

道路による動物の生息域への影響低減技術の調査研究

Study on methods for monitoring rare raptors

(研究期間 平成 10～14 年度)

環境研究部・緑化生態研究室
Environment. Department,
Landscape & Ecology Division

室長 藤原宣夫
Head Nobuo Fujiwara
主任研究官 石坂健彦
Senior Researcher Takehiko Ishizaka
研究官 百瀬浩
Researcher Hiroshi Momose

Mitochondria DNA sequences were analyzed in 48 Northern Goshawks (*Accipiter gentilis*) from 15 different locations in Japan. In one bird, the entire mitochondria DNA sequences, which consisted of 18,266 base pairs, were determined. Analysis of 477 base pairs from the Control Region revealed 9 different haplotypes. The distribution of these haplotypes did not show clear locality. For example, birds with the same haplotype were found from Tochigi, Nigata and Kyoto. This may suggest that Northern Goshawk population near Kanto region of mainland Japan is either genetically uniform, or at least related to populations in surrounding areas via dispersing individuals.

〔研究目的及び経緯〕

本研究は、オオタカを始めとする希少猛禽類の生態を調査して生息環境条件、行動圏の広さや行動圏内の環境利用を明らかにし、希少猛禽類の調査・保全手法や事業実施に際しての保全手法検討に役立つ資料を得ようとするものである。

〔研究内容〕

平成 14 年度は、希少猛禽類保全に際して考慮すべき個体群の遺伝的多様性について検討するための資料として、オオタカ DNA の塩基配列を解析し、オオタカ個体群の地域内及び地域間での遺伝的変異について調査した。

〔研究方法〕

過年度の野外調査で捕獲したオオタカ 30 個体と、(財)山階鳥類研究所が所蔵する標本 32 個体から胸筋、血液、羽毛を採取して DNA を抽出し、ミトコンドリア DNA の塩基配列を分析した。サンプルの内 1 個体については、ミトコンドリア DNA の全塩基配列を決定し、残りの個体については、ミトコンドリア DNA 中で最も進化速度が速いとされるコントロール領域 (D-loop 領域) 中のドメイン I と呼ばれる領域 (447bp) について塩基配列を比較した (図-1)。

オオタカ *Accipiter gentilis* は北半球の北緯 70 度から 20 度にかけての開けた森林および林縁に広く分布し、主に留鳥であるが、北方の個体群は南方に渡って越冬する。現在 9 亜種が認められている (Ferguson-Lees and

Christie 2001)。日本産の亜種 *A. g. fujiyamae* は日本、サハリン、南千島に留鳥として分布し、亜種チョウセンオオタカ *A. g. schvedowi* は、ウラル山脈からアムール地方、ウスリー地方、中国の東北部と南西部に留鳥として分布し、一部は中国南部、インドシナ北部等で越冬する。今回解析に用いた個体は、計測値等からすべて亜種オオタカに属すると考えられる。

〔研究結果および考察〕

オオタカ 1 個体で決定されたミトコンドリア DNA の塩基配列は 18,266bp であった (図-1)。2 つの rRNA と 13 のタンパク質をコードする領域の配置

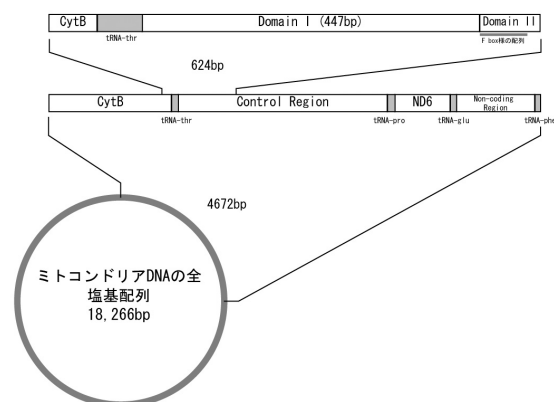


図-1 オオタカミトコンドリア DNA のコントロール領域の模式図と、塩基配列の比較に用いた領域の位置関係

は鳥類一般と共通しているが、特徴として繰り返し配列を含む非コード領域が存在する。非コード領域はtRNA-gluとtRNA-pheの間に配置されるが、その他の鳥類ではコントロール領域に相当する箇所である。コントロール領域はtRNA-thrとtRNA-proの間に転位している。非コード領域の存在とコントロール領域の転位とは、これまでノスリ (DDBJ: AF380305)、ハヤブサ (DDBJ: AF090338)、イヌワシ属 (Vali 2002) など明らかにされており、ワシタカ目で共通の特徴であると考えられる。非コード領域は

