

速報

ミトコンドリア DNA チトクローム *b* 領域の塩基配列による
カラスバト *Columba janthina* 3 亜種間の系統関係*1

関 伸一*2 · 高野 肇*3

キーワード：カラスバト *Columba janthina* 亜種チトクローム *b* 系統関係

I. はじめに

カラスバト *Columba janthina* は日本本土周辺と朝鮮半島南部の島嶼に生息する森林性の種で、3亜種に分類される（日本鳥学会、2000）。そのうち、亜種カラスバト *C. j. janthina* は最も分布が広く、本州・四国・九州・朝鮮半島周辺の島嶼、伊豆諸島と沖縄島以北の南西諸島に生息する。亜種アカガシラカラスバト *C. j. nitens* は小笠原諸島および硫黄列島に生息し、亜種ヨナクニカラスバト *C. j. stejnegeri* は八重山諸島に分布する。これらの亜種は形態に基づいて分類されたものではあるが、嘴峰長・翼長・尾長・ふ蹠長などの量的形質には亜種間で重複が大きく（清棲、1965）、単独の形質のみで亜種を分類することは困難で、また、多変量解析による形態的な分離も行われていない。それぞれ亜種で特徴とされる頭部から背面の羽色にも個体差が大きく、羽色のみでの識別も困難とされる（金城、1998、東京営林局、1995）。特にカラスバトとヨナクニカラスバトの2亜種の識別は困難で、中間的な形質を示す個体の記録や（Kuroda、1925）、新記載生息地での分類の未確定などの問題が生じている（金城、1998）。その一方で、日本版レッドデータブックでは亜種カラスバトが準絶滅危惧とされているのに対し、生息地と個体数が限られる亜種アカガシラカラスバトおよび亜種ヨナクニカラスバトは絶滅危惧IBに指定されている（環境省、2002）。カラスバトの亜種間の系統関係を明らかにし、それぞれの亜種の生息地を確定することは、カラスバトの保全上重要な問題である。本研究は、ミトコンドリア DNA (mtDNA) のチトクローム *b* (cyt-*b*) 領域の塩基配列を指標としてカラスバトの3亜種間の分子系統関係を明らかにすることを目的とする。

II. 材料と方法

試料には脱落羽毛を用い、3亜種の生息地を含む6地域で合計16の試料を採集した。試料の採集地域および採集試料数は次のと

おりである：先島諸島（西表島1、石垣島1、多良間島1）、沖縄諸島（沖縄島2、慶留島1）、トカラ列島（中之島3）、五島列島（野崎島3）、伊豆諸島（大島1）、小笠原諸島（母島3）。なお、試料数は各地域のカラスバト個体数に対して十分小さく、同一個体由来する羽毛が重複して採集される可能性は低いものとして扱った。また、外群としてカワラバト *C. livia* の羽毛1試料を用いた。

試料からのDNAの抽出は、馬場ほか（1999）の方法にしたがって行った。抽出したDNAは、標準的なPCR法でmtDNAのcyt-*b* からtRNA-Thrにかけての領域1100塩基対を増幅し、前半部分約600塩基の配列を決定した。塩基配列の決定にはBig Dye Terminator ver3.1 Cycle Sequencing KitとABI PRISM 310オートシーケンサー（Applied Biosystems）を用いた。PCRおよび塩基配列決定に用いたプライマーは筆者から入手可能である。塩基配列のアラインメントは手動で行い、近隣接合法による系統樹の作成にはMEGA2.1（Kumar *et al.*, 2001）を用いた。

III. 結果

アラインメントを行った配列は581塩基対で、セキショクヤケイ *Gallus gallus* のmtDNAでは15022-15622塩基の位置に相当する（Desjardins and Morais, 1990）。16試料からは11の塩基置換部位が検出され、5個のハプロタイプが認められた。11の置換部位のうち8カ所は小笠原諸島の3試料とその他の地域の13試料との間に認められるもので、小笠原諸島の3試料の間に置換部位はなく、その他の地域の13試料の間の置換部位は3カ所のみであった。

カラスバト16試料に外群としてカワラバトを加え、近隣接合法により作成した分子系統樹は図1のようになった。小笠原諸島とその他地域とは独立した系統群に分離され、それぞれの系統群ブートストラップ値（1000回試行）は99%および94%と高い値を示した。一方、ヨナクニカラスバトの分布域を含む先島諸島で得

*1 Seki, S-1. & Takano, H. The molecular phylogeny of the three subspecies of Japanese Wood Pigeon, *Columba janthina*, inferred from the mitochondrial cytochrome *b* sequences.

