

アマミヤマシギ (*Scolopax mira*) の mtDNA 制御領域による遺伝的構造の解析

○江田真毅^{1,2}、阿部慎太郎³、鳥飼久裕⁴、嵩原建二⁵、小高信彦⁶、小池裕子²

¹日本学術振興会、²九州大学大学院比較社会文化研究院、³環境省奄美野生生物保護センター、⁴NPO法人奄美野鳥の会、⁵沖縄県立博物館、⁶環境省やんばる野生生物保護センター（現：森林総合研究所九州支所）

アマミヤマシギ (*Scolopax mira*) は奄美大島およびその属島である加計呂間島、与路島、請島と、徳之島でのみ繁殖が確認されている日本の固有種である。本種の最大の繁殖地である奄美大島では、1980年代以降マングースの個体数と分布域が増加し、アマミヤマシギの個体数の減少と生息地の分断化が懸念されている。一方で、本種が冬季には沖縄諸島でも観察されることから渡りの可能性が指摘されているものの、これらの個体の由来は分かっていない。本研究では環境省が実施するアマミヤマシギ保護増殖事業の一環として、1) 奄美大島の北部と南部の繁殖地域間における遺伝的構造の有無、2) 奄美大島と徳之島で繁殖する個体の遺伝的隔離の程度、3) 沖縄本島で越冬する個体の由来の3つを推定するために、本種のミトコンドリア DNA (mtDNA) の制御領域・ドメイン I (383bp) を分析した。これまでに、1997年から2004年に回収された死亡個体の胸筋17試料（奄美大島10個体、徳之島5個体、沖縄本島2個体）、2003年12月と2004年4月から5月に奄美大島で標識した個体の尾羽75試料、および外群としてヤマシギ (*S. rusticola*) の胸筋4試料について分析が終了している。

アマミヤマシギの種内では7つの多型座位が検出され、9つの配列が認められた。これらはヤマシギの配列と少なくとも20塩基（約6%）で置換が認められた。島ごとにみると、奄美大島ではすべての配列が確認されたのに対し、徳之島と沖縄本島ではそれぞれ異なる1つの配列のみが検出された。また、奄美大島の北部と南部の生息域は6つの配列を共有し、北部でのみ認められた配列は1つ、南部でのみ認められた配列は2つであった。地域間の遺伝子分化係数 (F_{ST}) は0.00~1.00で、奄美大島北部-南部間、奄美大島北部-徳之島間、奄美大島南部-徳之島間、徳之島-沖縄本島間で有意であった。奄美大島北部-南部間の遺伝的な分化は、両地域で多くの配列が共有されており、さらに配列の地理的な分布に明瞭な傾向が認められないことから、生息地の分断化によって両地域でそれぞれ遺伝的浮動が働いた結果である可能性が高い。徳之島の個体から検出された配列は奄美大島の個体の約20%が持つ配列と同一であり、これらの個体が奄美大島から比較的最近移住してきた可能性が示唆された。また、徳之島では配列が1つしか確認されていないことから、移住してきた個体数は母系からみると比較的少ない創始者効果か、あるいは強いボトルネックを受けた可能性がある。一方、今回解析した沖縄本島由来の2個体の配列は、他には奄美大島でのみ検出されている配列であることから、これらは奄美大島から飛来した個体と推定できる。しかし、これまでのところ徳之島の解析個体数は少なく、さらに加計呂間島、与路島、請島の個体は未解析である。今後、これらの繁殖地で採集された個体を解析することで、本種の集団構造がより明らかになっていくと期待される。