

第45回自然史標本情報発信に関する研究会（S-Net研究会）

# GBIFサイエンスレビュー

## の紹介



2025-6-28

柿添 翔太郎 (国立科学博物館 標本資料センター)

# GBIFサイエンスレビューとは？

GBIF

## 種分布モデリングにおけるソーシャルメディアと市民科学データの価値

5



Banded demoiselle - *Calopteryx splendens* (Harris, 1780) - observed in Rickmansworth, UK by Neil Shepherd (CC BY-NC 4.0)

**市民科学**

種のおカレンス 16,395件

イギリス

さまざまな情報源からの生物多様性データを比較することで、ソーシャルメディアと市民科学がどちらも独自の情報を提供していることが明らかに。無視した場合、生息地適性を過小評価する可能性がある

市民科学や他の非伝統的なモニタリング情報源を通じて報告される種のおカレンスが增加する中、このようなデータの質と有用性、そして従来の生物多様性情報源との比較を検証することは重要です。

英国におけるカワトンボ科の一種 (*Calopteryx splendens*) を例に、研究者たちは、種のおカレンスが情報源によってどのように異なるか、また、それらがどの程度補完的であるかを調査しました。研究チームは、GBIFとNational Biodiversity Network (NBN) Atlas、およびいくつかのソーシャルメディアプラットフォームからデータを抽出し、合計17,831件のおカレンスを情報源のタイプに基づいて分類しました。

全体として、*C. splendens* について収集されたデータの約半分は、そのデータタイプに固有のものでした。それぞれの異なるソースからのデータを用いて構築された種分布モデルの性能は良好で、すべてのデータタイプでほぼ同様であり、平均気温と淡

水被覆率を重要な予測因子としていました。

従来の情報源に基づくモデルは、50,800km<sup>2</sup>のイギリスの生息適地を示しましたが、市民科学とソーシャルメディアからのデータは、それぞれ54,600km<sup>2</sup>と41,500km<sup>2</sup>の範囲を予測しました。これらのデータを組み合わせると、生息適地は57,600km<sup>2</sup>と推定されました。

この研究により、市民科学やソーシャルメディアから得られた生物多様性データだけに頼ることは理想的ではないかもしれませんが、種の分布分析からこれらの情報源を除外すると、生息適地の潜在的利用可能性を著しく過小評価する可能性があることが示されました。

O'Neill D, Häkkinen H, Neumann J, Shaffrey L, Cheffings C, Norris K, et al.

United Kingdom

Investigating the potential of social media and citizen science data to track changes in species' distributions

Ecology and Evolution

doi.org/10.1002/ece3.10063

12

GBIF

## 気候変動がアルボウイルス媒介ウイルスの生息域を拡大

1



Inland floodwater mosquito [*Aedes vexans* (Meigen, 1830)] observed in Osijek, Croatia by Leomar Iglestias (CC BY-NC 4.0)

**健康**

**気候変動**

種のおカレンス 139,910件

過小評価されている疾病保菌者の研究 - 原因ウイルスは、将来の気候条件のもとで、生息域を大幅に拡大する可能性

アルボウイルスを媒介する蚊は、世界中の何百万人もの人々に深刻な健康被害をもたらしています。ヤブカ属 *Aedes* の生息域は拡大していますが、主にデング熱、チクングニア、ジカウイルスを媒介することで知られるネッタイシマカ *Ae. aegypti* とヒトスジシマカ *Ae. albopictus* に研究が集中しています

この研究では、モロッコの研究者たちが、数種のアルボウイルスを媒介することが確認されている3種のヤブカ属 (*Aedes japonicus*, *Ae. vexans*, *Ae. vittatus*) について、現在および将来の気候条件下での世界分布を調査しました。

主にGBIFを介した種のおカレンスを用いて、19の生物気候変数に基づき、各種の現在の生態学的ニッチを5×5kmの解像度でモデル化しました。さまざまな排出シナリオの代表的濃度経路 (RCP) を持つ大循環モデルに基づいて、モデル化された分布を将来の気候条件に投影しました。

ヤマトヤブカ *Ae. japonicus* については、日本、朝鮮半島、中国南部の自生域と、米国東部と西ヨーロッパの大半の非自生域で、高い生息適性が予測されました。*Ae. vexans* 分布も同様でしたが、南米南部での高い適性を含め、より広い範囲に分布していました。一方、*Ae. vittatus* の予測分布は、より低緯度での適性を示し、アフリカ、インド、東南アジア、オーストラリア北部を横断する中南米で最も

高い出現確率を示しました。将来モデルでは、すべてのRCPシナリオにおいて3種すべての生息域の変化が予測され、低・中位経路では広範な増加が、高・最悪経路ではわずかな減少が観測されました。

2050年までに、ヤマトヤブカ *Ae. japonicus* はヨーロッパ、米国、ロシア、中央アジアの大部分にわたって生息域を拡大し、*Ae. vexans* の生息域にはアフリカ北部とオーストラリア南部も含まれると予測されました。*Ae. vittatus* については、サハラ以南のアフリカと中東での拡大が将来予測に含まれていました。

Outammassine A, Zouhair S and Loqman S (2021)

Morocco

Global potential distribution of three underappreciated arboviruses vectors (*Aedes japonicus*, *Aedes vexans* and *Aedes vittatus*) under current and future climate conditions.

Transboundary and Emerging Diseases

doi.org/10.1111/tbed.14404

8

PDFダウンロード



<https://gbif.jp/library/>

生物多様性情報の活用例を紹介

# GBIFサイエンスレビューとは？

GBIF

## 種分布モデリングにおけるソーシャルメディアと市民科学データの価値

5



Banded demoiselle - *Calopteryx splendens* (Harris, 1780) - observed in Rickmansworth, UK by Neil Shepherd (CC BY-NC 4.0)

**市民科学**

種のおカレンス  
16,395件

イギリス

さまざまな情報源からの生物多様性データを比較することで、ソーシャルメディアと市民科学がどちらも独自の情報を提供していることが明らかに。無視した場合、生息地適性を過小評価する可能性がある

市民科学や他の非伝統的なモニタリング情報源を通じて報告される種のおカレンスが增加中、このようなデータの質と有用性、そして従来の生物多様性情報源との比較を検証することは重要です。

英国におけるカワトンボ科の一種 (*Calopteryx splendens*) を例に、研究者たちは、種のおカレンスが情報源によってどのように異なるか、また、それらがどの程度補完的であるかを調査しました。研究チームは、GBIFとNational Biodiversity Network (NBN) Atlas、およびいくつかのソーシャルメディア・プラットフォームからデータを抽出し、合計17,831件のおカレンスを情報源のタイプに基づいて分類しました。

全体として、*C. splendens* について収集されたデータの約半分は、そのデータタイプに固有のものでした。それぞれの異なるソースからのデータを用いて構築された種分布モデルの性能は良好で、すべてのデータタイプでほぼ同様であり、平均気温と淡

水被覆率を重要な予測因子としていました。

従来の情報源に基づくモデルは、50,800km<sup>2</sup>のイギリスの生息適地を示しましたが、市民科学とソーシャルメディアからのデータは、それぞれ54,600km<sup>2</sup>と41,500km<sup>2</sup>の範囲を予測しました。これらのデータを組み合わせると、生息適地は57,600km<sup>2</sup>と推定されました。

この研究により、市民科学やソーシャルメディアから得られた生物多様性データだけに頼ることは理想的ではないかもしれませんが、種の分布分析からこれらの情報源を除外すると、生息適地の潜在的利用可能性を著しく過小評価する可能性があることが示されました。

O'Neill D, Häkkinen H, Neumann J, Shaffrey L, Cheffings C, Norris K, et al.

United Kingdom

Investigating the potential of social media and citizen science data to track changes in species' distributions

Ecology and Evolution

doi.org/10.1002/ece3.10063



12

和訳版

GBIF

## Value of social media and citizen science data in species distribution modelling

5



Banded demoiselle - *Calopteryx splendens* (Harris, 1780) - observed in Rickmansworth, UK by Neil Shepherd (CC BY-NC 4.0)

**CITIZEN SCIENCE**

16,395 SPECIES OCCURRENCES

United Kingdom

They extracted data from GBIF and the National Biodiversity Network (NBN) Atlas as well as several social media platforms, categorizing a total of 17,831 occurrence records based on their type of source.

Overall, roughly half of the data collected on *C. splendens* was unique to its data type. The performance of species distribution models implemented with data from each different source was good and broadly similar across all data types, all having mean temperature and freshwater cover as important predictors.

The model based on traditional sources suggested 50,800 km<sup>2</sup> of suitable UK habitat, whereas data from citizen science and social media predict ranges of 54,600 km<sup>2</sup> and 41,500 km<sup>2</sup>, respectively. The combined data produced an estimate of 57,600 km<sup>2</sup> suitable habitat.

The study showed that while relying on biodiversity data derived from citizen science or social media alone might not be ideal, excluding these sources from analyses of species distributions may significantly underestimate the potential availability of suitable habitat.

Comparing biodiversity data from various sources, study shows that social media and citizen science both contribute unique information; if ignored, results may underestimate habitat suitability

With the increase in species occurrences reported through citizen science and other non-traditional monitoring sources, it is important to examine the quality and usefulness of such data and how it compares to traditional sources of biodiversity information.

Using the example of banded demoiselle (*Calopteryx splendens*) in the United Kingdom, researchers investigated how species occurrences vary between sources, and the extent they might be complimentary.

O'Neill D, Häkkinen H, Neumann J, Shaffrey L, Cheffings C, Norris K, et al.

United Kingdom

Investigating the potential of social media and citizen science data to track changes in species' distributions

Ecology and Evolution

doi.org/10.1002/ece3.10063



17

オリジナル版 (英語版)

英語版をJBIF事務局で和訳

# GBIFサイエンスレビューとは？

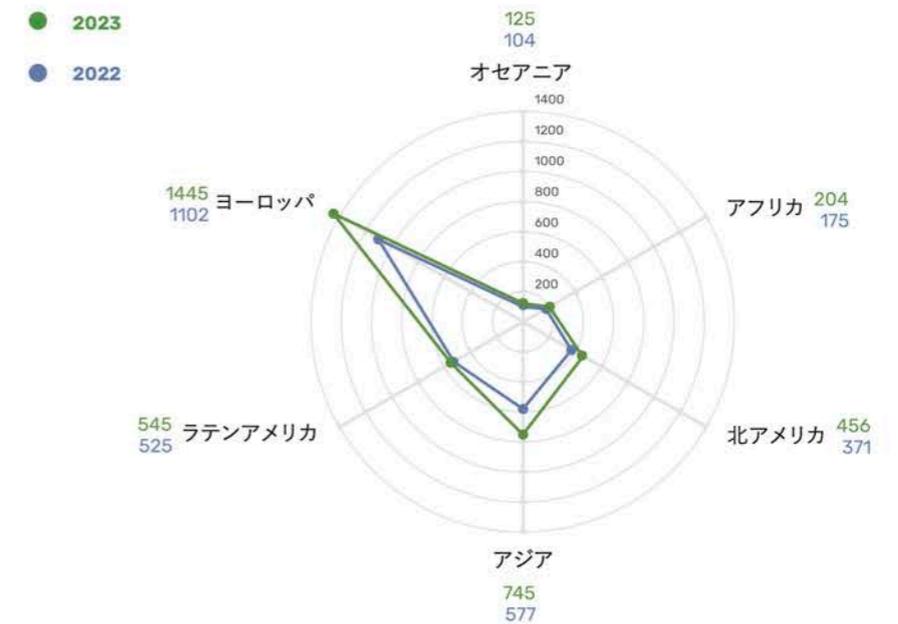
## 利用例とその傾向

GBIF上で公開しているデータの利用を可視化すると、査読付き論文の数が毎年増加していることが明らかになりました。下のグラフの重ね表示では、著者らによるDOIに基づく引用の増加が強調されています。これは、データの来歴と科学的な透明性を維持するために重要な取り組みです。右のグラフは、研究者が研究にデータを利用している機関の地理的分布が拡大していることを表しています。それぞれの傾向は、GBIFの影響力の広がりや科学研究へのインパクトを強調しています。

