。伊豆諸島では 24%の個体がこのハプロタイプ Lt1 で、Lt1 の由来についてミトコンドリア DNA のデータのみから明らかにするのは困難であったため、集団構造に関する解析では伊豆諸島を除外した。La 系統群のハプロタイプネットワークは 2塩基置換の 2つのハプロタイプから他の多くが放散したことを示す樹形を示し(図2)、ハプロタイプの出現頻度には地理的な偏りがあった。全体では個体数の放散と分布の拡大による影響、屋久島の集団は隔離による影響が認められた。

*cytb*領域とコントロール領域を結合した配列では、伊豆諸島を除く 9地域で 65のハプロタイプが認められ、本土の 7地域では高標高の山地に分布する生息地の連続性は低いにも関わらず集団間の分化の程度は軽微であった($F_{ST} < 0.032$)。一方、屋久島と本土では集団の遺伝的分化が顕著で $F_{ST} = 0.417 \sim 0.584$ 、利尻島と本土では $F_{ST} = 0.020 \sim 0.139$ であった。本土集団の塩基置換頻度分布図はおおむね安定して放散してきたことを示す一山型の分布を示した。集団の放散時期は本州に比べて北海道で遅く、さらに利尻島で本土より遅いと推測され、コマドリでは最終氷期後に個体数の放散と南から北への分布拡大があったとの仮説に矛盾しなかった。一方、屋久島集団の放散時期は最も遅く、分布域の南部に位置するものの最終氷期以前からの祖先的な集団ではなく、比較的新しく成立した集団であると考えられた。また、本土各地の集団ではハプロタイプ多様度 0.85~0.97、塩基多様度 3.54~5.42bp と、集団サイズの小さい他の希少鳥類で報告されている値に比べて十分高かったが、個体数の減少と分布の縮小が最も顕著で長期間続いている九州では、いずれの多様度も最も低い値をとったことから、今後の変化に注意する必要があると考えられた。

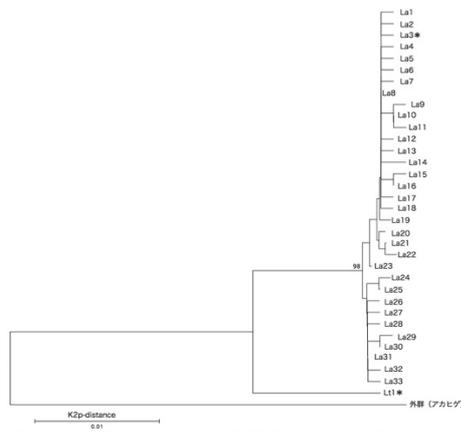


図1. ミトコンドリアDNAチトクロームb領域の一部(1007塩基対)の塩基配列にもとづくハプロタイプの近隣接合樹。

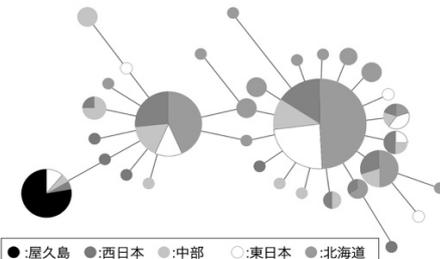


図2. ミトコンドリアDNAチトクロームb領域の一部(1007塩基対)の塩基配列にもとづくハプロタイプのネットワーク樹(median joining network)。円のサイズは出現頻度を、色の濃淡は地域を表す。

