



生物多様性研究センターの概要



設立の経緯

地球上に生命が誕生して以来、膨大な数の生物が進化を重ねて誕生・消滅を繰り返し、地球上の生態系には現在1,000万種を超える生物種が生息すると言われています。しかし同時に現代では、かつてないほどのスピードで種が絶滅していると言われてます。人間の活動がいろいろな生物を絶滅に追いやり、結果として地球生態系の持続性への懸念を招いたことへの反省から、このかけがえのない生物多様性を守るために生物多様性条約が結ばれました。私たちの研究科では、生物多様性条約第10回締約国会議(CBD COP10)が2010年10月に名古屋で開催されたのを機に、生物多様性研究センターを設立しました。

活動の内容

生物多様性研究センターでは、種や遺伝子の多様性を作り出してきた進化の過程や遺伝子の環境に対する応答能力などの研究を行うほか、さまざまな動植物の試料の収集、保存、ならびにDNAバーコーディング等の解析を行います。地域や世界の人々の幸のために、生物多様性の保全や持続的利用を促進する活動を行います。

センター組織 (2020年度)

名誉センター長：杉浦 昌弘

センター長：熊澤 慶伯 (分子進化学・動物系統学)

センター員：木藤 新一郎 (遺伝子発現調節による環境適応機構)

鈴木 善幸 (分子進化学・集団遺伝学・ウイルス学)

村瀬 香 (生態学・進化集団遺伝学・生態情報測定)

湯川 泰 (植物の遺伝子発現制御と機能性RNA)

プロジェクト推進員：横山 悠理 (センタープロジェクト推進)

研究員：川瀬 基弘 (貝類の系統分類)

藤谷 武史 (両生類の保全生物学)

村松 正雄 (植物の多様性)

*センター長およびセンター員は、名古屋市立大学理学研究科の常勤教員です。2018年度に新設された総合生命理学部で学部教育も行っています。

*当センターの設立後の約7年間 (2010-2016年度) は、初代センター長の森山昭彦氏 (現中部大学教授) のもとでセンター運営がなされてきました。東山総合公園の動植物のDNAバーコーディングなどは、森山初代センター長を中心に取り組んだプロジェクトです。

*現センター長の熊澤は、名古屋圏の動植物に加え、東南アジアの魚類なども研究対象とし、地域貢献と国際化の2つの目標を掲げています。

イベント・講座



環境デーなごや2019出展



サイエンスカフェin名古屋@東山動植物園(2018)



高大連携講座 大学丸ごと研究室体験(2018年)



DNAバーコーディングのトレーニングコース(2010年)

セミナー・講演



第53回センターセミナー(2019年)



第51回センターセミナー(2018年)



ベトナムの国立公園スタッフとの討論(2010年)



インドネシアでの講演(2019年)

論文・報告書



コメツキムシDNAバーコーディング(2015年)



東山動物園DNAバーコーディング報告書(2016年)



インドネシアの淡水魚類(2016年)



中部経済新聞コラム寄稿(2017年)

標本庫 (Specimen Depository: SDNCU)

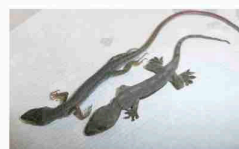
生物多様性の研究においては、多様な種に関する標本を収集し、分析し、保管するというプロセスが欠かせません。当研究科では、生物多様性研究センターの活動をサポートする組織として、標本庫を設置しました。私たちの標本庫の特徴としては、DNA研究を強く意識した保存方法が採られていることです。大半の動物標本はホルマリン標本ではなく、冷凍標本かアルコール液浸標本の形で保管がなされています。2021年3月時点で動物標本が約5200点、植物標本が約300点登録保管されています。動物では貝類、昆虫類、魚類、爬虫類などが、植物では東海地方の野生植物の葉標本などがあります。



昆虫のアルコール液浸標本



貝類の貝殻標本



脊椎動物の冷凍標本



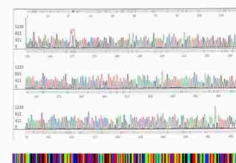
植物の葉の冷凍標本



生物種ごとに遺伝子が異なることを利用し、特定の遺伝子の塩基配列を分析することで、専門家でなくとも生物の種を同定できるシステムを作ろうとする試みです。遺伝子を構成する4種類の塩基（A,T,G,C）に、別々の色を割当てて表示すると、コンビニなどの店頭で商品を瞬時に識別するバーコードに似てみえることから、「DNAバーコード」と呼ばれます。地球上で知られている全生物（約180万種）を識別できるデータベースを作成する野心的なDNAバーコードプロジェクトが国際協力のもとで進められています。分類学などの学術分野にとどまらず、環境保全、疫学、食管理など様々な目的で利益をもたらすことが期待されています。

○DNA塩基配列の決定

名古屋大学立大学生物多様性研究センターでは、昆虫や貝など小型動物の組織標本はアルコールに入れ4℃で、大型動物と植物の標本、及び抽出したDNAは-30℃の冷凍庫で保存し、管理しています。DNAだけでなく、もととなる生物標本を保存することも同様に大切です。



バーコード化

BOLDデータベースに登録

○データベースの活用

DNA塩基配列から種を推定する場合は、Barcode of Life Database (BOLD) システムのデータベースと照合します。

例：メダカ類、カダヤシ類のデータ検索

登録されたDNAバーコードが由来する証拠標本に関する情報

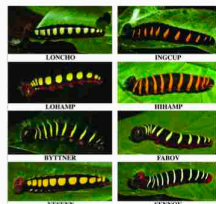


文献情報

BOLDデータベース上では、種同定以外にも簡便な系統樹作成が行えるほか、証拠標本に関する様々な付帯情報を入手できます。2021年3月時点で約32万種に関するDNAバーコードデータがBOLDデータベースに登録されています。しかしこれは学名のついた全生物種の約18%にすぎません。各市大生物多様性研究センターでは、このDNAバーコードプロジェクトに賛同し、日本産の貝類や昆虫類をはじめ様々な生物についてデータ登録を行っています。