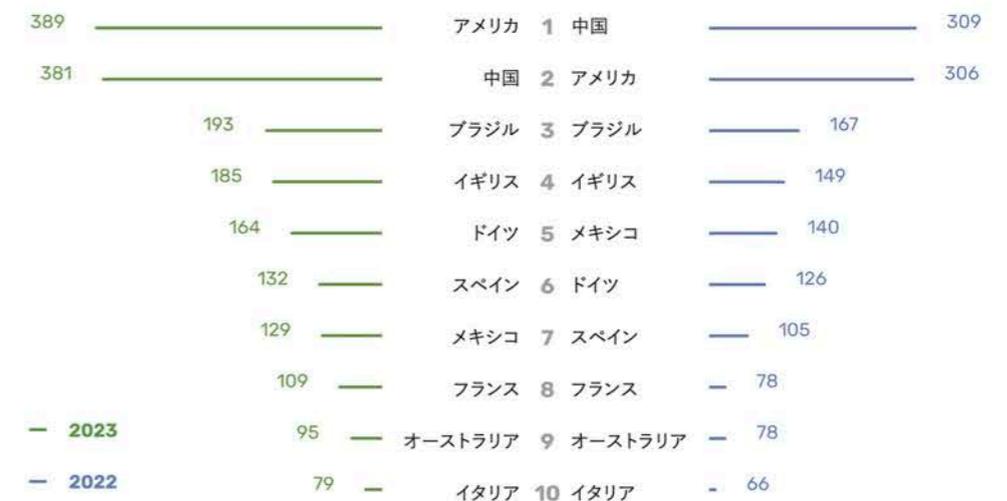
### GBIF公開データを使用した年間査読付き論文数



### 地域別の査読付き論文数



### Peer-reviewed uses by country



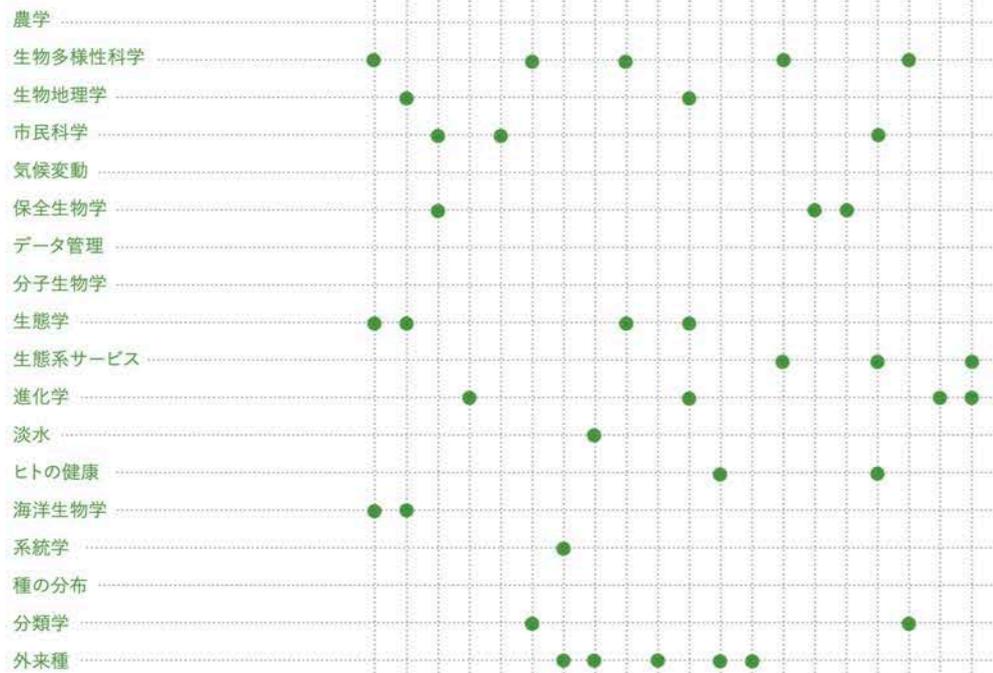
# GBIFサイエンスレビューとは？

## ナビゲーション

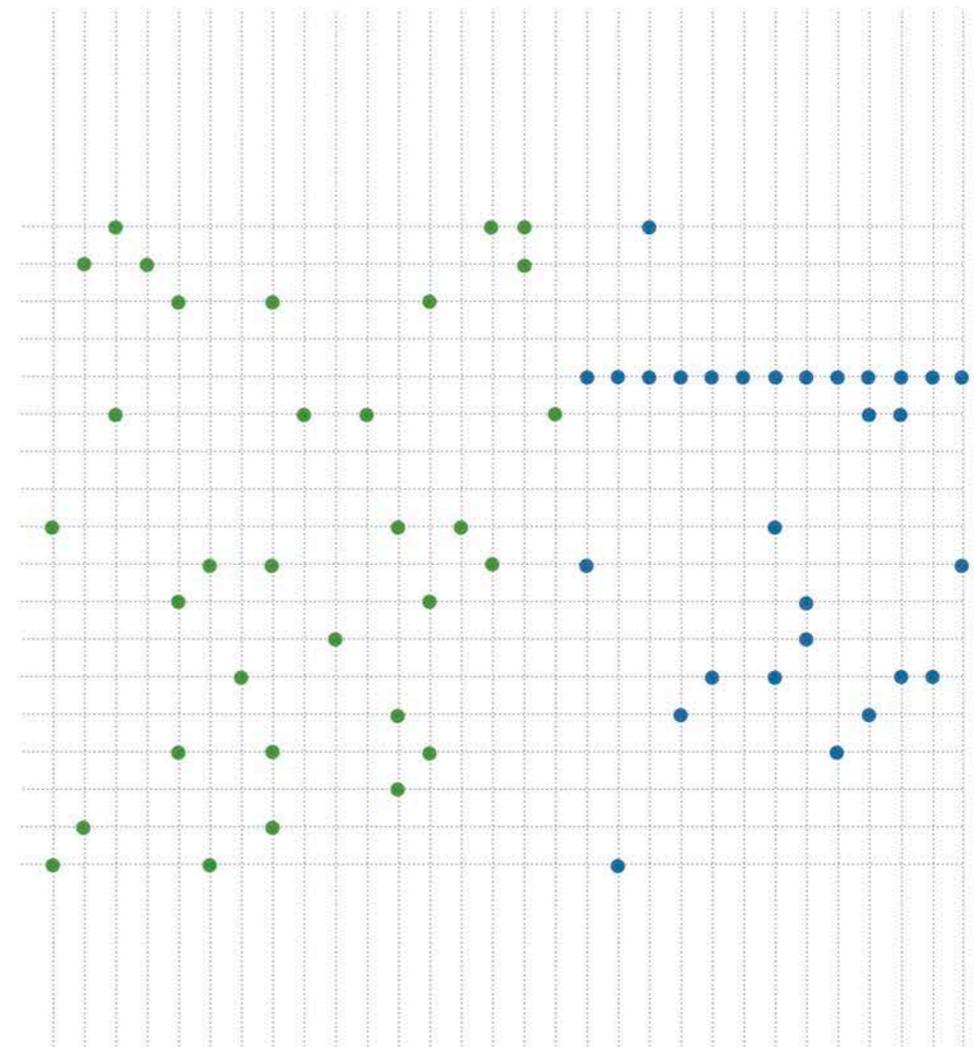
概要番号



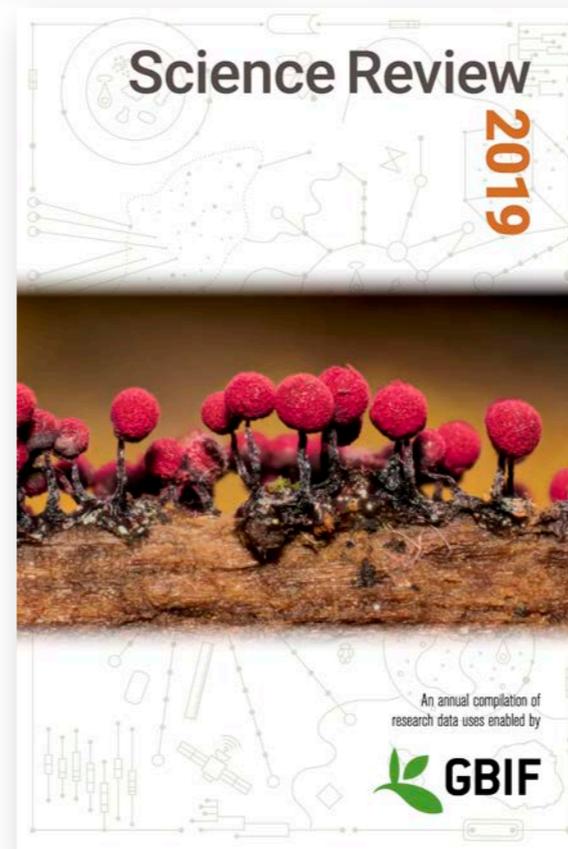
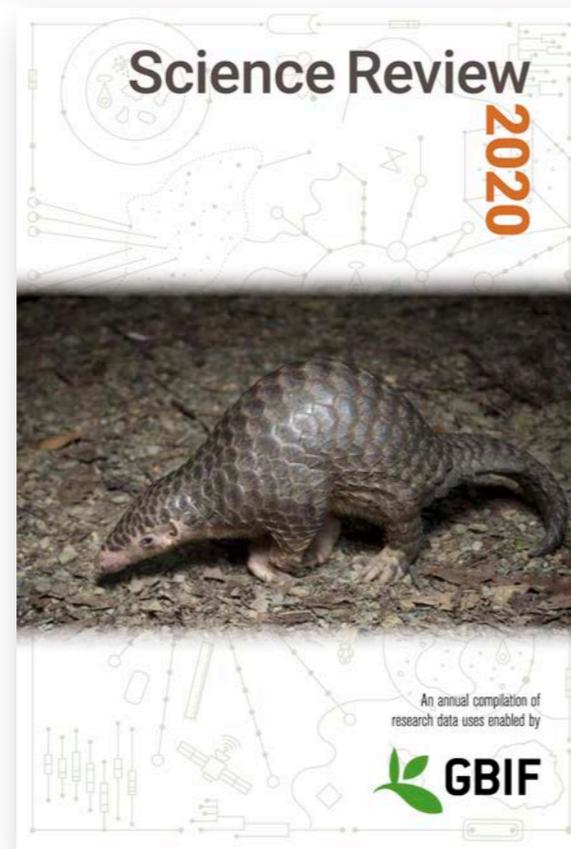
トピック



ページ番号



# 過去のサイエンスレビュー



PDFダウンロード



<https://gbif.jp/library/>

# GBIFサイエンスレビューの 入手方法

# 日本生物多様性情報イニシアチブ (JBIF)

<https://gbif.jp/>



[よくあるご質問](#) [お問い合わせ](#)

サイト内検索

Japanese | English

[ホーム](#) [概要](#) [GBIFデータ利用](#) [GBIFへのデータ登録](#) [サービス](#) [活動](#) [ライブラリー](#)



ホーム



## JBIFは 生物多様性情報の世界への発信や国内での普及活動に取り組んでいます

GBIFは、インターネットを通じて世界の生物多様性に関するデータを共有し、誰でも自由にアクセスできる仕組みを提供しています。生物多様性情報の蓄積により、生物の分布や変化を可視化することができ、学術研究のみならず、環境政策の意思決定にも幅広く活用されています。

日本生物多様性情報イニシアチブ\* (JBIF) は、全国の博物館の標本情報や、行政・研究機関による国内で収集された観測データを中心に、日本の生物多様性に関する情報をGBIFを通じて世界に発信しています。また普及活動や、他分野との連携にも力を入れています。

\* 旧GBIF日本ノード

📅 新着情報

[一覧はこちら](#)

📅 2025年06月06日

✓ 第45回標本情報の発信に関する研究会が開催されます

📅 2025年04月01日

🏠 イベント情報



S-Netでつな  
の実際とエキ

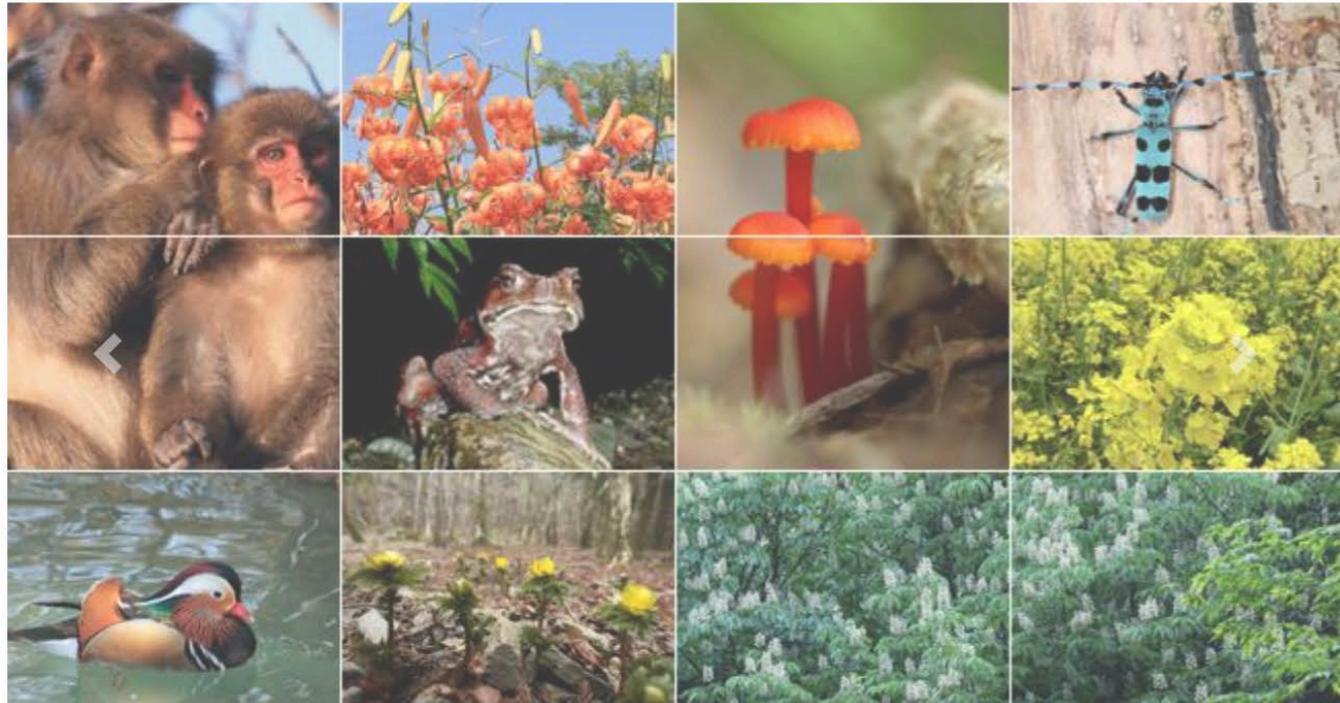
第45回自然史標  
発信に関する研



# 日本生物多様性情報イニシアチブ (JBIF)

<https://gbif.jp/>

ホーム



## JBIFは 生物多様性情報の世界への発信や国内での普及活動に取り組んでいます

GBIFは、インターネットを通じて世界の生物多様性に関するデータを共有し、誰でも自由にアクセスできる仕組みを提供しています。生物多様性情報の蓄積により、生物の分布や変化を可視化することができ、学術研究のみならず、環境政策の意思決定にも幅広く活用されています。

