



日本固有の鳥が1種増える！？

—海洋島で独自に進化を遂げた希少種オガサワラカワラヒワ—

ポイント

- ・小笠原諸島のオガサワラカワラヒワは、本州のカワラヒワと同種とされていましたが、遺伝的にも形態的にも異なる種だとわかりました。
- ・これは、日本の固有種の鳥が10種から1種増えることを意味します。
- ・オガサワラカワラヒワの個体数は400個体以下と推定されており、外来ネズミ駆除などの保全対策が急務です。

概要

公益財団法人山階鳥類研究所は、森林総合研究所、国立科学博物館らとの共同研究で、カワラヒワの亜種とされてきたオガサワラカワラヒワが独立種であることを発見しました。日本の固有種の鳥はこれまで10種しか確認されていませんでしたが、今回の発見はこれが1種増えることを意味します。

カワラヒワは庭や公園にもいる身近な小鳥で、これまで8亜種に分類されていました。この鳥のDNAを分析したところ、小笠原諸島に生息するオガサワラカワラヒワが他の亜種とは約106万年前に分岐した古い系統であることがわかりました。さらに、小さな体に大きな嘴という独自の形態を持っていることから、私たちは、この鳥をカワラヒワの亜種ではなく、独立種オガサワラカワラヒワとすることを提唱しました。

オガサワラカワラヒワは小笠原諸島の母島の属島と火山列島の森林でしか繁殖しておらず、絶滅危惧IA類に指定されています。近年この鳥は激減して絶滅リスクが非常に高まっており、その原因は、ネズミ類などの外来種による捕食と考えられています。この鳥が地球上から永遠に消えてしまわないよう、早急な保全対策の実施が不可欠です。

本研究結果は、2020年5月27日付けでZoological Science誌のオンライン版にて公開されます。

お問い合わせ先

山階鳥類研究所 自然誌研究室 研究員 齋藤武馬

広報担当：山階鳥類研究所広報コミュニケーションディレクター

平岡 考 TEL: 04-7182-1101 E-mail: hiraoka@yamashina.or.jp

URL <http://www.yamashina.or.jp/hp/toppage.html>

森林総合研究所 野生動物研究領域 鳥獣生態研究室 主任研究員 川上和人

広報担当：広報普及科 TEL: 029-829-8372 E-mail: kouho@ffpri.affrc.go.jp

背景

カワラヒワ（学名 *Chloris sinica*）は東アジアを中心に分布するスズメ目の小鳥で、8 亜種が認められています（図 1）。その生態は詳しく研究されていますが、全亜種を対象とした DNA 配列や形態の違いを調べた研究はありません。そこで、日本、ロシア、韓国のカワラヒワの試料に基づき分子系統解析を行うとともに、山階鳥類研究所所蔵の学術標本を用いて亜種間の形態の違いを分析しました。

本研究で調べた亜種の 1 つであるオガサワラカワラヒワ（図 2）は、戦前は小笠原諸島の島に広く分布していましたが、現在は母島属島と、火山列島の南硫黄島の森林でしか繁殖していません。個体数は過去約 20 年の間に激減して現在では 400 個体以下と推定されており、絶滅の危険性が極めて高くなっています。減少の主要因はネズミ類やノネコなど外来生物の捕食と考えられます。この亜種は、環境省により絶滅危惧 IA 類および希少野生動植物種に指定されています。

研究手法

DNA 分析では 57 個体のミトコンドリア DNA の一部の配列（2,339 塩基）を解読しました。そのデータを元に亜種や近縁種間の系統関係を明らかにするとともに、各亜種がいつ他の亜種から分かれたのかという年代推定を行いました。

形態の解析では、114 個体のオスの標本を用いて、翼の長さや嘴の長さや幅など 9 部位を計測し、亜種間の違いを統計学的手法を用いて解析しました。

研究成果

- 1) 分子系統解析の結果、亜種オガサワラカワラヒワのグループとそれ以外の亜種のグループに分かれました（図 3）。この 2 つのグループが分岐したのは、約 106 万年前にまで遡ることも分かりました。この分岐年代はカワラヒワの近縁種である、キバラカワラヒワとズグロカワラヒワ間の分岐年代と比べて、約 1.8 倍も古いことも明らかとなりました。
- 2) 外部形態の解析では、亜種オオカワラヒワが最も体サイズが大きい一方で、亜種オガサワラカワラヒワは他のどの亜種と比べても一番小さな体に一番長い嘴を持つことが分かりました。
- 3) これらの解析の結果から分類を再検討したところ、オガサワラカワラヒワは他の亜種と比べて進化的に独自の特徴を持つことから、カワラヒワと別種の独立種オガサワラカワラヒワ（英名 *Ogasawara Greenfinch*、学名 *Chloris kittlitzii*）とすることを提唱しました。

研究の意義

身近な生き物でもまだよく分かっていない事は沢山ありますが、カワラヒワもその例に漏れません。本土から遠い島嶼に分布する亜種が、外見は似ていても実は別種であったという発見は、身近な鳥類を対象とする研究において大きな発見だと言えます。

日本列島ではこれまで 633 種の鳥類種が記録されています。そのうち、国内に分布が限られる日本固有種で現在も生き残っているものは 10 種しかいません。本研究の成果に基づき、オガサワラカワラヒワを独立種とすることは、小笠原固有種が増えることに加え、日本固有種が 1 種新たに加わることを意味します。