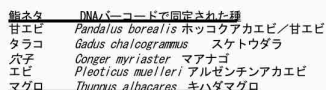
○蛾の種同定

P. Hebertらは、1種類だと思われていた蛾が、実は10種類も混ざっていたことをDNAバーコードで示しました。昆虫の分類学に貢献しました。



○寿司ネタの種同定

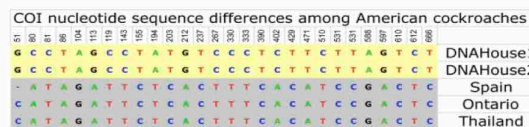
ニューヨークの寿司店で提供されるネタの25%が誤表示であったとの調査報告があります。そこで、近所のスーパーマーケットで売られていたにぎり寿司のネタをDNAバーコード分析してみました。



今回は明確な誤表示が見つかりませんでした。DNAバーコードは、食品の偽装を調べるのに役立つと期待されています。

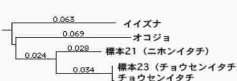
○ゴキブリの新種発見？

2009年にニューヨークの高校生が家庭で捕まえたゴキブリ (*Periplaneta americana*) のDNAバーコードを分析したところ、スペイン、カナダ、タイなどのゴキブリのDNAとは異なり、新種である可能性を発見しました。その後、ニューヨークのマンハッタンに日本のゴキブリ (*Periplaneta japonica*) が侵入したとのニュースももたらされています。



ニューヨーク
スペイン
カナダ
タイ

○守山区で捕獲されたイタチの種同定



名古屋市環境局なごや生物多様性センターで行っているイタチの調査に名市大生物多様性研究センターが協力し、DNA分析によって標本21がニホンイタチ、残りの個体はチウセンイタチであることを確認しました。DNAバーコードを利用すれば、糞を用いた種同定も可能であり、外来種の分布拡大に関するフィールド調査への応用も可能です。

ポスター制作: 横山悠理 熊澤慶伯



なごやの甲虫類の多様性



甲虫目は昆虫の1グループで、コガネムシ科、カミキリムシ科、オサムシ科、ゾウムシ科、コメツキムシ科など130ほどの科が含まれます。日本からは約13000種が、名古屋市内からは約1000種が知られています。甲虫の仲間は様々な場所で生活しています。オサムシ類は地表面を徘徊して餌を探し、クワガタムシやカナブンは樹液に集まり、新緑の時期には多様な甲虫を観察できます。



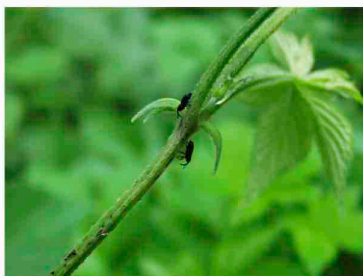
クロボシツツハムシ



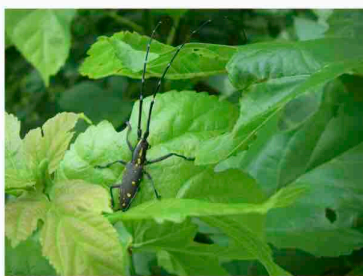
ナナホシテントウ



チビゾウムシの一種



カナムグラヒメゾウムシ



キボシカミキリ



コアオハナムグリ



ヨツボシケシキスイ



ウキクサミズゾウムシ



カブトムシ



カナブン



ミカワオサムシ

	種数		名古屋の割合 (%)
	日本	名古屋	
ゾウムシ科	1136	113	9.95
カミキリムシ科	776	80	10.31
オサムシ科	1890	152	8.04
クワガタムシ科	49	10	20.41
コガネムシ科	407	61	14.99
タマムシ科	224	33	14.73
コメツキムシ科	704	55	7.81
テントウムシ科	193	32	16.58
オトシブミ科	109	15	13.76
ハムシ科	682	85	12.46
その他	6830	400	5.86
総種数	13000	1036	7.97

日本列島の甲虫全種目録(2018)及び新修名古屋市資料編編集委員会(2008)より



コメツキムシのDNAバーコーディング



多数の昆虫愛好家のご協力を得て収集した成体標本（275種、762個体）を用い、コメツキムシの分類学者（大平仁夫博士）による形態に基づく種同定の結果とDNAバーコードによる種境界の認識結果を比較しました。その結果、275種のうち177種については、形態と分子に基づく種境界が一致しました。一方、形態に基づき同定された47種は、実際には184種を包含する可能性があることを分子データは示唆しました。本研究は、日本の野外で普通に見られるコメツキムシを専門家の鑑定なしで同定できるDNAバーコードデータベースを構築したことに加え、コメツキムシの分類学上の検討課題をいくつか提示した意義があると考えます。



コメツキムシとは？

コメツキムシは、甲虫目コメツキムシ科に属する昆虫です。仰向けにすると自ら跳ねて元に戻る動作をするため、コメツキムシ（click beetles）の名が付けられました。ホタルのように光る種類もあります。世界には約1万種が、日本でも約600種が知られており、その多くは日本の固有種です。日本の野外で容易に見られる普通種が多く含まれる一方で、約20種のコメツキムシの幼虫は農業害虫になっています。ジャガイモなどの根菜類、小麦・トウモロコシなどの穀物類、柿や梨などの果物類を食害するコメツキムシが知られています。そのため幼虫の種同定技術への期待は高いのですが、形態に基づく同定法には限界がありました。