日本生物多様性情報イニシアチブ\* (JBIF) は、全国の博物館の標本情報や、行政・研究機関による国内で収集された観測データを中心に、日本の生物多様性に関する情報をGBIFを通じて世界に発信しています。また普及活動や、他分野との連携にも力を入れています。

\* 旧GBIF日本ノード

### 📅 新着情報

[一覧はこちら](#)

📅 2025年06月06日

✓ 第45回標本情報の発信に関する研究会が開催されます

📅 2025年04月01日

### 🏠 イベント情報



S-Netでつな  
の実際とエキ

第45回自然史標  
発信に関する研



# 日本生物多様性情報イニシアチブ (JBIF)

<https://gbif.jp/>

## サイエンスレビュー (GBIFデータを用いた研究論文の紹介)

- [GBIF Science Review](#) 
- [GBIF Science Review No. 11](#) 
  -  英語版
  -  和訳版
- [GBIF Science Review No. 10](#) 
  -  英語版
  -  和訳版
- [GBIF Science Review 2021](#) 
  -  英語版
  -  和訳版
- [GBIF Science Review 2020](#) 
  -  英語版
  -  和訳版
- [GBIF Science Review 2019](#)
  -  英語版
  -  和訳版
- [GBIF Science Review 2018](#)
  -  英語版
- [GBIF Science Review 2017](#)
  -  英語版
- [GBIF Science Review Sourcebook 2017](#)
  - 



<https://gbif.jp/library/>

# Science Review

*GBIF's annual compilation of peer-reviewed papers that use data published through GBIF's global infrastructure in scientific research.*



Volcano hummingbird (*Selasphorus flammula*). Photo by Andy Jones via [iNaturalist research-grade observations](#), licensed under [CC BY-NC 4.0](#).

The GBIF *Science Review* provides an annual snapshot of [key research uses](#) drawn from the Secretariat's [literature tracking programme](#). The peer-reviewed articles summarized in *Review* offer a partial but instructive view of the wide range of research investigations that are enhanced and supported by free and open access to biodiversity data from the GBIF network of [Participants](#), [nodes](#) and [publishers](#).



# GBIFサイエンスレビュー

S-NetやGBIFに提供した

**データ**の**活用例**がわかる

**研究**・**展示のヒント**を見つける

**実際に載っている研究例**

## 古代エジプト人を噛んだのは何か？



Boomslang - *Dispholidus typus* (Smith, 1828) - observed by julian\_descoubes (CC BY-NC 4.0)

気候変動

人の健康

生態学

種のおカレンス  
11,628件

エジプト



**古代の巻物と種の分布モデリングを組み合わせた研究により、古代エジプトには現在よりもはるかに多くの毒ヘビが生息していたことが示唆**

古代エジプト(紀元前600年~330年頃)の医学書『ブルックリン・パピルス』には、帝国内に生息する37種の毒ヘビについて、咬まれたときの影響、推奨される治療法、生存の可能性などの詳細が記されています。いくつかのヘビの正体は不明ですが、含まれているいくつかの種は現代のエジプトには生息していません。

これらのヘビの一部が生息域を移動させたのか、地域絶滅の可能性を探るため、本研究では種分布モデリングを用いて、現在と完新世中期のエジプトにおける気候適性を評価しました。

著者らは、GBIFが介するオカレンスと、気温と降雨量に関する生物気候データを用いて、現在のエジプトではオカレンスが確認されていないものの、同定が容易な10種の対象種の現在の潜在的分布をモデル化しました。適切な気候ニッチのモデルを用いて、古代エジプトにおける種の分布を完新世中期の気候に従ってマッピングしました。

その結果、現在ではサハラ以南のサバンナに限定

されている猛毒を持つ四牙のブームスラング(*Dispholidus typus*)を含む10種のうち9種が、古代エジプト国内に分布していることが予測されました。しかし、10番目の種*Causus rhombeatus*は、エジプト王国に適した気候が見られず、古代エジプト人の定期的な交易相手であった近隣地域に生息していました。

全体として、これらの発見は、現在のエジプトには生息していないにもかかわらず、これらの10種類のヘビが4,000年前のエジプト人を咬むために存在していた可能性を示唆しています。

McBride E, Winder IC, Wüster W

United Kingdom

What Bit the Ancient Egyptians? Niche Modelling to Identify the Snakes Described in the Brooklyn Medical Papyrus

Environmental Archaeology

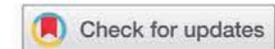
[doi.org/10.1080/14614103.2023.2266631](https://doi.org/10.1080/14614103.2023.2266631)

GBIF Science Review No. 11



# 古代エジプト人は何に噛まれたのか？ Brooklyn Medical Papyrusに記述された ヘビを特定するためのニッチモデリング

ENVIRONMENTAL ARCHAEOLOGY  
<https://doi.org/10.1080/14614103.2023.2266631>



## What Bit the Ancient Egyptians? Niche Modelling to Identify the Snakes Described in the Brooklyn Medical Papyrus

Elysha McBride , Isabelle C. Winder and Wolfgang Wüster

School of Natural Sciences, Bangor University, Bangor, UK

### ABSTRACT

The Brooklyn Papyrus is a medical treatise from Ancient Egypt (~660–330 BCE) focusing on snakebite. Herpetologists have proposed identifications for many of the animals it describes, but some remain uncertain partly because the species no longer live in Egypt. This paper uses niche modelling to predict the palaeodistributions of ten of these snake species, to test some proposed identifications. Occurrence records and environmental variables were used to generate maximum entropy models for each species in the present day and the mid-Holocene (~4,000 BCE). Our models performed very well, generating AUC scores  $\geq 0.867$  and successfully predicting species' current ranges. Nine species' predicted palaeodistributions included areas within Ancient Egypt, and four (*Bitis arietans*, *Dolichophis jugularis*, *Macrovipera lebetina* and *Daboia mauritanica*) were within modern Egypt. *Daboia palaestinae* was also predicted to occupy a patch of suitable habitat inside modern Egypt, but separate from the species' core range. The tenth species, *Causus rhombeatus*, would have been present in kingdoms that were the Ancient Egyptians' regular trading partners. We therefore conclude that all ten species modelled in this study could have bitten Ancient Egyptian people. Our study demonstrates the usefulness of niche modelling in informing debates about the species ancient cultures may have interacted with.

### ARTICLE HISTORY

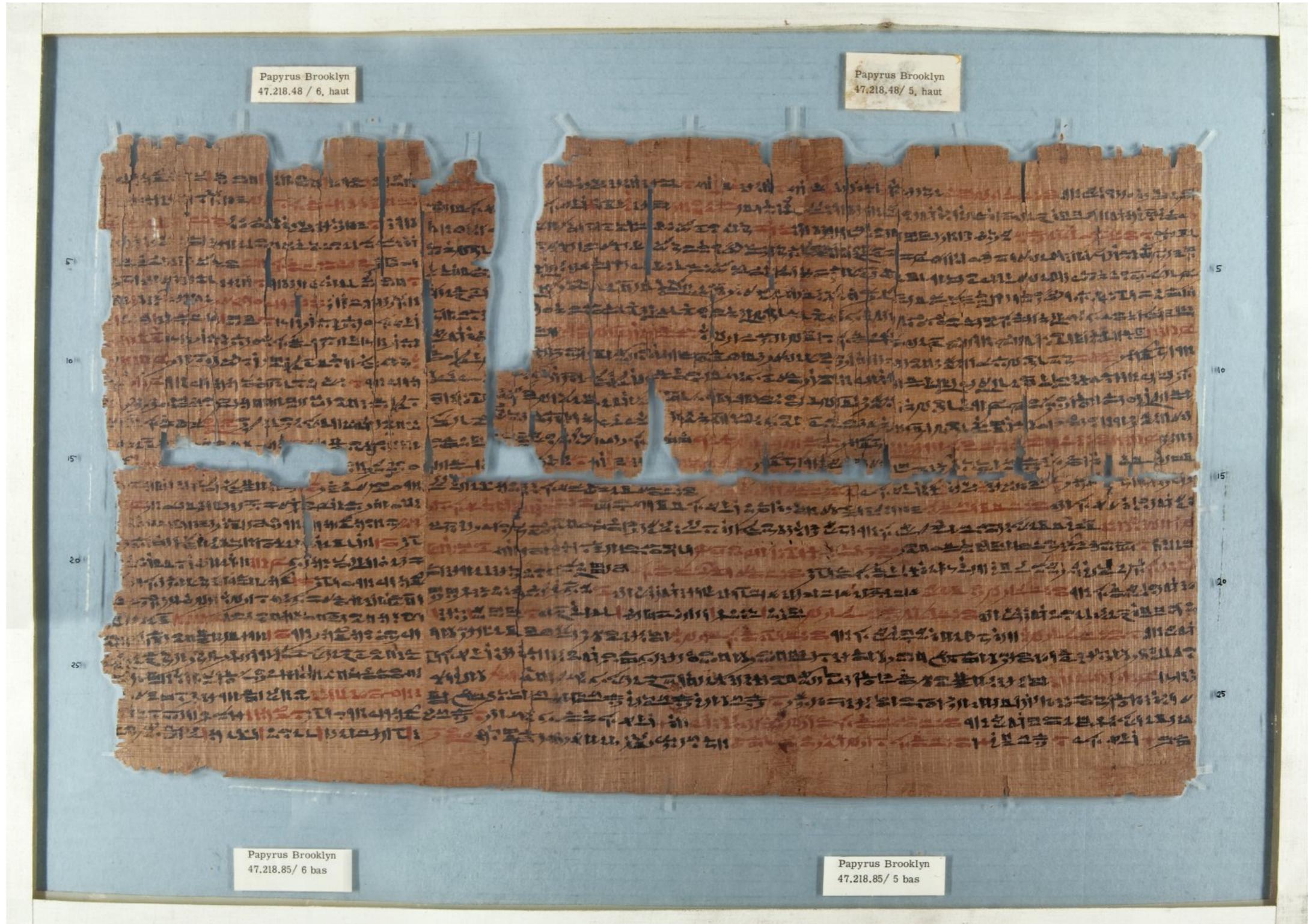
Received 21 December 2022  
Revised 27 September 2023  
Accepted 28 September 2023

### KEYWORDS

Ancient Egypt; snakes;  
Brooklyn Papyrus; MaxENT;  
niche modelling;  
palaeodistributions