この発見は、日本の固有鳥類相がどのように現在の分布域に生息するようになったのかといった成立機構の解明に関する研究において、一つのヒントを与える研究と言えます。また、この新しい分類の提案は、日本鳥学会が出版する日本鳥類目録やその他図鑑等の出版物にも影響を与えることでしょう。さら

に、世界自然遺産地域である小笠原諸島の自然の価値をさらに高める成果と言えます。

小笠原の固有種であるということは、島の環境でこの鳥が独自の進化を遂げてきたことを意味します。オガサワラカワラヒワの大きな嘴は、草の種子を好むカワラヒワとは違い、この鳥が樹木の大きな種子を食べるための進化と考えられます。小笠原には他にも4種の固有の鳥がいましたが、3種は既に絶滅しています。今回の成果は、この鳥が小笠原を代表する鳥であることを示しており、その保全上の価値はこれまで考えられていた以上に高いと言えます。絶滅に瀕するこの鳥を保全するには、繁殖地で脅威となる外来ネズミ駆除を進める必要があります。鳥類では、絶滅に瀕しているにもかかわらず、その事実があまり知られていない種がいくつかあり、オガサワラカワラヒワもその一例といえます。

今後の予定・期待

オガサワラカワラヒワは調べたサンプル数がまだ少ないので、今後さらに多くの個体のDNA解析をして遺伝的多様性を評価することにより、保全事業に役立つ基礎データとして提供することが期待されます。大陸亜種が分布する、ロシア、中国の個体もまだ解析が十分ではなく、今後サンプル数を増やし、種カワラヒワ内の遺伝的構造も詳細に解析したいと考えています。

論文情報

論文名 Cryptic Speciation of the Oriental Greenfinch *Chloris sinica* on Oceanic Islands
(海洋島におけるカワラヒワの隠蔽種的分化)

著者名 齋藤武馬¹、川上和人²、Yaroslav A Red'kin³、西海功⁴、Chang-Hoe Kim⁵、Alexey P Kryukov⁶ (¹山階鳥類研究所、²森林総合研究所、³Moscow State University, Moscow, Russia、⁴国立科学博物館、⁵National Institute of Ecology, Seocheon, Republic of Korea、⁶Far Eastern Branch of the Russian Academy of Sciences, Vladivostok, Russia)

雑誌名 Zoological Science vol. 37, No. 3 (日本動物学会の学術誌)

公表日 2020年5月27日 (BioOneのIssue-In-Progressにてオンライン公開*
<https://doi.org/10.2108/zs190111>) *論文のPDFがダウンロードできます。

用語の説明

・ カワラヒワ

英名 Oriental Greenfinch、学名 *Chloris sinica*。アトリ科、体長約14~17cm、体重約18~28g。全身がオリーブ緑色で翼に黄色の斑がある。庭や公園、畑などで普通に見られる小鳥。平地から山地の落葉樹林に生息し、草本の種子を好んで食べる。ただしオガサワラカワラヒワは樹木の種子も好む。

・ 亜種

同じ種でも分布する地域により色や形に違いがみられ、地域間で異なる集団と認められる場合、これらを「亜種」という。

・ 分子系統解析

アミノ酸配列やDNAの塩基配列を用いて、生物間の進化的道筋(系統)や縁関係を調べる解析方法。分子時計を用いて、分岐した生物間の分岐年代を推定することもできる。

・ 日本固有の鳥種

ヤマドリ、ヤンバルクイナ、アマミヤマシギ、アオゲラ、ノグチゲラ、ルリカ

ケス、メグロ、アカコッコ、アカヒゲ、カヤクグリ

参考図表



図 1. カワラヒワの亜種の繁殖分布域の分布図



図 2. オガサワラカワラヒワ (オス成鳥)

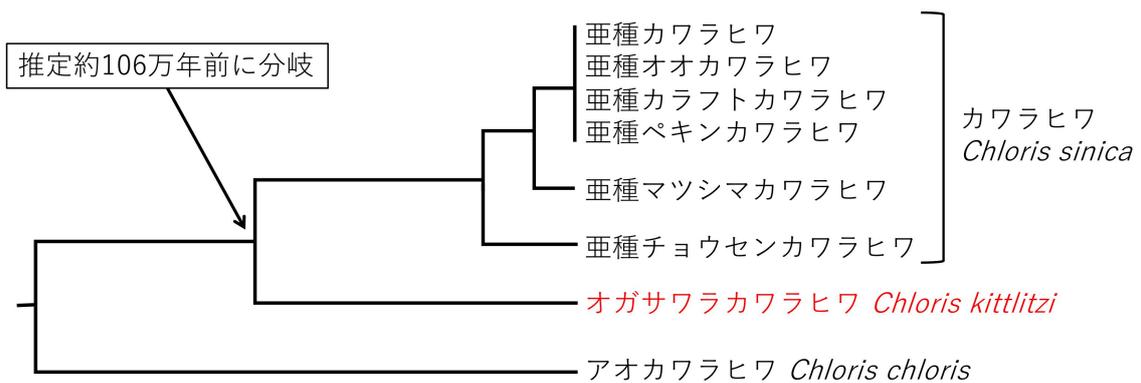


図 3. オガサワラカワラヒワとカワラヒワ亜種との系統関係 (ミトコンドリア DNA チトクロム b 領域に基づく)