成虫



写真提供：大場裕一博士

幼虫



図1 コメツキムシの成虫と幼虫

成虫の種同定も専門家に頼らねば難しいのに、幼虫の同定はお手上げ！



コメツキムシDNAバーコーディング

○コメツキムシのサンプル収集

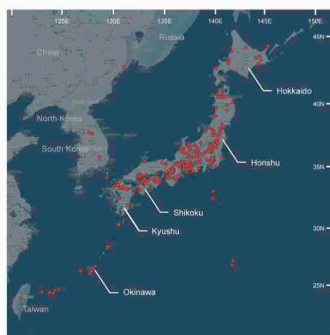


表1 DNAバーコーディングに用いたサンプルの概要

地域	種分類群網羅率 (%)	属分類群網羅率 (%)
日本全体	40 (257/639)	74 (86/117)
北海道	66 (106/161)	91 (59/65)
沖縄県	42 (69/166)	83 (50/60)
本州全体	74 (134/181)	90 (72/80)
宮城県	85 (76/89)	98 (50/51)
栃木県	76 (137/181)	92 (60/65)
神奈川県	77 (118/154)	94 (60/64)
福井県	76 (119/156)	95 (60/63)
愛知県	83 (121/145)	97 (61/63)
京都府	79 (107/135)	97 (59/61)
岡山県	74 (126/171)	94 (65/69)

図1 コメツキムシの採集地点

多数の市民・専門家の協力のもと、762個体のコメツキムシ成体が採集され、専門家により275種に同定された。これらの標本から、約650塩基対のミトコンドリアDNA塩基配列（COI遺伝子の一部）を決定した。

愛知県など本州の各県で普通にみられるコメツキムシのDNAバーコードデータベースを構築できた。DNAデータは画像データを含む標本情報とともに、Barcode of Life Data Systems (BOLD)へJapanese Elateridae Barcoding Project (JEBP)の名称で登録・公開した。

○種内と種間の遺伝距離（DNA塩基配列の違いの程度）の比較

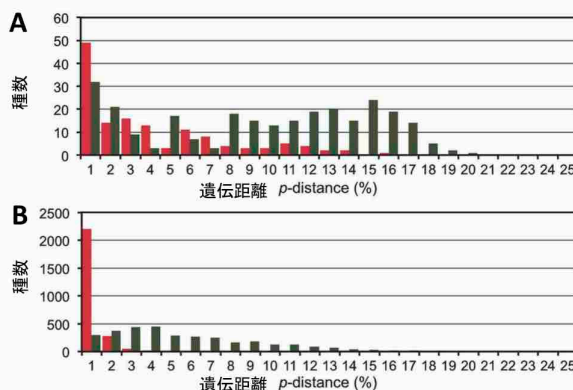


図2 種内の遺伝距離の最大値（赤）と最も近縁な姉妹種への遺伝距離（黒）の分布図。(A)本研究で解析した日本産コメツキムシ、(B)分類体系がよく研究された海外産の鳥類や昆虫類などのデータの総合。

分類体系がしっかり構築されている分類群では、種内の遺伝距離は2%以下に、最近縁種への遺伝距離はおおむね2%以上になる。日本産コメツキムシでも、その傾向が見られるものの、海外産の鳥類や昆虫類ほど明確には見られない。種内の遺伝距離が5%を超える例は隠蔽種などが見逃されていることを示唆する。

○形態に基づく種情報とDNAに基づく種情報の対比

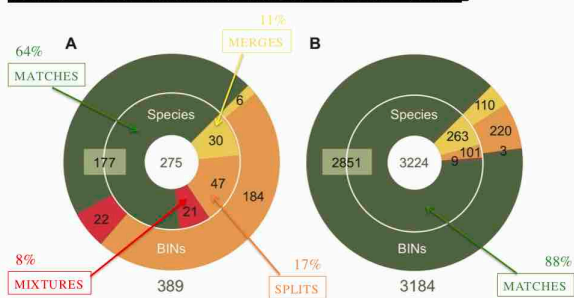


図3 日本産コメツキムシ (A) と分類体系が充実した他の8つの動物群 (B: 海外産の鳥類・昆虫類など) における種数とBIN数の対比

BIN: Barcode Index Number (2%以上の遺伝距離を持つグループを別種と判定する経験則などに基づき認識された種単位に与えられた番号)

日本産コメツキムシ科の種の多くは、DNAバーコードで種同定が可能。しかし、47種が184 BINに対応することが示されるなど、分類を再検討する必要がある種もいくつか見つかった。

表2 分類の再検討が必要と考えられる種の事例

種	再検討が必要なる理由
クシコメツキ <i>Melanotus legatus</i>	形態的にクシコメツキと同定される個体の中に、10%以上の遺伝距離で隔たる2つのBINが存在。広域分布する普通種だが、両BINに属する個体に地理的な分布は見られない
サビキコリ <i>Agrypnus binodulus</i>	形態的にサビキコリと同定される個体の中に、7-9%の遺伝距離で隔たる3つのBINが存在。広域分布する普通種だが、各BINに属する個体の地理分布は重複している
ヒゲコメツキ <i>Pectocera fortunei</i>	形態的にヒゲコメツキと同定される個体の中に、2-7%の遺伝距離で隔たる3つのBINが存在。系統樹において、この3グループでつくる系統群の中に他の6種のコメツキムシが含まれるため、分類の再検討が必要。広域分布する普通種だが、各BINに属する個体の地理分布は重複している
オオシモフリコメツキ <i>Actenicerus orientalis</i>	形態的にオオシモフリコメツキと同定される個体の中に9つのBINが存在。系統樹において、この9グループでつくる系統群の中に他の3種のコメツキムシが含まれるため、分類の再検討が必要。山系ごとに細かく形態が異なる別種が存在する可能性がある
ミヤマヒサゴメツキ <i>Homotechnes motschulskyi</i>	形態的にミヤマヒサゴメツキと同定される個体の中に39個のBINが存在。飛翔能力を失った種で本州・四国の山系にパッチ状に分布するが、これらは細かく種分化しているものと考えられる。
サビキコリ属 <i>Agrypnus</i>	形態的に <i>Colauron</i> 亜属の5種と同定された18個体は、BINと複雑な対応関係（図3のMIXTURES）を示し、分類の再検討が必要。飛翔能力を失った集団が沿岸域にパッチ状に分布。

本研究は、名古屋大学生命農学研究科（現中部大学）の大場裕一博士と当センターの共同研究で、この成果は2015年にPLoS ONE誌に論文発表されました。また、日本農業新聞でも記事として紹介されました（2015年3月19日付）。