# Brooklyn Papyrus

## 紀元前660-330年頃の医学書



# Brooklyn Papyrus

## 紀元前660-330年頃の医学書

Papyrus Brooklyn  
47.218.48 / 6, 11

### 37種の毒へびに関する

噛まれたときの症状・治療法・生存率

現代のエジプトに分布しない種が含まれる

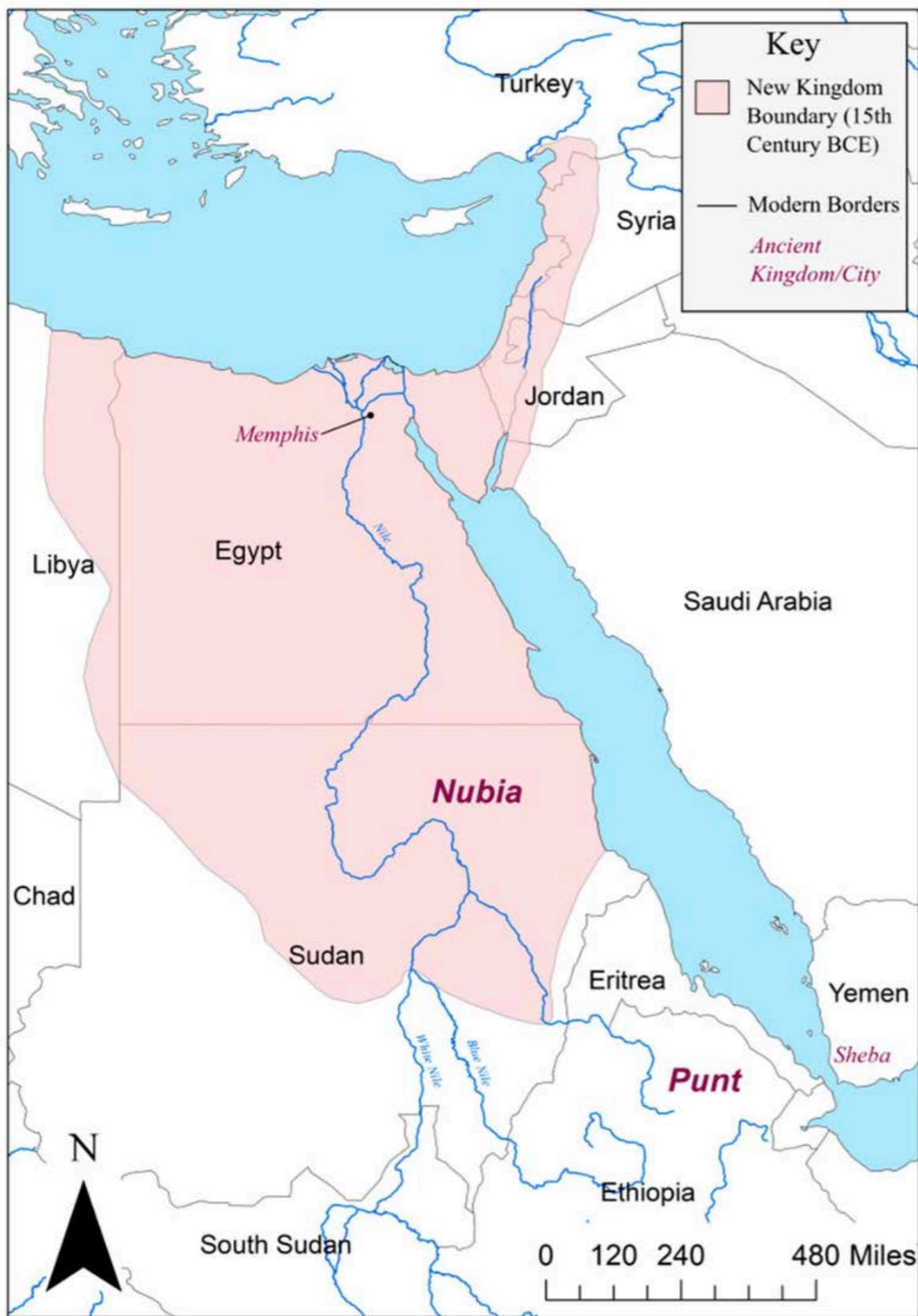
なぜ噛まれた記述が現存しているのか？

当時のエジプトには生息していた？

交易先で噛まれた？

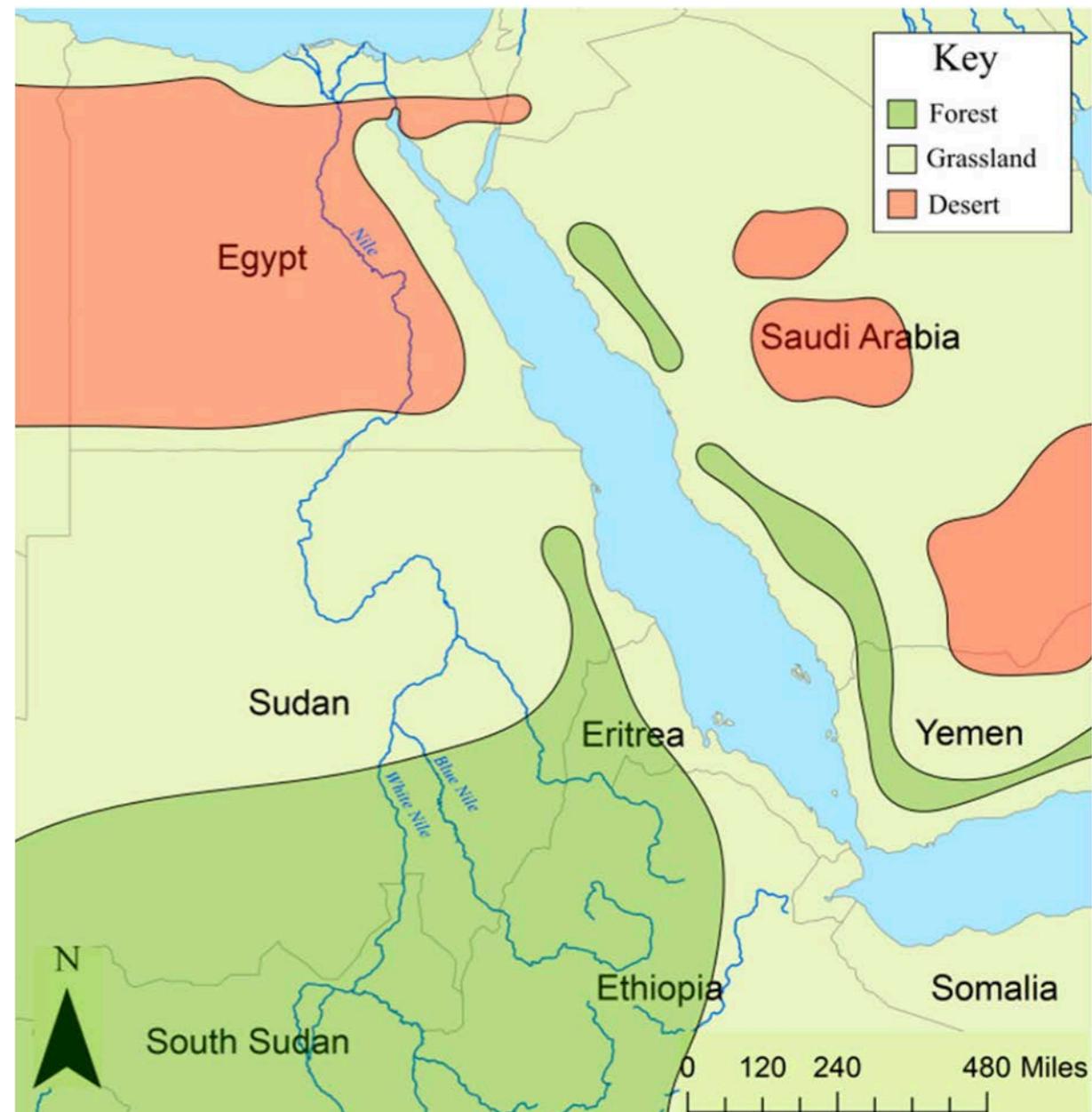
GBIFデータと気候データを用いて

古代エジプト時代のへびの分布を推定



## 古代エジプト王国の勢力範囲

現在のエジプト・スーダン北部・リビア東部



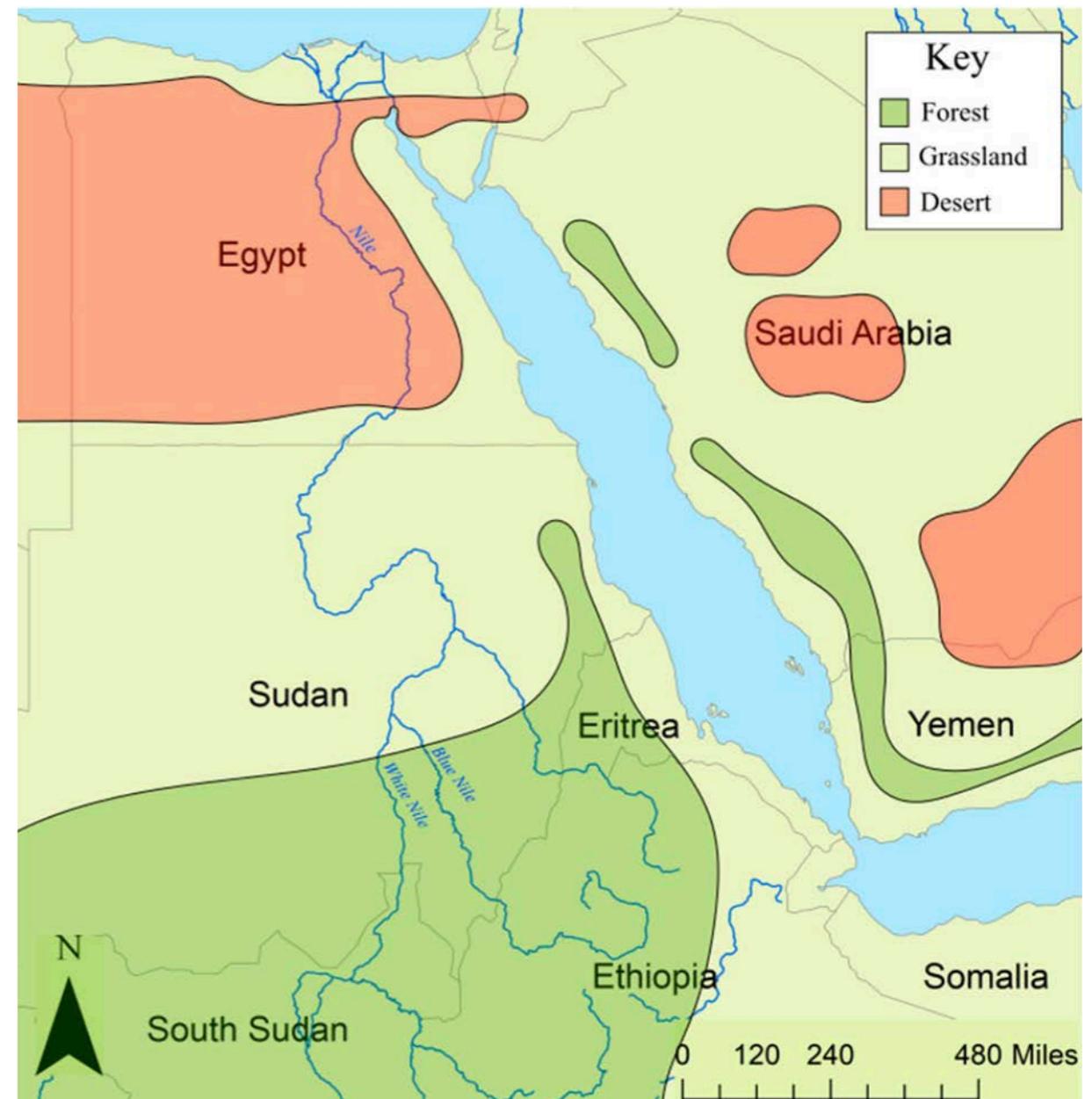
## 紀元前5000年ごろの植生

森・草地・砂漠

# 古代エジプトと現代の植生の違い



現在の航空写真  
©Google



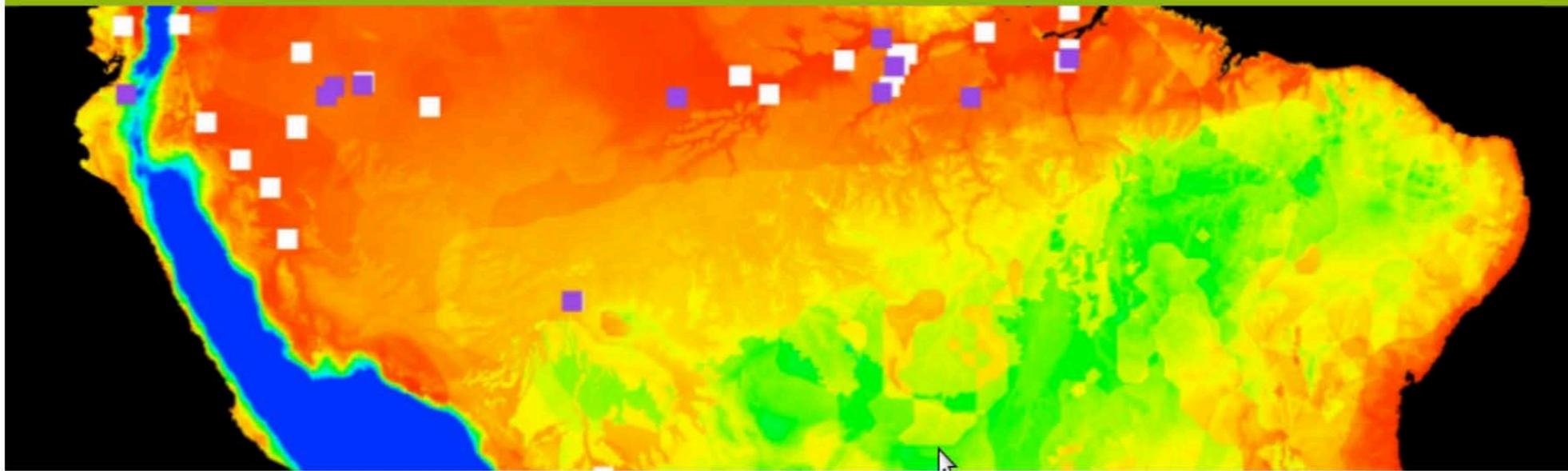
紀元前5000年ごろの植生  
森・草地・砂漠

# MaxEntを用いた生息適地推定

American Museum  
of Natural History

[Plan Your Visit](#) [Exhibitions](#) [Learn & Teach](#) [Explore](#) [Our Research](#) [Calendar](#) [Join & Support](#) [Shop](#)

