

# 島々をつなぐ鳥たちの生息地ネットワーク

九州支所 森林動物研究グループ

関 伸一

## 背景と目的

日本の周辺にはたくさんの小さな島が散在しています。こういった小さな島の森林には、そこだけすむ希少な鳥が少なくありません。島にすむ希少鳥類の集団が存続するためには、陸上の森林をつなぐ「緑の回廊」の保全と同じように、飛び石状に散らばる島嶼（とうしょ）の森林が移動可能な距離でネットワーク（以下、生息地ネットワーク）を形成していることが重要だと考えられます。ところが、隣り合う島と島の間でどのくらい繁殖個体の交流があるのか、どのようなスケールで島嶼の生息地ネットワークを保全したら良いのかは、まだよくわかっていません。その一方で、生息地となる島嶼の森林は自然分布が限られ、台風などの強い自然撓乱が起こりやすい立地条件にあり、さらに、大規模な人為撓乱も進行しているのが現状です。ここで、島嶼における鳥類の生息地ネットワークは、地史的な時間スケールで形成されたために、遺伝的な交流頻度に応じて生息地間で特徴的な遺伝的変異の分布パターンが生じている可能性が高いと考えられます。

そこで、島嶼の生息地ネットワークの構造を明らかにするための出発点として、体が大きく行動圏の広いカラスバトと逆に体が小さく行動圏の狭いアカヒゲという2種類の希少鳥類を対象とし、長期的な視点での繁殖個体の交流頻度の指標となる集団間の遺伝的分化の程度を調べました。

## 成 果

まず、各地で集めた血液や羽毛などの試料から DNA を抽出し、そこからミトコンドリア DNA コントロール領域という種内変異の起こりやすい部分の塩基配列を読み取りました。そして、その配列にもとづき試料ごとに遺伝子型を決定し、遺伝子型同士の類似度とその地理的分布パターンから集団間の遺伝的な分化の程度を調べました。

カラスバトでは先島諸島、沖縄諸島、トカラ列島、五島列島、瀬戸内、隠岐諸島、伊豆諸島、小笠原諸島の8地域で収集した計 154 試料について、463 塩基の配列を分析したところ、27 の遺伝子型が確認されました。遺伝子型同士の類似度とその分布パターンの解析を行った結果、小笠原をのぞく地域、先島諸島～伊豆諸島にかけての広汎な地域に生息する集団の間でも遺伝的分化の程度が低いことが明らかになりました。一方で、遺伝的分化の程度は、生息地の空白域の大きさを補正した場合に対象生息地間の距離と強い相関があることが示唆されました。そのため、もともと島が無く生息地の空白が大きい地域、例えば、先島諸島と沖縄諸島の間や、九州北部と隠岐諸島の間では、生息地の消失は希な遺伝的交流のチャンスさをさらに減らすなど生息地のネットワーク構造に対する影響が大きいと考えられます。

アカヒゲでは沖縄島、徳之島、奄美大島、悪石島、諏訪之瀬島、平島、中之島、口之島の8つの島で採取した

150 試料について、1226 塩基の配列を分析したところ、29 の遺伝子型が確認されました。そして、最南端の沖縄島の集団と徳之島以北の集団とでは、出現する遺伝子型同士の類似度が低く、遺伝子型はそれぞれ独立した系統群に分類され、遺伝的な分化の程度が非常に大きいことが明らかになりました。さらに、徳之島以北の集団の中でも、徳之島・奄美大島・トカラ列島（悪石島～口之島の5島を含む）の3グループの間ではわずかながら遺伝的な分化が認められました。このため、アカヒゲの場合には、琉球列島全体を生息地のネットワークとして保全するよりはむしろ、それぞれ遺伝的に分化した集団が生息する4つの地域の保全策を独立に検討するのが望ましいと考えられました。

本研究の一部は、文部省科学研究費補助金「島嶼性希少鳥類の遺伝的構造解析を応用した島嶼林ネットワークの評価」および一般研究費による成果です。鳥類の捕獲と試料の採集は環境省および文化庁・各県教育委員会の許可を得て行いました。

詳しくは、Seki et al. (2007a) *Molecular Ecology* 16(1):101-113 および Seki et al. (2007b) *Conservation Genetics* 8(5):1109-1121 をご覧下さい。