ポスター制作: 大場裕一 横山悠理 熊澤慶伯



ゾウムシのDNAバーコーディング



私たちは、名古屋市を中心に愛知県や近隣県から採集したゾウムシ科51属79種156個体、チョッキリゾウムシ科4属6種8個体を用いて、DNAバーコーディングを実施しました。その結果、この地域で普通に見つかるゾウムシ類のDNAデータベースを作成でき、専門家による形態調査なしでも、DNA検査から種同定を行えるようになりました。また、ニセチビヒョウタンゾウムシやイワキオチバゾウムシなどの土壌性のゾウムシに、未記載の隠蔽種（形態的に区別できない別種）がいくつもいる可能性が示されました。山一つ隔てると別種に分かれているというような予想外に高い多様性が示唆されたことで、今後のさらなる研究が待たれます。



ゾウムシとは？

ゾウムシ類は甲虫目のゾウムシ科、ヒゲナガゾウムシ科、オトシブミ科などに属する昆虫です。成虫の体長は2mmから30mm程度で、長く伸びた口吻が動物のゾウの鼻のように長いことからこの名前が付けられました。この長い口吻は植物の幹などに穴を開けて産卵するために進化した器官だと考えられています。ゾウムシ類は海岸から高山に至る様々な環境で観察できます。名古屋市内でも、畑の作物、水田のイネ、モモなどの果樹、里山環境のアベマキ、ツツジ類、マツ、それら周辺の多様な植物とともに見られます。



ゾウムシDNAバーコーディング

○サンプル採集

表 1. サンプルの採集県別個体数と種数

府県名	個体数	種数
愛知県	140	74
うち名古屋市	86	59
岐阜県	7	5
三重県	5	4
長野県	3	2
滋賀県	2	1
大阪府	2	1
埼玉県	1	1
長崎県	4	1
合計	164	85

名古屋市を中心に東海地方の野外で普通にみられるゾウムシを叩き網法とふるい出し法で採集した。

○種内と種間の塩基配列の多様性の比較

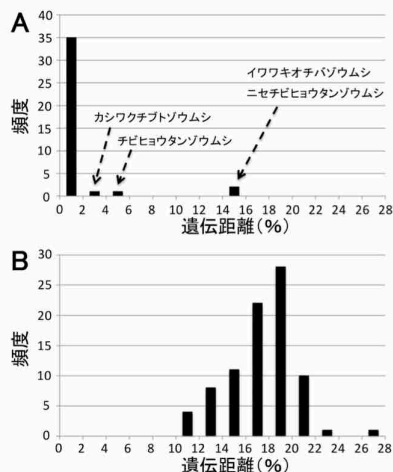


図 1 ゾウムシ類の種内(A)および種間(B)の遺伝距離の頻度分布図。(A)複数個体を分析した39種内における個体間の遺伝距離の最大値、(B)本研究で分析した85種それぞれから見た最近縁種との遺伝距離

種内の遺伝距離の最大値は概ね2%以内だが、最近縁種との遺伝距離は10%以上あり、DNA塩基配列から種を特定可能。ただし、イワキオチバゾウムシ、ニセチビヒョウタンゾウムシなどの土壌性の種は例外で、隠蔽種の存在が示唆された。

○愛知県のイワキオチバゾウムシは3種に分かれる？

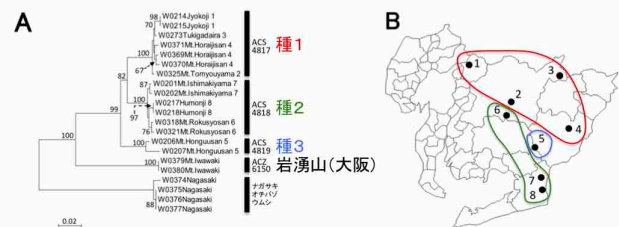


図 2 愛知県産のイワキオチバゾウムシの系統関係(A)と採集地(B) 系統樹におけるサンプル番号の右端の数字が採集地点の数字に対応する。

DNAバーコードに基づけば、愛知県産のイワキオチバゾウムシは種1-3の3種に分かれる可能性が高い。

○ニセチビヒョウタンゾウムシに多くの隠蔽種？



図 3 愛知県産のニセチビヒョウタンゾウムシの系統関係(A)と採集地(B) 系統樹におけるサンプル番号の右端の数字が採集地点の数字に対応する。

東谷山(名古屋市) 猿投山(豊田市) 本宮山(新城市) 岩巣山(瀬戸市)



図 4 互いに別種の可能性が高い愛知県のニセチビヒョウタンゾウムシ

DNAバーコードに基づけば、愛知県産のニセチビヒョウタンゾウムシは種1-6の6種に分かれる可能性が高い。

イワキオチバゾウムシやニセチビヒョウタンゾウムシは土壌性のゾウムシである。土壌性ゾウムシは地中や地表面近くで生活するため、後翅が退化して飛翔能力に乏しい種が多い。そのため山ごとに別種が存在するほど種分化が進んでいるのかもしれない。

本研究の成果は以下の論文で発表しました。

井上晶次、熊澤慶伯 (2017) 名古屋市を中心とした愛知県及び近隣県産ゾウムシ類のDNAバーコーディング。なごやの生物多様性 4: 23-29



※本文は左側QRコードよりご覧いただけます。(PDFファイル約450KB)

ポスター制作: 井上晶次 熊澤慶伯



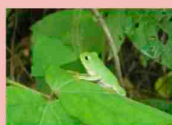
なごやの両生類たち



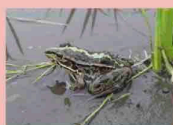
名古屋市内では都市開発が進み、多くの区では水田も姿を消しました。それに伴い両生類も激減しており、多くの種が絶滅危惧種に指定されています。両生類の種は淡水中に卵を産まなければならないため、淡水環境が保全されているかどうかを測る指標種となります。名古屋に残る両生類たちをその生息環境も含めて保全していきたいものです。