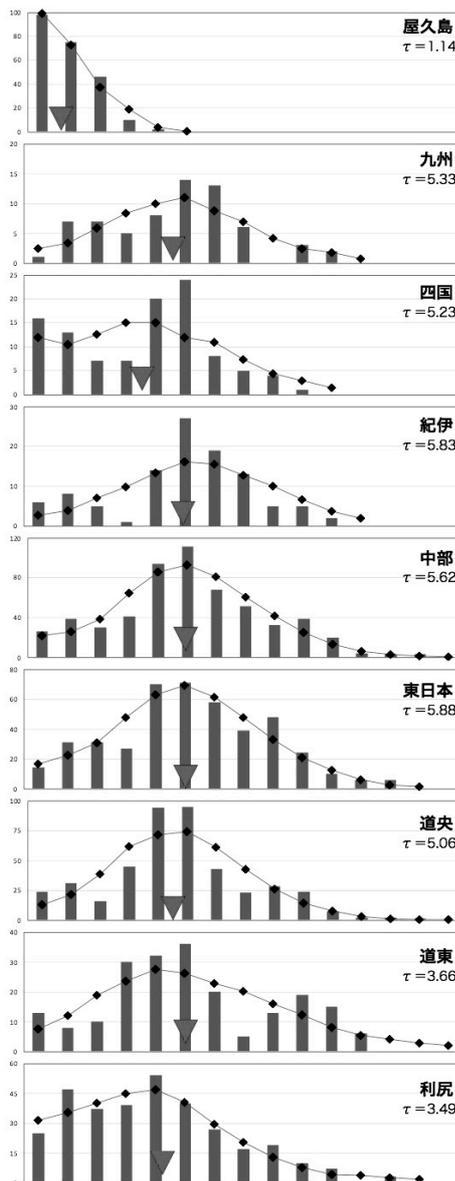


図3. ミトコンドリアDNAチトクロームb領域とコントロール領域の計2230塩基対にもとづく本土の各集団の塩基置換頻度分布図。

5. 主な発表論文等

〔雑誌論文〕(計 3 件)

① 関伸一、藤木大介、ニホンジカの採食による森林の下層植生衰退と鳥類群集との関係を広域で評価する、兵庫ワイルドライフモノグラフ、査読あり、9 巻、2017、45-62、<https://agriknowledge.affrc.go.jp/RN/2010912943>

② 関伸一、先島諸島におけるアカヒゲの冬期の分布、Bird Research、査読あり、12 巻、2016、A47-A54、DOI: 10.11211/birdresearch.12.A47

③ Seki Shin-Ichi、Sato Shigeho、Fujiki Daisuke、Assessing changes in bird communities along gradients of undergrowth deterioration in deer-browsed hardwood forests of western Japan、Forest Ecology and Management、査読あり、Vol. 320、2014、6-12、DOI:10.1016/j.foreco.2014.02.015

〔学会発表〕(計 3 件)

① 関伸一、西日本の島状生息地の劣化がコマドリにもたらす影響. 日本鳥学会 2018 年度大会、2018 年 9 月 14 日～17 日、新潟大学 (新潟) .

② 関伸一、トカラ列島におけるイイジママシクイの繁殖分布と営巣環境. 日本鳥学会 2015 年度大会、2015 年 9 月 18 日～21 日、兵庫県立大学 (神戸) .

③ Seki Shin-Ichi、To stay or not to stay on isolated islets?: Identifying the migratory status of robins based on the year-long operation logs of automatic photo and sound recording systems、26th International Ornithological Congress、2014 年 8 月 18 日～24 日、立教大学 (東京) .

〔図書〕(計 3 件)

① 関伸一、海游舎、アカヒゲがつなぐ琉球の島々: アカヒゲの渡りと系統地理 (水田拓・高木昌興共編「島の鳥類学: 南西諸島の鳥をめぐる自然史」)、2018、pp.58-75.

② 関伸一、ぎょうせい、ホントウアカヒゲ, アカヒゲ (環境省編「レッドデータブック 2014 日本の絶滅のおそれのある野生生物 2 鳥類」)、2014、pp.122-123, 214-215.

③ 関伸一、一色出版、分子系統樹から解き明かす琉球列島に固有な鳥たちの起源 (上田恵介編「遺伝子から解き明かす鳥の不思議な世界」)、印刷中.

〔その他〕(計 6 件)

① 関伸一、Dr.アカヒゲの島旅日誌、Birder、29 巻 4 号-32 巻 3 号、2015-2018、pp.68-69, pp.66-67.

② 関伸一、山地の鳥・コマドリの保全に遺伝情報を役立てる、森林総合研究所関西支所研究情報、122 号、2016 年、pp.2-3.

③ 関伸一、シーボルトの勘違い、図書、808 号、2016、pp.22-27.

④ 関伸一、コマドリが減っている、全国繁殖分布調査ニュースレター、6 号、2016 年、pp.3-4.

⑤ 関伸一、コマドリ、グリーン・エージ、43 巻 2 号、2016、pp.30-31.

⑥ 安田雅俊、八代田千鶴、関伸一、小高信彦、ワイルドライフイメージング研究会 (第 2 回) 自動撮影法: あの人の極意、私の工夫、哺乳類科学、54 巻、2014、107-109.

※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、研究者個人に帰属されます。