5'-ACAGCCTTAAATCAAACCAAAAAATAAATAATTCACATTCACG-3' (44bp)が9回繰り返す配列を含んでいる。このような繰り返し配列を持つことも、その他のワシタカ類のミトコンドリアDNAと共通している。

52個体から抽出されたコントロール領域ドメイン I の配列を比較したところ、48個体で配列の決定に成功し、その中から9つのハプロタイプが認められた。図-2に示したこれらハプロタイプのネットワーク図では、全ての塩基置換が5塩基置換の範囲に収まっており、分岐の程度は比較的低いことがわかった。

ハプロタイプ構成比は、ハプロタイプ2と1で全体の81%を占めていた(図-3)。ハプロタイプ2が全体の50%を占めており、これはサンプルが栃木県産に偏っていたこと(67%)に由来すると考えられたが、栃木県産以外のサンプルでもハプロタイプ1と2が69%を占めているので、この2つのハプロタイプが優先的に存在するのは全国的な傾向であると考えられた。ハプロタイプ2がハプロタイプ1より多いのは栃木県

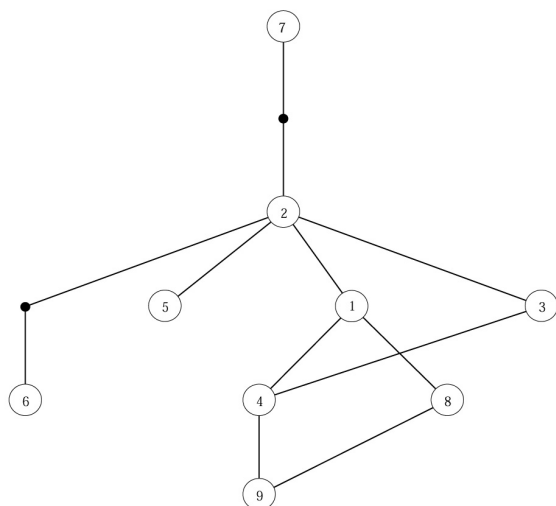


図-2 ハプロタイプのネットワーク。直線1本が1塩基置換を示す。黒丸は仮想上のハプロタイプを示す。円内の数字はハプロタイプ番号を示す。

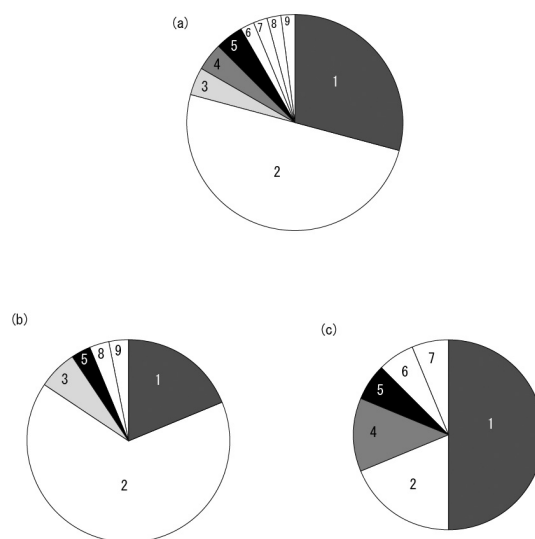


図-3 地域別ハプロタイプの構成比。(a) 全サンプル (n=48)、(b) 栃木県産サンプル (n=32)、(c) 栃木県以外のサンプル (n=16)。図中の数字はハプロタイプ番号を示す。