名古屋市内にいる両生類

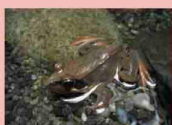
なごや絶滅危惧種



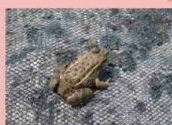
シュレーゲル
アオガエル



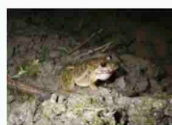
トノサマガエル



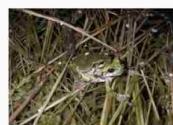
ニホンアカガエル



ナゴヤダルマ
ガエル



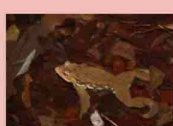
ヌマガエル



ニホンアマガエル



ツチガエル



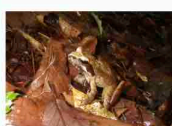
アズマヒキガエル



ヤマトサンショウウオ



アカハライモリ



タゴガエル

11種が生息。うち8種が絶滅危惧種（2020年時点）

ツチガエル 絶滅危惧ⅠA類



中区の産卵場所

- ・北区と中区の一部にのみ生息。
- ・中区は街の中心の公園に生息。

トノサマガエル 絶滅危惧Ⅱ類



天白区の生息場所



井戸から出られない風景

- ・生息場所はナゴヤダルマガエルより多いが、生息環境が悪化している。

ナゴヤダルマガエル 絶滅危惧ⅠA類



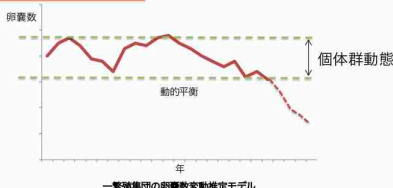
港区の生息地



名古屋市中心部、市外には生息する。

- ・生息場所が少ない。
- ・名古屋市の周りには多く生息する。

アズマヒキガエル 絶滅危惧ⅠA類



- ・産卵数がここ数年で激減している。
- ・産卵場所が消失している。
- ・感染症などが懸念されている。



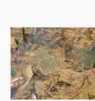
アズマヒキガエルの卵塊

※レッドリストなごや2020で絶滅危惧ⅠAにランクアップ

ニホンアカガエル 絶滅危惧ⅠA類



中区の生息場所



ニホンアカガエルの卵塊

- ・丘陵地に多く生息するが、個体数が減る傾向にある。
- ・名古屋城のお堀で生息が確認。

※レッドリストなごや2020で絶滅危惧ⅠAにランクアップ

シュレーゲルアオガエル 絶滅危惧ⅠA類



過去の生息場所



現在の状況

- ・かつては市境に大きな生息場所があったが消滅した。
- ・名東区と守山区のごく限られた場所のみに生息。

アカハライモリ 絶滅危惧ⅠA類



アカハライモリの生息場所

- ・千種区と天白区のごく限られた場所のみに生息。
- ・かなり危惧的な状況。

レッドリストで絶滅危惧種に指定された種は、今後の環境指標として大いに役立つと思われます。名古屋市内に生息する両生類では8種が絶滅危惧種に指定されており、非常に危機的な状況です。今はこれらを踏まえて生息環境の保全や、個体数や遺伝的多様性の継続的なモニタリング調査が必要であると考えられます。



なごやのヤマトサンショウウオは生き残れるか？

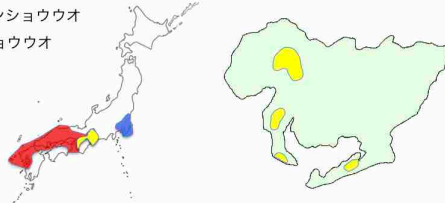


名古屋市では、近年の都市開発の影響で、サンショウウオ類の生息に必要な湿地が失われ、都市公園などの保護区域に少数の個体群が生き残るだけになっています。このサンショウウオを守るために市民団体が保全活動を行っていますが、保全戦略を立案するのに必要な科学データの取得は必ずしも十分ではありませんでした。本研究では、市内の各繁殖地で発見した卵塊の一部からサンプリングし、DNA解析を行うことで、市内のヤマトサンショウウオ（カスミサンショウウオから2019年に名称変更）の遺伝的多様性を分析しました。その結果、市内で分断された小繁殖地に生息するヤマトサンショウウオの遺伝的多様性がかなり低レベルであること（個体数が減少していることを反映）、一部の繁殖地に滋賀県の個体群が移入された可能性があること、などが判明しました。

①名古屋市内のヤマトサンショウウオ

カスミサンショウウオは2019年に9種に細分割され、愛知県の個体群には *Hynobius vandenburghi* (ヤマトサンショウウオ) という学名が与えられました。

- 旧カスミサンショウウオの他の8種
- トウキョウサンショウウオ
- ヤマトサンショウウオ



ヤマトサンショウウオの生息分布



成体のメス



卵囊対



産卵生息地

名古屋市の推定生息数
1300匹 (2003年)

減少した原因は都市開発など

500~600匹 (2006年)



過去

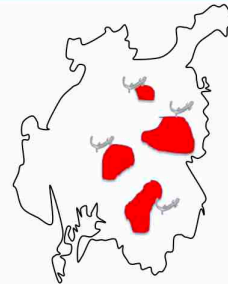


現在

名古屋市のヤマトサンショウウオは
生息数を減らしている

今後ヤマトサンショウウオは
持続的に生き残れるか？

②ヤマトサンショウウオの遺伝的多様性



・ヤマトサンショウウオは**個体群**
(集団) をつくって生きている

生息数が少
ない

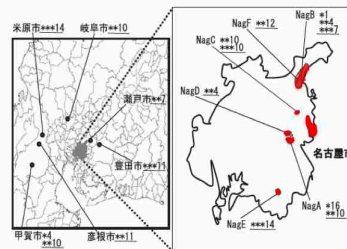
生息場所が
離れる



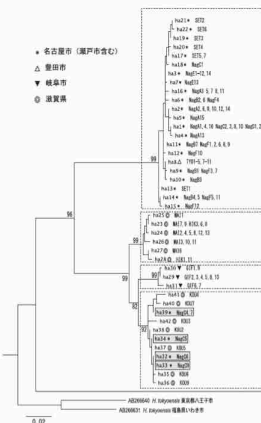
⚠ 一般的に遺伝子の多
様性が低くなると、種
の持続可能性が低下す
ると言われている。