*2 森林総合研究所九州支所 Kyushu Res. Center, For. and Forest Prod. Res. Inst., Kumamoto 860-0862

*3 森林総合研究所多摩試験地 Tama Res. Station, For. and Forest Prod. Res. Inst., Tokyo 206-0021

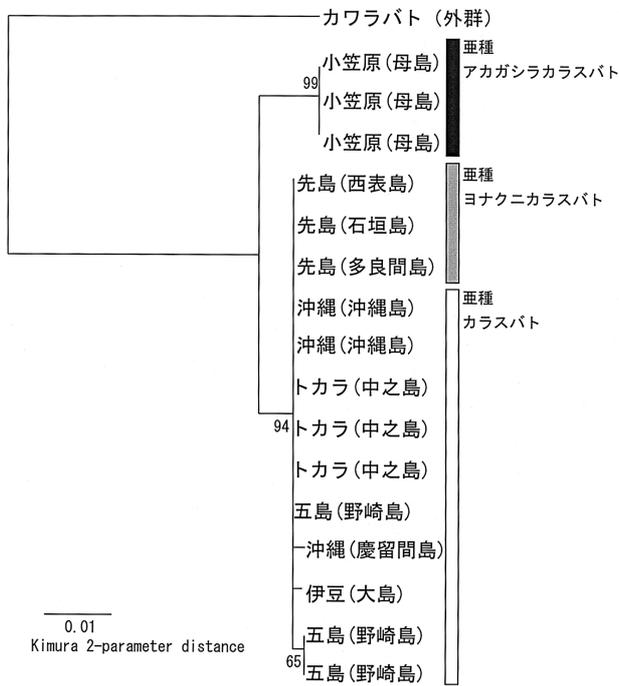


図-1. ミトコンドリアDNAチトクローム *b* 領域581bpの塩基配列によるカラスバト地域集団の近隣接合樹50%以上のブートストラップ値を各分岐点に示した。

られた3試料は、亜種カラスバトの分布域である五島列島から沖縄諸島で広く見られる同一のハプロタイプに属し、*cyt-b* 領域の塩基配列には2亜種間の違いが認められなかった。

IV. 考察

亜種アカガシラカラスバトに分類される小笠原の集団は単系統群を形成し、他地域の集団との間の塩基置換率は平均1.4%であった。鳥類においてよく使われる *cyt-b* 領域の塩基置換速度、100万年あたり2.0%(Tarr and Fleischer, 1993)に基づき両群の分岐年代を計算すると70万年前となる。小笠原諸島集団の個体数は近年著しく減少していることが報告されており(高野ほか, 1995)、固有の系統群として重点的な保全を行う必要があると考えられた。

これに対して、亜種ヨナクニカラスバトに分類される先島諸島の集団は、亜種カラスバトに分類される集団との間に *cyt-b* 領域の塩基配列の比較では違いが認められなかった。鳥類の亜種に分岐年代は、1万年以内~400万年前と、種によるばらつきが非常に

大きく、*cyt-b* 領域の塩基配列に亜種間の違いが出ない例も多いことが知られている(西海, 2002)。したがって、この結果から先島諸島集団と、沖縄諸島から伊豆諸島の集団との関係について結論づけることは出来ないが、両集団の分岐年代がごく最近であるか、両集団間で現在も遺伝的な交流が維持されているか、のいずれかであると考えられた。いずれの場合においても、先島諸島のすべての生息地は重点的に保全する必要がある。これは、個体数の少ない先島諸島集団を保全する上でも(金城, 1998)、沖縄諸島集団との遺伝的交流を維持するための生息地ネットワーク一環としても、それぞれの生息地が重要となるためである。

今後は *cyt-b* 領域よりも進化速度の速いコントロール領域の塩基配列などを指標として、より多くの試料を分析することにより、カラスバト地域集団間の遺伝的構造について詳しく解析する必要がある。

本研究を行うにあたって、小倉豪氏、遠藤晃氏、中野晃生氏、環境省西表野生生物保護センターには貴重な情報・試料を提供いただいた。分析については、坂梨仁彦氏、馬場芳之氏のご指導をいただいた。ここに厚く御礼申しあげる。この研究の一部は科学研究費(若手B)課題番号14760108による副次的な成果として行われた。

引用文献

- 馬場芳之ほか(1999)日本鳥学会誌 48:47-60.
 Desjardins, P. and Morais, R. (1990) J. Mol. Biol. 212:599-634.
 環境省(2002)日本の絶滅の恐れのある野生生物(2)改訂版. 278pp, 自然環境研究センター, 東京.
 金城道男(1998)私たちの自然. 440:6-9.
 清棲幸保(1965)日本鳥類大図鑑II(増補改訂版). 672pp, 講談社, 東京.
 Kumar, S. *et al.* (2001) Bioinformatics 17:1244-1245.
 Kuroda, N. (1925) Avifauna of the Riu Kiu Islands and vicinity. 293pp, Published by the Author, Tokyo.
 日本鳥学会(2000)日本鳥類目録改訂第6版 345pp, 日本鳥学会, 帯広.
 西海功(2002)鳥類学における分子手法の適用(これからの鳥類学. 山岸哲・樋口広芳編, 506pp, 裳華房, 東京), 287-319.
 高野肇ほか(1995)日林関東支論. 47:67-70.
 Tarr, C.L. and Fleischer, R.C. (1993) Auk 110:825-831.
 東京営林局(1995)アカガシラカラスバト希少野生動植物種保護管理対策調査報告書. 59pp. 東京営林局, 東京.
 (2004年11月4日 受付; 2004年11月26日 受理)