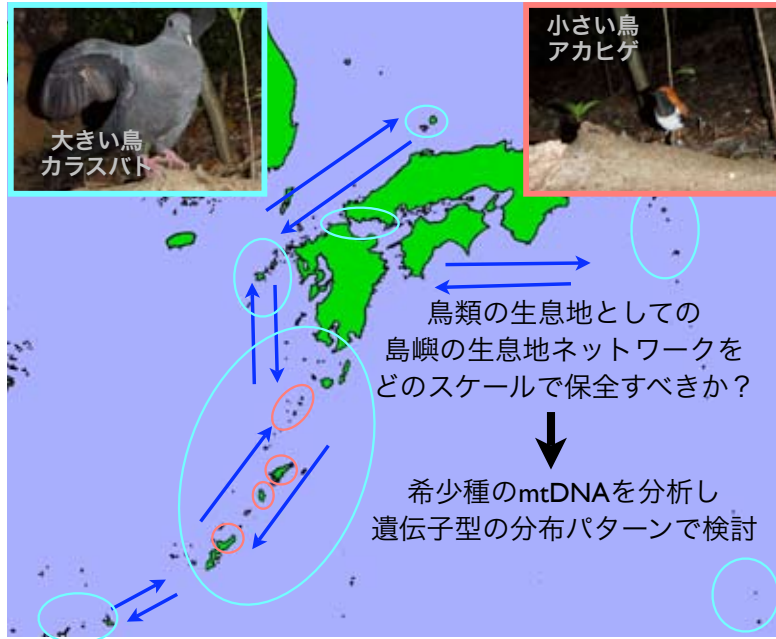
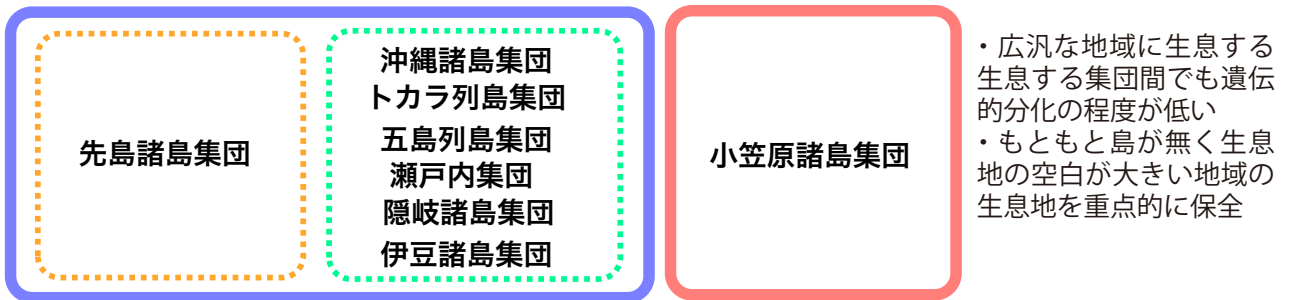
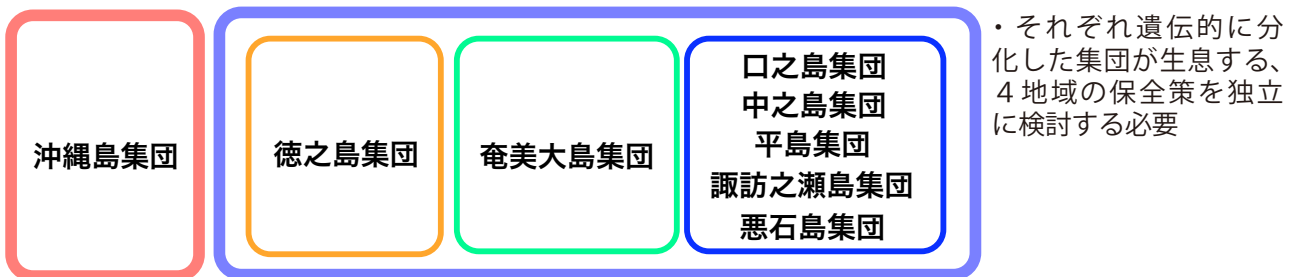


図1. 研究のイメージ



Seki et al.(2007b) のデータをもとに描く

図2. mtDNA の遺伝子型の分布パターンにもとづく、カラスバトの島嶼集団間の関係



Seki et al.(2007a) のデータをもとに描く

図3. mtDNA の遺伝子型の分布パターンにもとづく、アカヒゲの島嶼集団間の関係