近交系になり遺伝子の多様性
が低くなる

③ヤマトサンショウウオの遺伝的多様性を調べる



・名古屋市内のヤマト
サンショウウオは滋賀
県に比べて遺伝子の多
様性が**低かった** (デー
タは論文参照)



・今回の研究で4つの遺
伝子のグループがあるこ
とが分かった

・名古屋市のほとんどの
個体群の遺伝子はグルー
プIに属していた

・しかし、名古屋市内で
は小繁殖地ごとに**遺伝子
型が分かれていた**

・名古屋市のある個体群
の遺伝子はグループIVに
属し、滋賀県の個体群の
遺伝子と近かった→**人為
的に移入か？**

④結論

名古屋市内及び周辺にパッチ状に生存するヤマトサンショウウオは、個体数が少ないため遺伝的多様性が低下し、個体群間で遺伝子流動がないため個体群間で遺伝子がはっきり分かれていました。地域個体群の絶滅危険度は非常に高い状態であると思われます。

引用文献

藤谷武史・能登原盛弘・熊澤慶伯 2016. ミトコンドリアDNA塩基配列を用いた名古屋市及び周辺地域におけるカスミサンショウウオの遺伝的多様性の研究. 爬虫両棲類学会報 2016(1):1-12

ポスター作成: 藤谷武史 横山悠理 熊澤慶伯



名古屋圏のワシタカ類について



ワシタカ類とは？

鳥類の中でタカ目、ハヤブサ目、フクロウ目に分類される種の総称が猛禽類で、嘴で捕らえた獲物を丸呑みするのではなく、鋭い脚爪で獲物を掴んで捕食する習性が特徴である。夜行性であるフクロウ目を除いた猛禽類がワシタカ類で、古来から鷹狩などでヒトとの関わりも深く、一般によく知られた存在である。ワシタカ類は南極大陸を除く地域に約320種生息しており、稀な観察例などを除くと、国内では20種が繁殖または越冬している。それらの一部は日本固有の亜種で、絶滅危惧種も含まれている。大都市名古屋及びその周辺地域（名古屋圏）では、近年開発等に伴い野生動物の生息環境が劣化しているものの、なお様々な種類のワシタカ類が生息している。

国内で繁殖または越冬する20種

ミサゴ、ハチクマ、トビ、オジロワシ、オオワシ、オオタカ、ハイトカ、ツミ（亜種リュウキュウツミも含む）、ノスリ（亜種オガサワラノスリも含む）、ケアシノスリ、サシバ、クマタカ、イヌワシ、カンムリワシ、チュウヒ、ハイイロチュウヒ、ハヤブサ、チゴハヤブサ、チョウゲンボウ、コチョウゲンボウ



名古屋圏に生息するワシタカ類の例

絶滅危惧レベルは環境省レッドリスト2020での分類

● タカ目

▼ ミサゴ



魚が主食という特徴があり、海岸、河川、湖沼、池の周辺に生息。鉄塔のような人工物も営巣や採餌に利用する。

絶滅危惧レベル: 準絶滅危惧

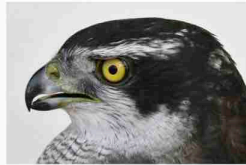
▼ トビ



海岸から山間部まで広く分布する日本ではもっとも身近な猛禽類。動物の死骸も食べるのでハゲワシのような生態も持つ。

絶滅危惧レベル: 該当無し

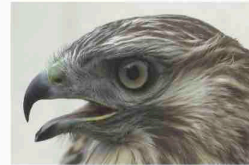
▼ オオタカ



森林だけでなく市街地の公園や河川敷で見られることもある。近年、生息数が回復したと判断されて絶滅危惧のレベルが下がり、2017年には「種の保存法」*の対象外となった。

絶滅危惧レベル: 準絶滅危惧

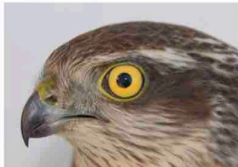
▼ ノスリ



オオタカと同じような場所を生息地としている。最近の研究では日本のノスリはアジア大陸のノスリと遺伝的に別種であることが示され、今後は日本固有種とされる可能性もある。

絶滅危惧レベル: 該当無し

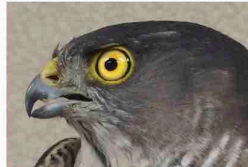
▼ ハイトカ



オオタカに似た生態を持つが、オオタカよりも小型。体格に応じて、主に小鳥を捕食する。

絶滅危惧レベル: 準絶滅危惧

▼ ツミ

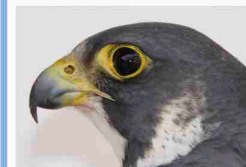


ハイトカよりも小型。国内で最小の猛禽類。市街地の街路樹など人家に近い場所で営巣することもある。

絶滅危惧レベル: 該当無し

● ハヤブサ目

▼ ハヤブサ



世界最速の鳥。崖に営巣する習性があり、高層ビルを利用して繁殖することもある。南極とニュージーランドを除く世界各地に広く分布し、生息域に応じた20亜種に分類される。日本を繁殖地とする2亜種のうち、硫黄列島に生息していた亜種（シマハヤブサ）は絶滅した。本州等で繁殖する亜種（ハヤブサ）は「種の保存法」*の対象種にも指定されている絶滅危惧種。

絶滅危惧レベル: 絶滅危惧Ⅱ類

▼ チョウゲンボウ



田畑が広がる地域や市街地を生息地としている小型のハヤブサの仲間。高架橋の隙間や工場の換気口に営巣することもある。成鳥では雌雄で明確な体色の差があるのも特徴。

絶滅危惧レベル: 該当無し

▼ チュウヒ



葦原のような草地や干拓地に生息し、地上に営巣する特徴を持つ。開発により草地が消失すると採餌場、繁殖地、越冬地を失う事になるため、近年は絶滅危惧のレベルが上がり、保護の重要性が増している。2017年には新規に「種の保存法」*の対象種に指定された。