Maxent software for modeling species niches and distributions



**Maxent is now open source!**

最大エントロピー法（機械学習の一種）

環境情報（降水量・気温・日照など）と**生息地情報**を  
組み合わせてその生物の生息に適した場所を推定

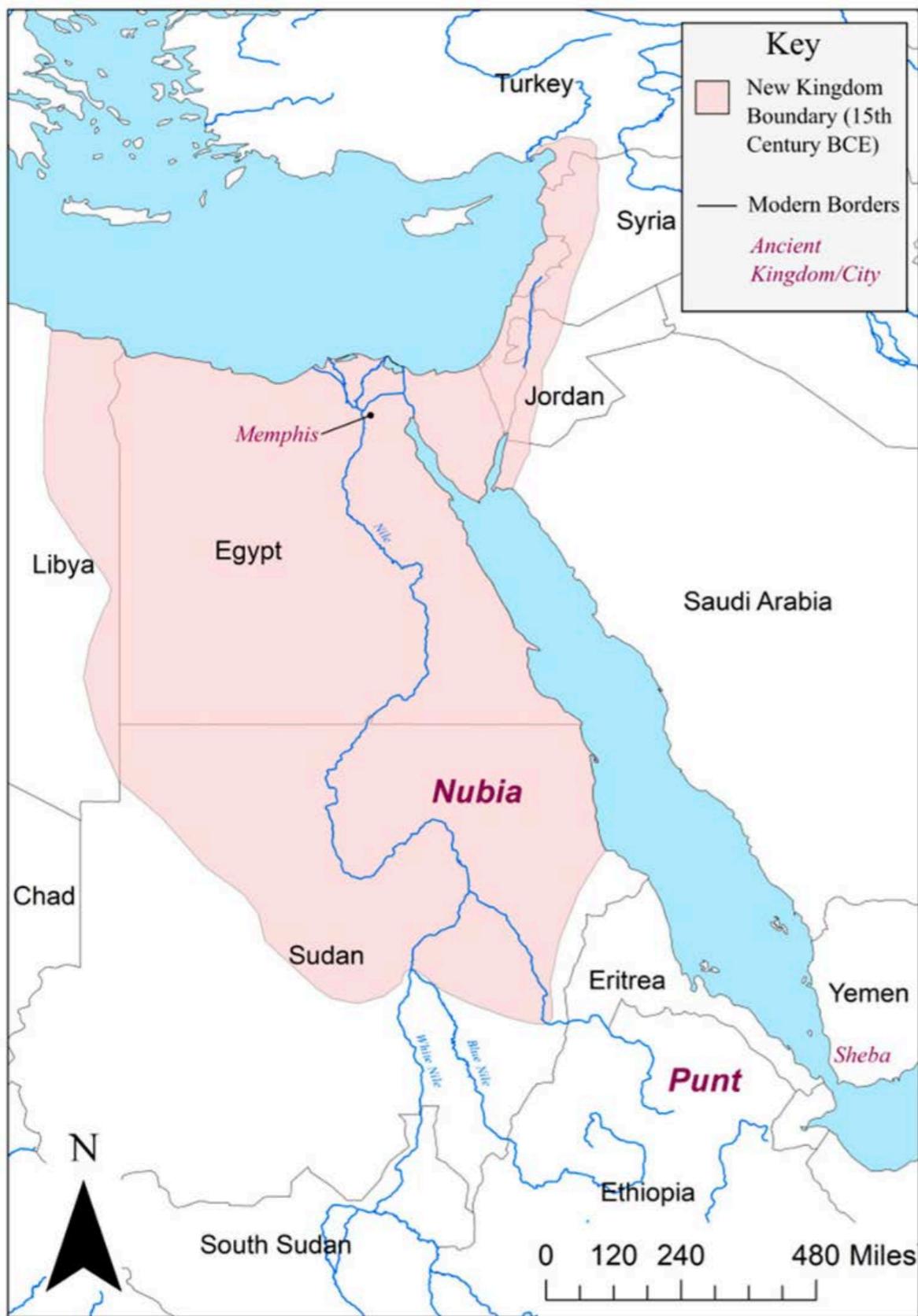


ブラックマンバ *Dendroaspis polylepis*



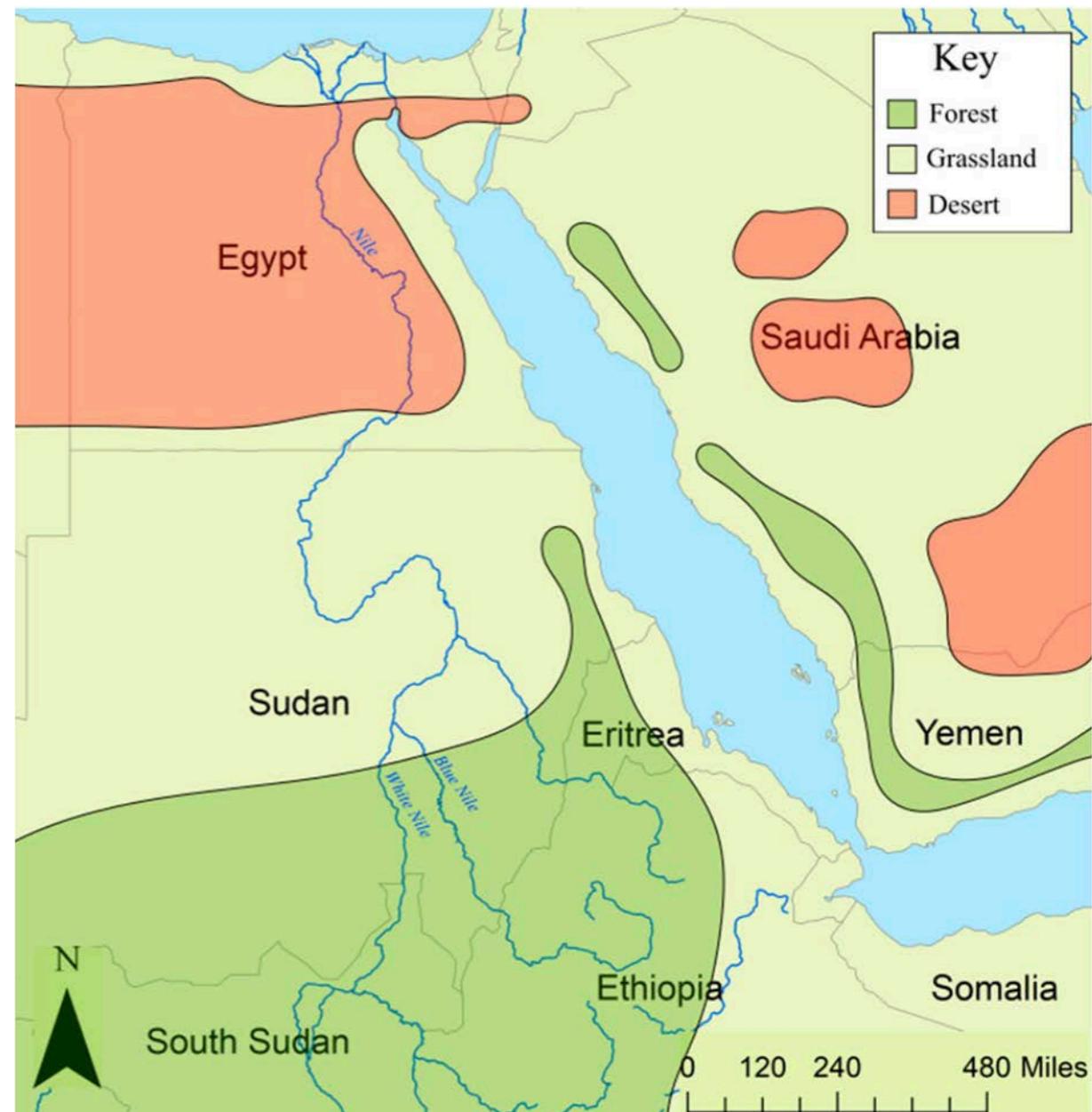
© thierry\_aebischer\_chinko (CC-BY-NC)