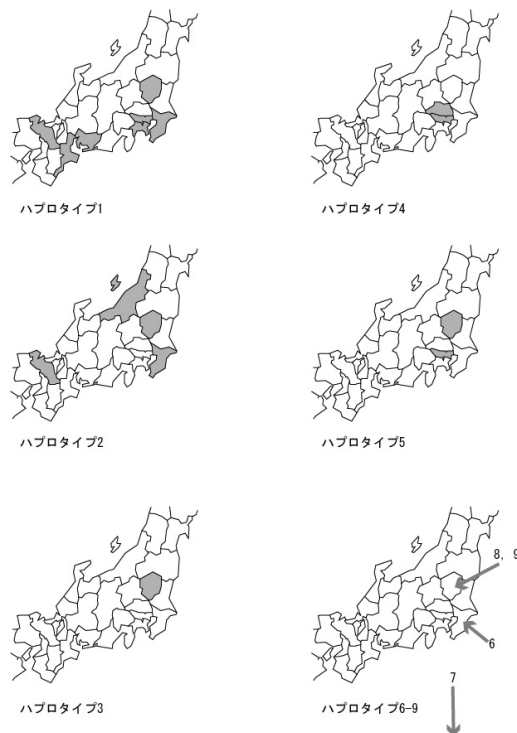


図-4 ハプロタイプの分布パターン。ハプロタイプ1～5は複数個体で見られたが、6～9は1個体だけで見つかった。ハプロタイプ7は小笠原産である。

個体群の特徴であるかもしれないが、新潟県、京都府、千葉県からも見つかっており(図-4)、日本全体でかなり優勢なハプロタイプであると考えの方が妥当だろう。したがって、ハプロタイプ2が栃木県を特徴づけているように見えるが、さらに多くのサンプルで検討すれば異なる結果が得られるかもしれない。現状では、対象としたサンプル中に遺伝的に独立した個体群があるという証拠はない。すなわち、サンプルの産地で東端にあたる栃木と西端の京都の間には遺伝的交流を阻む障壁はないと考えられた。

ClustalW (Thompson *et al.* 1994) を利用して近隣結合法によって描かれた系統樹では、ハプロタイプ6がもっとも祖先的な配列であると考えられたが、全体としてブーツストラップ値が小さく、系統樹の信頼性が低いかもしれない(図-5)。また、この系統樹からは特定の地域に結びついたクラスターは見いだすことができない。

これらの結果は、栃木県産サンプルに偏っていたことから、日本産個体群とするには無理があると考えられるが、栃木県を中心とした関東地域個体群と考えた場合には有用であろう。京都、三重、愛知の各県のデータを取り入れた場合に大きな違いは生じなかったため、関東地域個体群の傾向が本州地域全体を代表している可能性があり、今後のデータの蓄積が待たれる。

[引用文献]

- Ferguson-Lees, J. and D. A. Christie 2001. Raptors of the World. Christopher Helm, London.
- Thompson, J.D., D.G. Higgins and T.J. Gibson 1994. CLUSTAL W: improving the sensitivity of progressive multiple sequence alignment through sequence weighting, position-specific gap penalties and weight matrix choice. *Nucleic Acids Res.* Nov 11;22(22):4673-80.
- Vali, U. 2002. Mitochondrial pseudo-control region in old world eagles (genus *Aquila*). *Molecular Ecology* 11. 2189-2194.

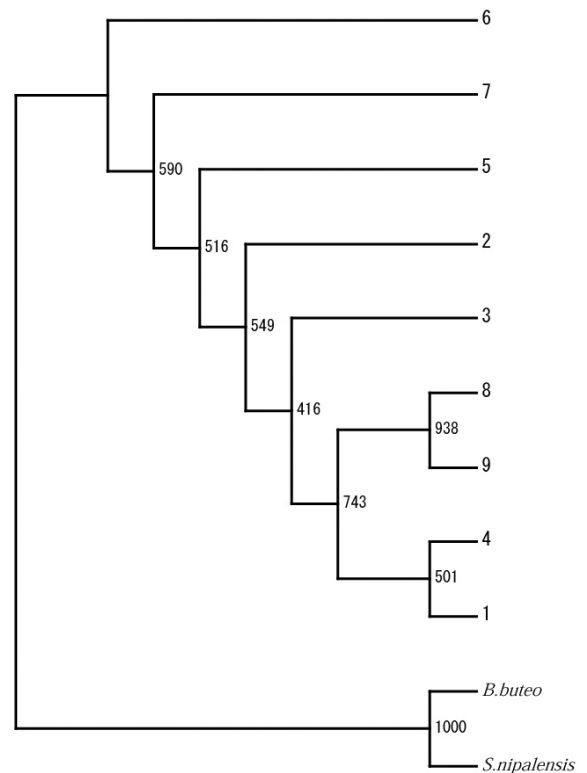


図-5 各ハプロタイプの系統樹。近隣結合法によって描かれた。系統樹内の数値はブーツストラップ値を表す。外群にはノスリ (*Buteo buteo*) とクマタカ (*Spizaetus nipalensis*) が用いられた。