絶滅危惧レベル: 絶滅危惧ⅠB類

* 絶滅のおそれのある野生動植物の種の保存に関する法律



日本ワシタカ研究センター

日本ワシタカ研究センター（所長：中島京也）は愛知県尾張旭市にあるワシタカ類の保護活動を実践している民間の施設です。1982年に設立されてから、希少種の生息環境保全に関する調査の実施や対策の提言、行政機関からの依頼に応じた傷病鳥救護活動、傷病鳥の保護飼養や野生復帰に向けたリハビリテーションへの日本の伝統的な鷹狩技術の適用、企業や国内外の研究機関と連携した希少種保護プロジェクトや研究の推進、猛禽類保護に関する講習会の開催などに取り組んでいます。また、保護した傷病鳥の個体（死亡個体を含む）を用いたDNAバーコーディングや分子系統地理解析などを名古屋市生物多様性研究センターと共同で行い、ワシタカ類の自然史の解明や保全戦略の策定に必要な基礎データの取得にも取り組んでいます。日本ワシタカ研究センターによる傷病猛禽類の保護活動は「あいち・なごや生物多様性グッドプラクティス」（2020年）に選ばれました。（施設の一般公開はしていません）



傷病鳥の治療（ハヤブサ）



希少種の生息状況調査



完治した個体の放鳥（オオタカ）



日本ワシタカ研究センターホームページQRコード

ポスター制作: 中島京也 横山悠理 熊澤慶伯



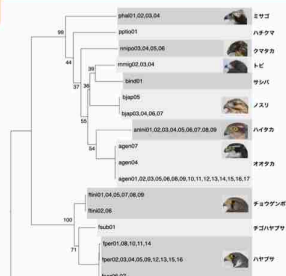
ワシタカ類のDNAバーコーディング



名古屋周辺のワシタカ類を用いてDNAバーコーディングを実施し、得られたデータをBarcode of Life Data Systems (BOLD)データベースに登録しました。海外産の個体について登録があるデータとの比較を行ったところ、トビ、ノスリ、ミサゴなど留鳥性が強い一部の種では、海外産と日本産の個体間で遺伝的な違いが明確に認められました。一方ハヤブサなど長距離の渡りを行うことが知られている種では、そうした遺伝的な差が見られませんでした。本研究では、ワシタカ類の種ごとに遺伝的多様性の様式が異なることなど、新たな知見が得られました。

ワシタカ類DNAバーコーディング

日本ワシタカ研究センターによって名古屋周辺で保護された11種のワシタカ類合計69個体を用いて、CO I 遺伝子領域（約680塩基対）を用いたDNAバーコーディングを実施しました。これら11種のワシタカ類は、種ごとに固有のDNA塩基配列を持ち、DNA情報から容易に種同定を行えることを確認できました。また、最尤法を用いて作成した分子系統樹（右図）は、タカ目およびハヤブサ目の内部において、最新の系統分類学的な知見と一致しました。得られたDNAデータは証拠標本の情報とともにBarcode of Life Data Systems (BOLD)データベースに、プロジェクト名 DNA Barcoding of Raptors in Central Japan (DBRCJ)として登録しました。



● CO I 遺伝子塩基配列を用いて作成した最尤系統樹

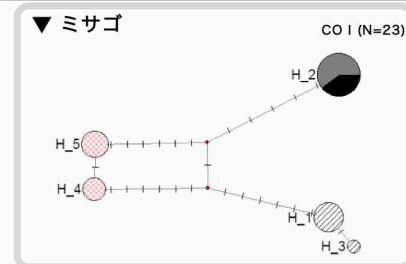
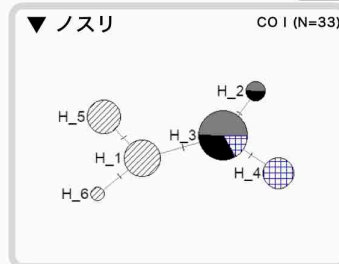
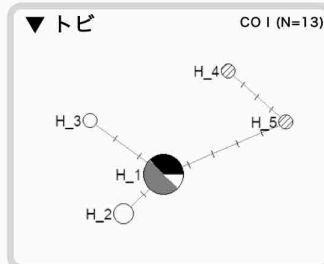


● BOLDにおけるプロジェクトDBRCJの画面

ワシタカ類における地域間の遺伝的な違い

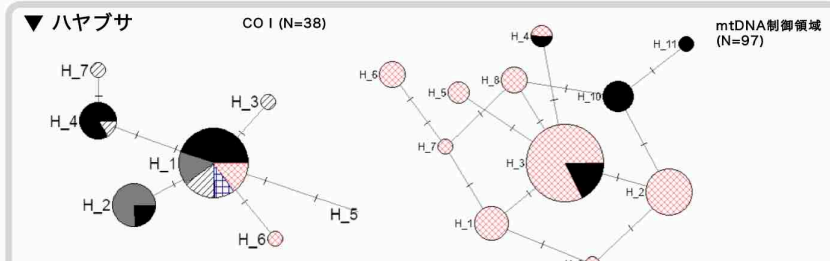
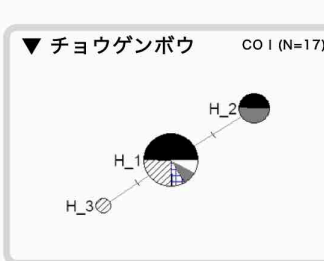
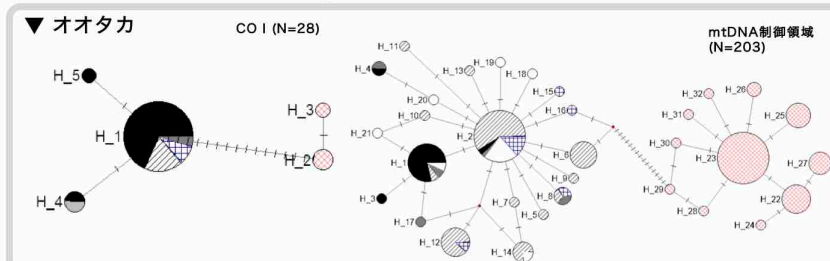
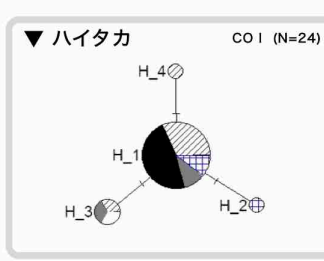
各種において、公共データベースに登録された塩基配列を含めて、塩基配列（ハプロタイプ）のネットワーク図を作成しました。集団遺伝解析の結果（ Φ_{ST} など：データ割愛）も踏まえ、種内の地域（極東vs欧州vs米大陸）間の遺伝的な差について調べました。