<https://www.inaturalist.org/observations/222129449>



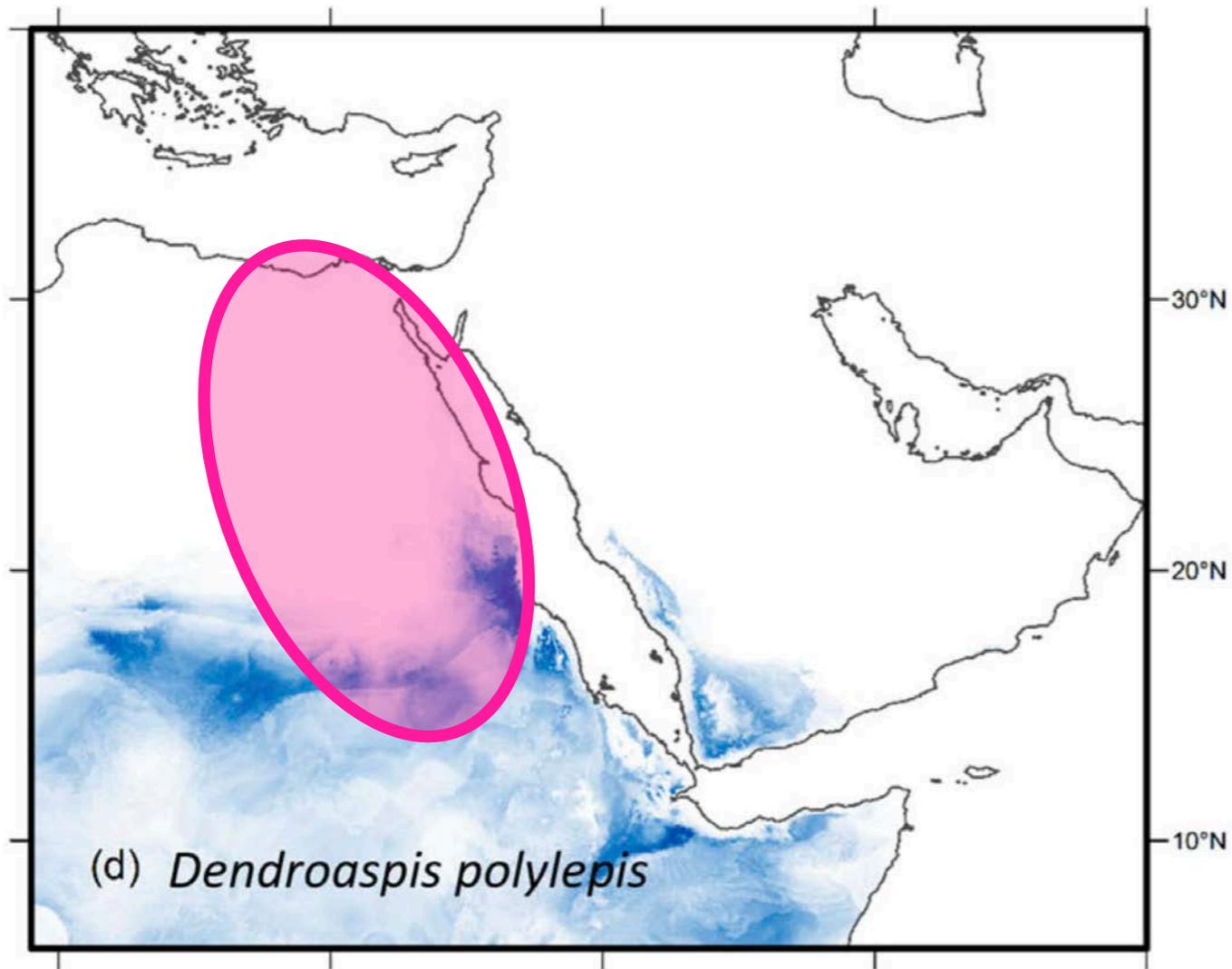
## 古代エジプト王国の勢力範囲

現在のエジプト・スーダン北部・リビア東部

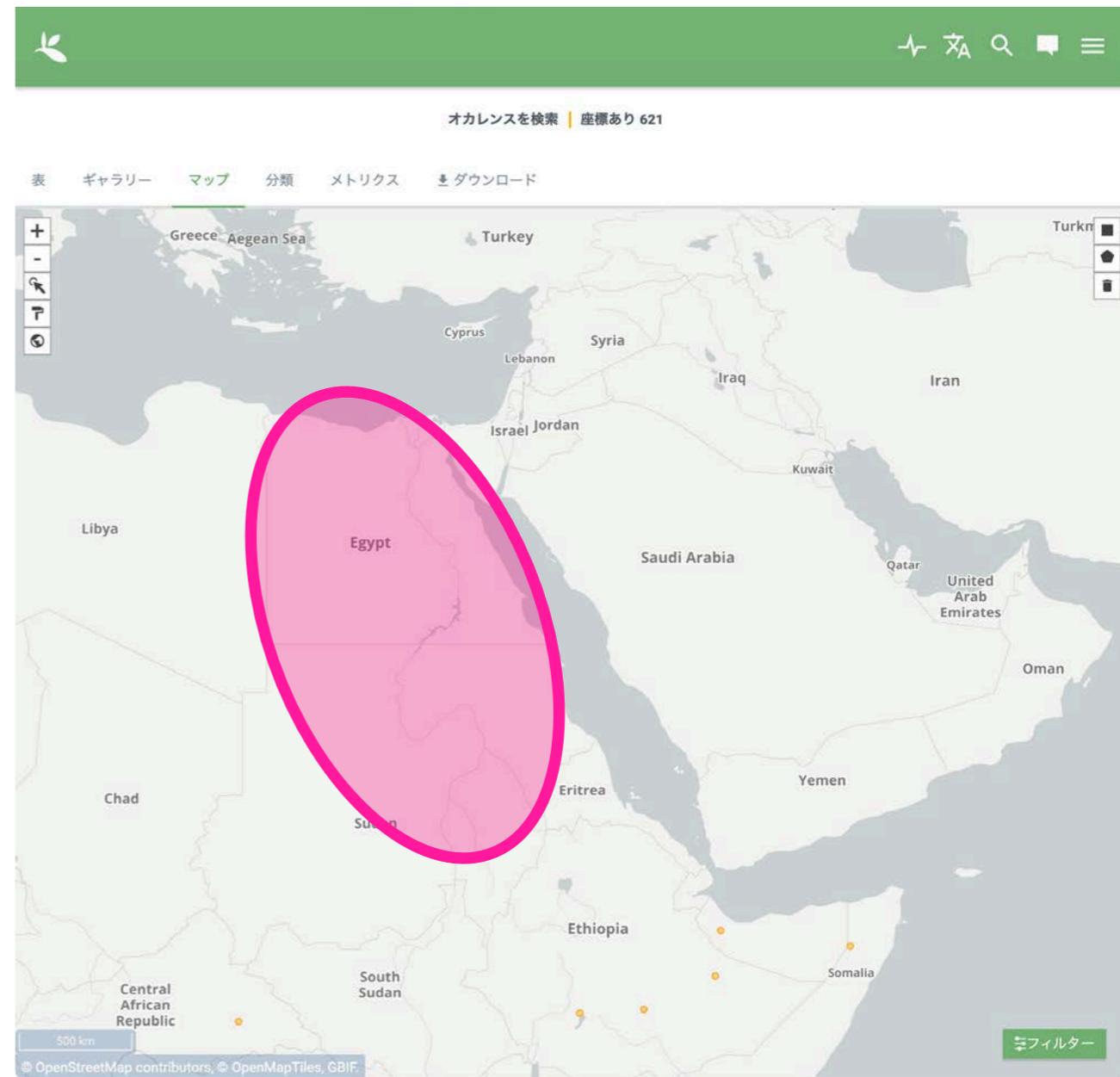


## 紀元前5000年ごろの植生

森・草地・砂漠

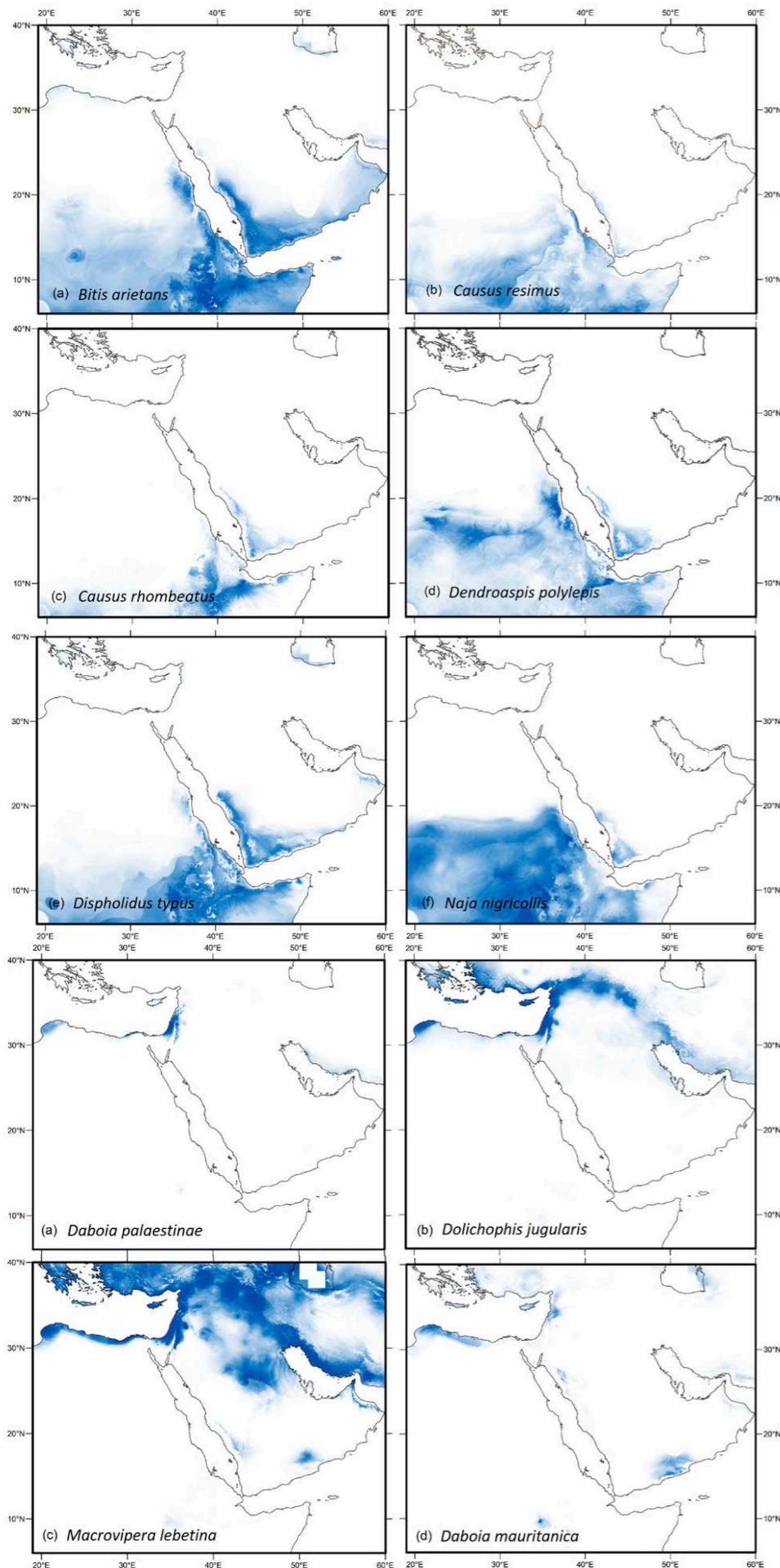


紀元前4000年ごろの生息適地



現在の生息場所 (GBIF)

古代エジプト王国には、現代のエジプトにいない  
ブラックマンバが生息していたかもしれない



候補となる毒ヘビ10種の分布(GBIF, iNat, 文献)

+

現代の気候データ (WorldClim)

↓

10種のヘビの生息適地モデルを作成

↓

生息適地モデル + 紀元前5000年の気候予測データ

↓

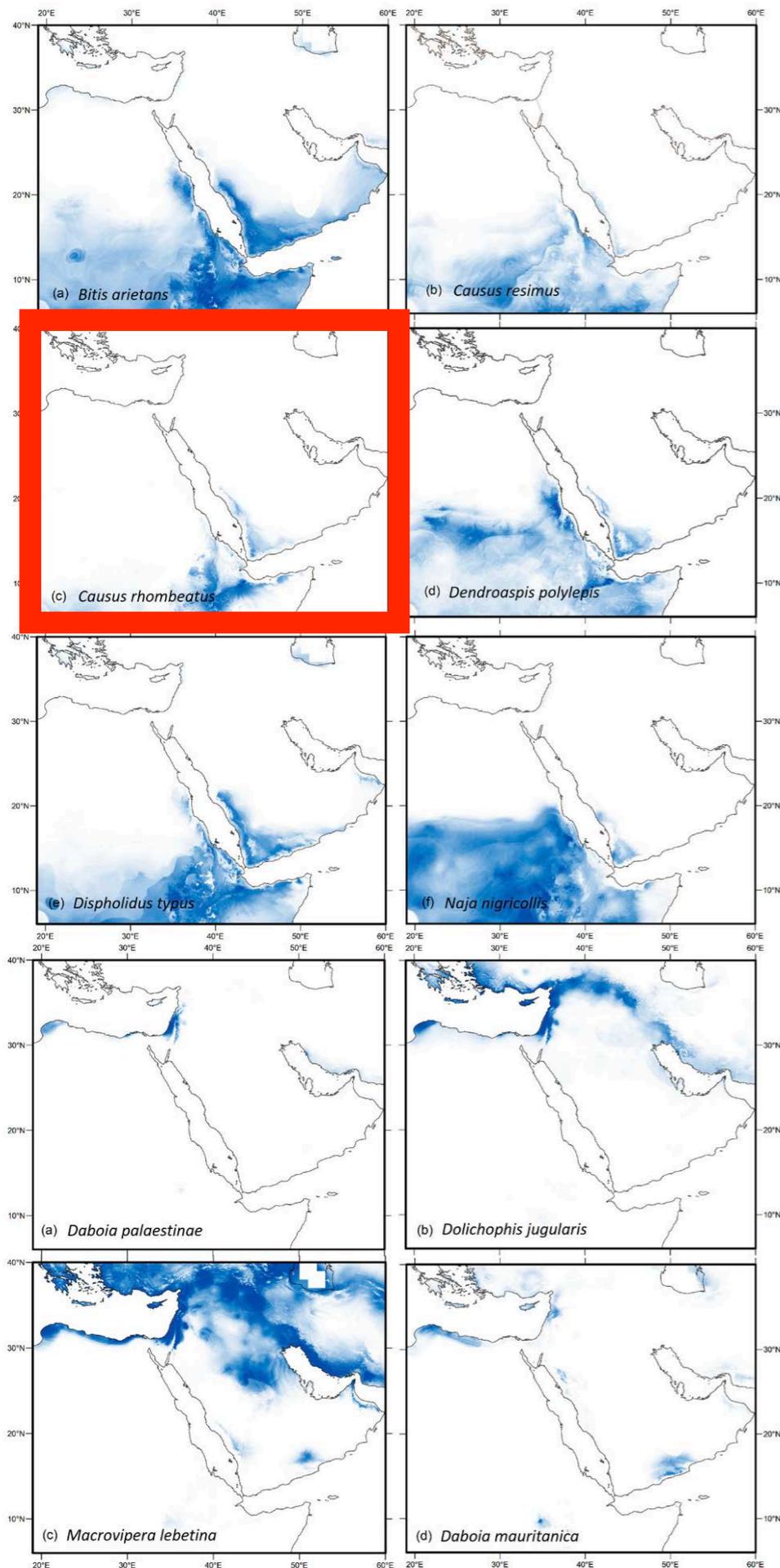
古代エジプト王国における毒ヘビ各種の分布を推定

結果

候補となった10種の毒ヘビのうち

9種はエジプト王国に分布していた

1種 (*Causus rhombeatus*) は交易先で噛まれた



候補となる毒ヘビ10種の分布(GBIF, iNat, 文献)

+

現代の気候データ (WorldClim)

↓

10種のヘビの生息適地モデルを作成

↓

生息適地モデル + 紀元前5000年の気候予測データ

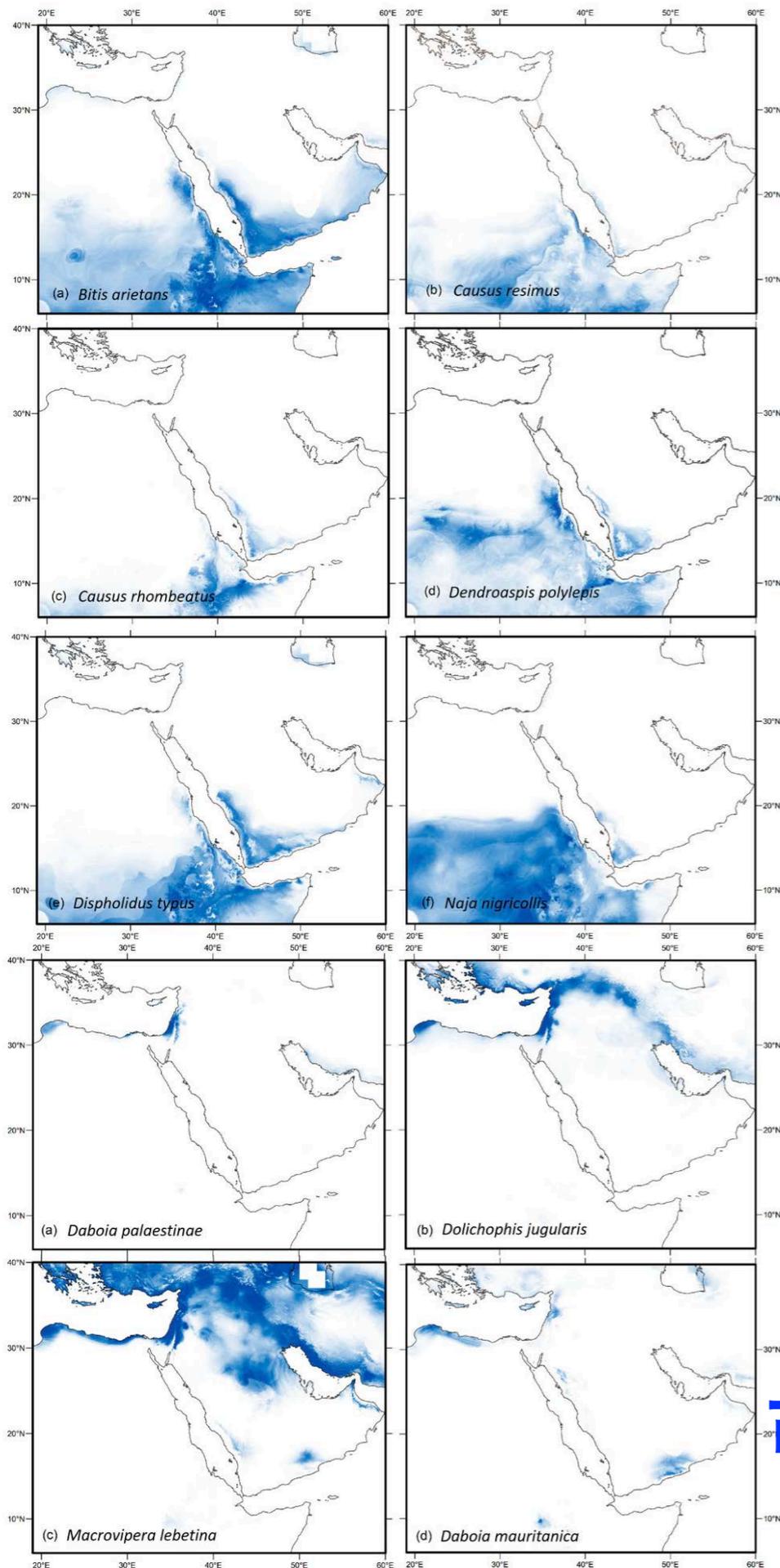
↓

古代エジプト王国における毒ヘビ各種の分布を推定

結果

候補となった10種の毒ヘビのうち  
9種はエジプト王国に分布していた

1種 (*Causus rhombeatus*) は交易先で噛まれた



候補となる毒ヘビ10種の分布(GBIF, iNat, 文献)

+

現代の気候データ (WorldClim)

↓

10種のヘビの生息適地モデルを作成

↓

生息適地モデル + 紀元前5000年の気候予測データ

↓

古代エジプト王国における毒ヘビ各種の分布を推定

結果

候補となった10種の毒ヘビのうち

9種はエジプト王国に分布していた

1種 (*Causus rhombeatus*) は交易先で噛まれた

**GBIFデータを使って生物の分布を推定できる**

**古い時代の分布も予測できる** (例えば万葉集に登場

する生物の分布変化も分かるかも?)

## シギダチョウ：卵の色を交配シグナルとして利用



Eggs of Tinamou species: *Eudromia elegans*, *Tinamus solitarius*, *Rhynchotus rufescens* and *Crypturellus tataupa*.  
Photos via iNaturalist by nicochimento, rawelly, DANIEL OSCAR MOLINA and Nicolas Olejnik (CC BY-NC 4.0)

### 進化学

種のオカレンス  
364,462件



### シギダチョウの卵の色、さえずりのパターン、生息地の間に進化的関連性があることが明らかになり、交配シグナル仮説の裏付けに

鳥類の色彩豊かな羽やさえずりは、しばしば配偶相手の合図、誘引、認識に役立ちます。カモフラージュに適應したシギダチョウ目 (Tinamiformes) は、特別にカラフルな鳥ではありません。しかし、現存する48種は、非常に豊富なカラーバリエーションの卵を産みます。

本研究の研究者たちは、シギダチョウ類の卵の色彩は誘引と認識のための交配シグナルとして機能していると提唱しました。この仮説の裏付けとして、彼らは卵の色がさえずりと共進化し、その形質が地域の生息地に多様に適應し、生息地を共有しさえずりのパターンが似ている種は卵の色も異なるはずだと予測しました。

研究チームは、市民科学者から寄せられた巣の写真と博物館の標本記録を用いて、卵の色をRGB色空間で定量化し、先行研究からさえずりのデータを入手し、4つの変数で周波数と帯域幅を定量化しました。祖先の同所性 (祖先が同じ地域に生息する種) の可能性を判断するため、GBIFを介したオカレンスをエコリージョンに分類して使用しま

した。

統計的検定により、著者らは、卵の色が感覚駆動形質としてさえずりとともに進化したことを裏付ける有意な関連性を発見しました。また、祖先の同所性が高く、さえずりのパターンが似ている種は、卵の色が異なる傾向にあることも示されました。全体として、これらの発見は、卵の色がシギダチョウの交配シグナルとして働くという仮説を強く支持するものでした。

Li Q, Chen D, Wang S.

United States, China

Character displacement of egg colors during tinamou speciation

Evolution

[doi.org/10.1093/evolut/qpaa085](https://doi.org/10.1093/evolut/qpaa085)

GBIF Science Review No. 11



# シギダチヨウの種分化における卵の色の特徴的変化

*Evolution*, 2023, **77**(8), 1874–1881

<https://doi.org/10.1093/evolut/qpad085>

Advance access publication 14 May 2023

**Brief Communication**

OXFORD

## Character displacement of egg colors during tinamou speciation

Qin Li<sup>1,2</sup>, Dahong Chen<sup>3</sup>, Silu Wang<sup>1</sup> 

<sup>1</sup>School of Ecological and Environmental Sciences, East China Normal University, Shanghai 200241, China

<sup>2</sup>Department of Science and Education, Field Museum of Natural History, Chicago, IL, United States

<sup>3</sup>Nuclear Organization and Gene Expression Section, Laboratory of Biochemistry and Genetics, National Institute of Diabetes and Digestive and Kidney Diseases, National Institutes of Health, 9000 Rockville Pike, Bethesda, MD 20892, USA

Corresponding author: 1874 East Mall Vancouver, BC V6T 1Z1, Canada. Email: [siluwang.biodiv@gmail.com](mailto:siluwang.biodiv@gmail.com)

### Abstract

The divergence of reproductive traits frequently underpins the evolution of reproductive isolation. Here we investigated whether tinamou (Tinamidae) egg colorations function as mating signals that diverged as character displacement (mating signal character displacement hypothesis). We tested three evolutionary predictions behind the hypothesis: (a) egg colors coevolve with known mating signals; (b) signal divergence is associated with divergent habitat adaptation; and (c) sympatric tinamou species with similar songs have different egg colors as character displacement during speciation. We found support for all three predictions. In particular, egg colors coevolved with songs; songs and egg colors coevolved with habitat partitioning; and tinamou species that were likely sympatric with similar songs tended to have different egg colors. In conclusion, the mating signal character displacement hypothesis is well supported in which egg colors serve as mating signals that undergo character displacement during tinamou speciation.

**Keywords:** character displacement, egg color, Tinamou, speciation, mating signal, coevolution, song

### Introduction

Reproductive trait divergence is crucial for speciation because reproductive traits frequently form barriers of gene flow at the

The “mating signal hypothesis” effectively explains the egg color brightness within species but does not fully explain the divergence of egg colors among tinamou species. We further

# シギダチヨウ目 Tinamiformes

## 中南米に生息する比較的地味なほぼ飛べない鳥

Get data How-to Tools Community About

SEARCH OCCURRENCES | 8,553 WITH IMAGES

TABLE GALLERY MAP TAXONOMY METRICS DOWNLOAD

Search all fields

Simple filters All filters

Occurrence status 1

Licence

Scientific name

Tinamiformes

Basis of record

Year

Month

Location

Administrative areas (gadm.org)

Country or area

Continent

Dataset

Publisher

IUCN Global Red List Category

Issues and flags

Tinamus major (J.F.Gmelin, 1789)

Eudromia elegans | Geoffroy Saint-Hilaire, 1832

Nothoprocta cinerascens (Burmeister, 1860)

Crypturellus soui (Hermann, 1783)

Crypturellus obsoletus (Temminck, 1815)

Nothoprocta perdicaria (Kittlitz, 1830)

Crypturellus soui (Hermann, 1783)

Nothocercus bonapartei (G.R.Gray, 1867)

Nothoprocta pentlandii (G.R.Gray, 1867)

Tinamus major (J.F.Gmelin, 1789)

Crypturellus undulatus (Temminck, 1815)

Crypturellus cinereus (J.F.Gmelin, 1789)

Tinamus major (J.F.Gmelin, 1789)

Nothura maculosa (Temminck, 1815)

Nothoprocta perdicaria (Kittlitz, 1830)

Nothura maculosa (Temminck, 1815)

Nothoprocta cinerascens (Burmeister, 1860)

Tinamus major

Nothocercus bonapartei (G.R.Gray, 1867)

<https://www.gbif.org/occurrence/5063078844>

# シギダチヨウ目 Tinamiformes

中南米に生息する**比較的地味な**ほぼ飛べない鳥



Eggs of Tinamou species: *Eudromia elegans*, *Tinamus solitarius*, *Rhynchotus rufescens* and *Crypturellus tataupa*.  
Photos via iNaturalist by [nicochimento](#), [rawelly](#), [DANIEL OSCAR MOLINA](#) and [Nicolas Olejnik](#) (CC BY-NC 4.0)

**種間で卵の色彩が大きく異なる**  
なぜ多様な色の卵を持つようになったのか？

# シギダチヨウ卵の多様な色を説明する仮説

- **警戒色**

→捕食者は視覚より嗅覚に依存しており×

- **交尾シグナル仮説**

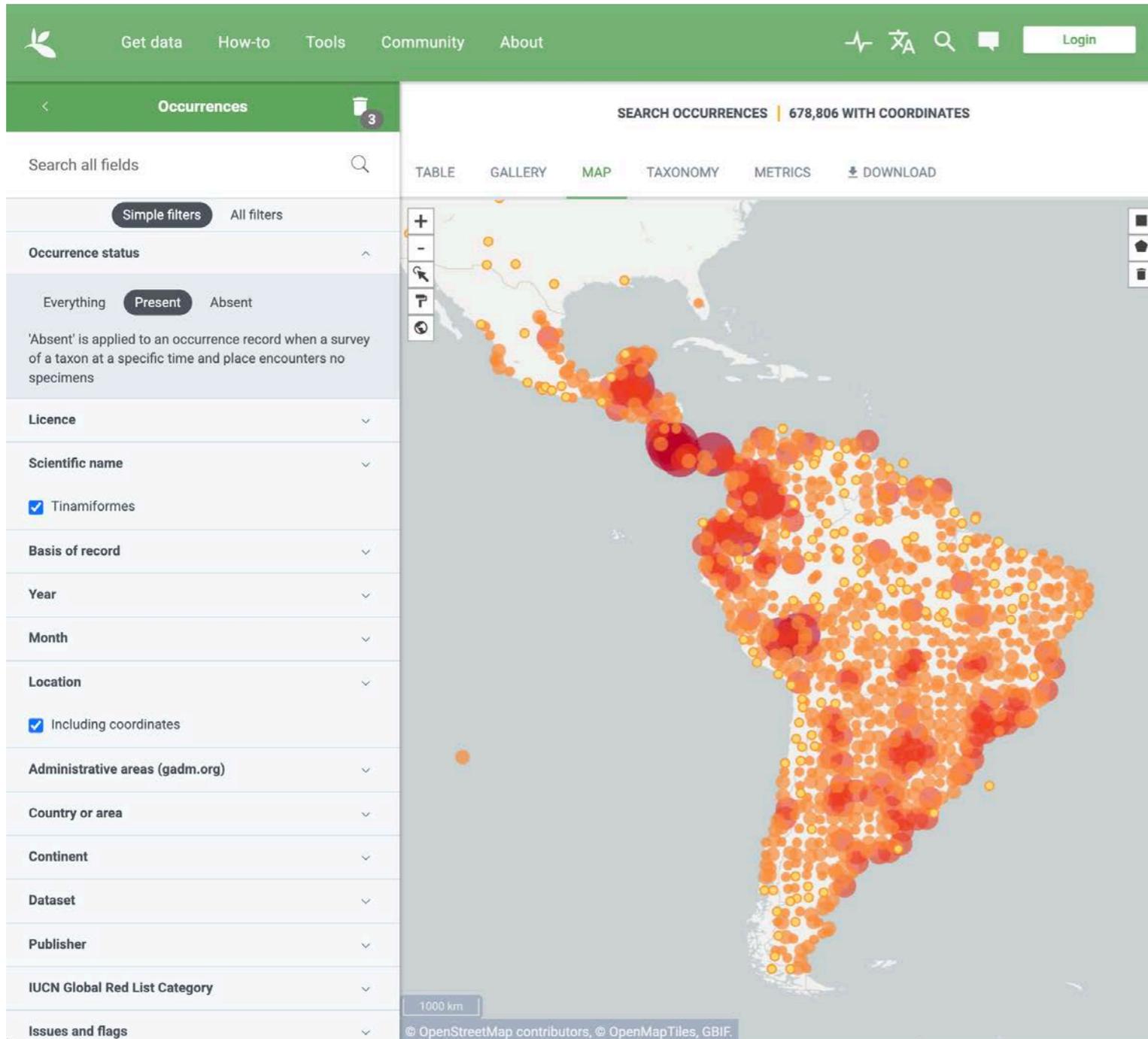
→シギダチヨウはオスが複数のメスの卵を抱卵。卵の色はオスの育児意欲の刺激に寄与？