●地域間で塩基配列に明確な分離が見られた種



トビ、ノスリ、ミサゴでは、極東（日本）の個体と欧州や北米大陸の個体間に遺伝的な差異が見られました。

●地域間で塩基配列に明確な分離が見られなかった種



ハヤブサ、チョウゲンボウ、ハヤブサでは、極東（日本）の個体と欧州及び北米大陸の個体との間に明確な遺伝的差異が見られませんでした。オオタカでは、極東（日本）と北米大陸の個体間には大きな遺伝的差異が見られましたが、同じユーラシア大陸内に位置する極東と欧州の個体間では遺伝的な差異がありませんでした。ハヤブサは大陸を越えて長距離の渡りを行うことが知られていますので、地域間の遺伝的分離が認められなかったことと整合的です。しかし、チョウゲンボウでは海外への渡りを行う明確な観察記録がなく、データの解釈にはさらなる研究が待たれます。

本研究の成果は以下の論文で発表しました。
横山悠理、中島京也、陸田径典、熊澤慶伯 名古屋周辺ワシタカ類のDNAバーコーディングと集団遺伝解析。
なごやの生物多様性 7:1-14 (2020)

本文は右側QRコードよりご覧頂けます。(PDFデータ 約900KB)▶



ポスター制作: 横山悠理 中島京也 熊澤慶伯



DNAで帰化植物を同定する



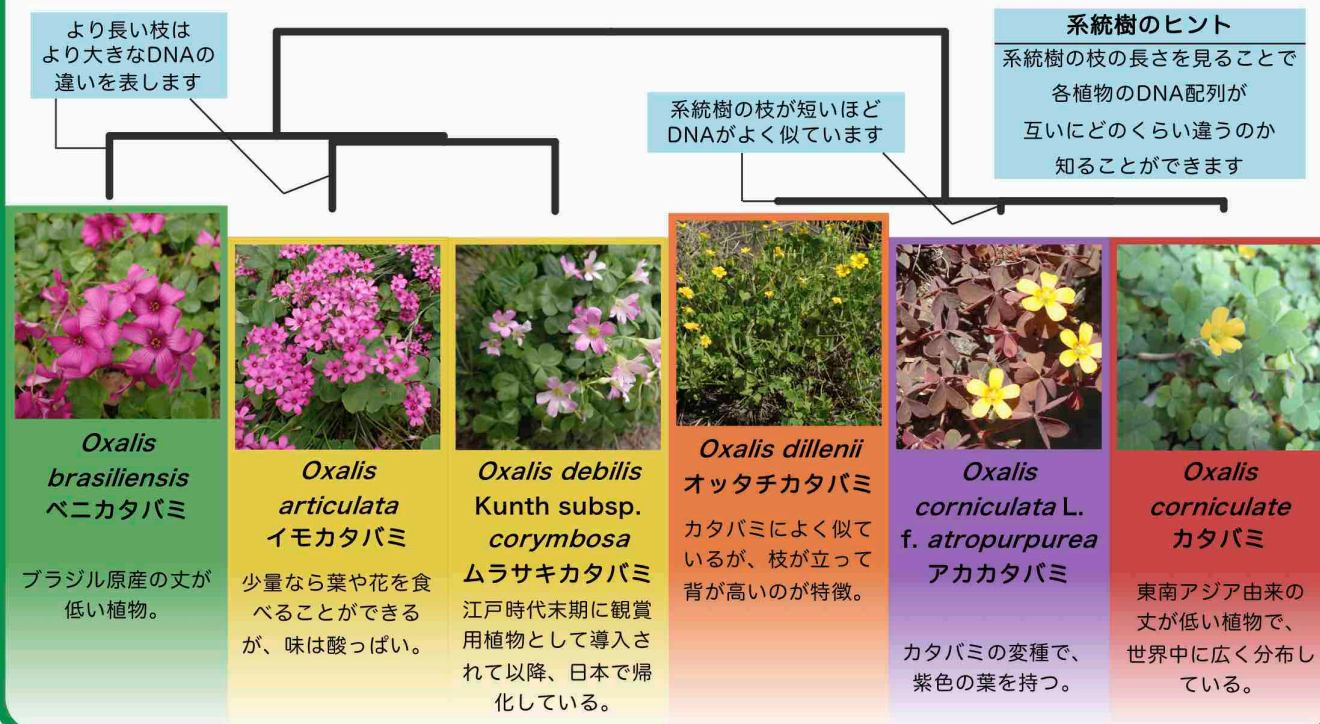
カタバミを見つけよう！

カタバミは、カタバミ属の種子植物です。

カタバミ属の多くの種は、交易などによって原産地から、日本も含めた世界中に広がりました。

今回、いくつかのカタバミ属植物を名古屋周辺で採取し、DNAの塩基配列を決定しました。

そこから、それぞれの種の進化類縁関係を表す系統樹を作成しました。



カタバミはいつ日本に来たの？



カタバミ類の原産地はどこ？



科学者はDNAが大好き！
単純な原理で生物種を同定でき、
生物の歴史と進化の研究にも
役立つからです！



Map vector created by Stenoth. Modified by Elyssa Loewen. Borders and fill color created by Stenoth. International trade icon by Made from the North Project.

写真／文責： Elyssa Loewen 村松正雄 横山悠理 熊澤慶伯