## 本研究

**卵の色が交尾相手認識や種間交雑回避に寄与しているのでは？**

# 卵の色が交尾相手認識や種間交雑回避に 寄与しているのでは？

- 卵の色はさえずりと共進化している？
- 卵の色やさえずりは生息環境に応じて分化している？
- さえずりが似ている種ほど卵の色は異なる？

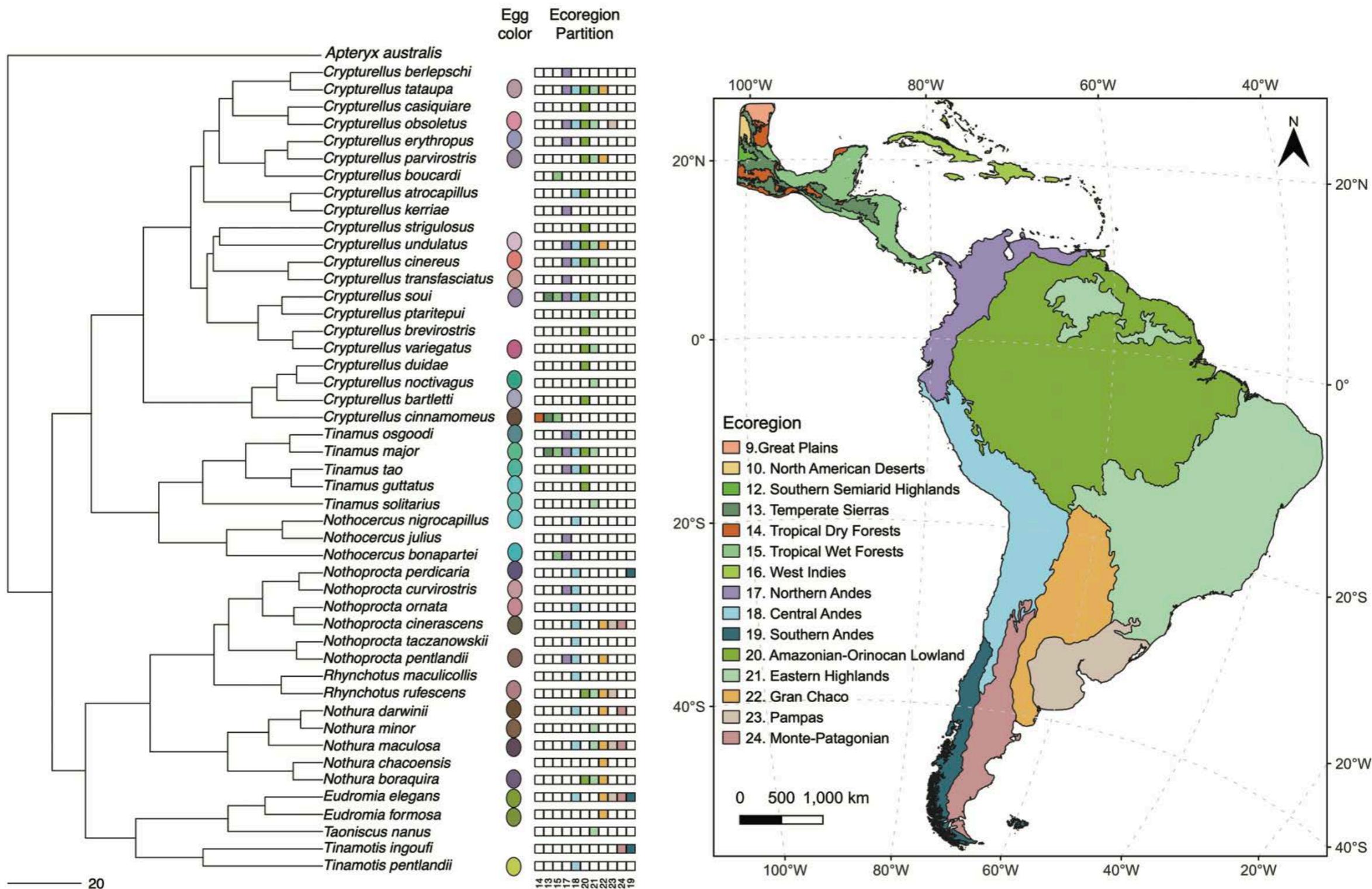


## GBIFデータの活用

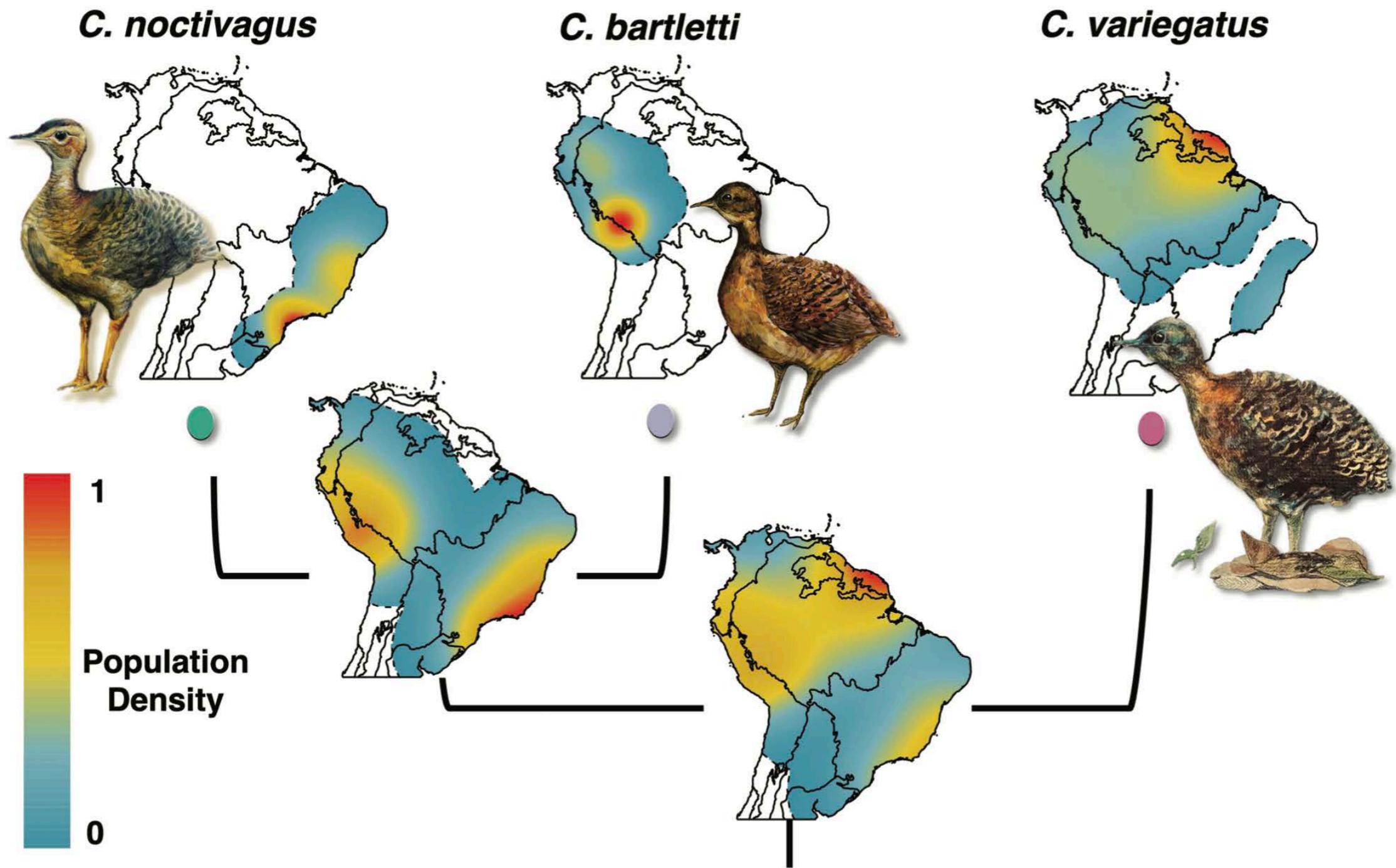
卵の色（**博物館標本**・iNat）  
生息場所（GBIFオカレンス）  
→生息場所の重複も調査

**GBIFの大規模データ  
だからこそできる研究！**

# シギダチヨウ各種の系統・卵色・生息環境



種名 ↑ 卵色・生息環境



近縁で生息環境が重複する種ほど  
卵の色が異なる  
→生殖隔離に寄与している

# 卵の色が交尾相手認識や種間交雑回避に 寄与しているのでは？

- 卵の色はさえずりと共進化している？

→ 相関していた

- 卵の色やさえずりは生息環境に応じて分化している？

→ 開放環境では暖色傾向、森林では多様な色彩

- さえずりが似ている種ほど卵の色は異なる？

→ 同じニッチを共有する近縁種同士では卵の色の差異が大きい

→ **卵の色が種間交雑を防ぐ役割を持つ可能性**を支持

# GBIFサイエンスレビューを ぜひご利用ください！

GBIF

## 種分布モデリングにおけるソーシャルメディアと 市民科学データの価値

5



Banded demoiselle - *Calopteryx splendens* (Harris, 1780) - observed in Rickmansworth, UK by Neil Shepherd (CC BY-NC 4.0)

**市民科学**

種のおカレンス  
16,395件

イギリス

さまざまな情報源からの生物多様性データを比較することで、ソーシャルメディアと市民科学がどちらも独自の情報を提供していることが明らかに。無視した場合、生息地適性を過小評価する可能性がある

市民科学や他の非伝統的なモニタリング情報源を通じて報告される種のおカレンスが增加する中、このようなデータの質と有用性、そして従来の生物多様性情報源との比較を検証することは重要です。

英国におけるカワトンボ科の一種 (*Calopteryx splendens*) を例に、研究者たちは、種のおカレンスが情報源によってどのように異なるか、また、それらがどの程度補完的であるかを調査しました。研究チームは、GBIFとNational Biodiversity Network (NBN) Atlas、およびいくつかのソーシャルメディア・プラットフォームからデータを抽出し、合計17,831件のおカレンスを情報源のタイプに基づいて分類しました。

全体として、*C. splendens* について収集されたデータの約半分は、そのデータタイプに固有のものでした。それぞれの異なるソースからのデータを用いて構築された種分布モデルの性能は良好で、すべてのデータタイプでほぼ同様であり、平均気温と淡

水被覆率を重要な予測因子としていました。

従来の情報源に基づくモデルは、50,800km<sup>2</sup>のイギリスの生息地を示しましたが、市民科学とソーシャルメディアからのデータは、それぞれ54,600km<sup>2</sup>と41,500km<sup>2</sup>の範囲を予測しました。これらのデータを組み合わせると、生息地は57,600km<sup>2</sup>と推定されました。

この研究により、市民科学やソーシャルメディアから得られた生物多様性データだけに頼ることは理想的ではないかもしれませんが、種の分布分析からこれらの情報源を除外すると、生息地の潜在的利用可能性を著しく過小評価する可能性があることが示されました。

O'Neill D, Häkkinen H, Neumann J, Shaffrey L, Cheffings C, Norris K, et al.

United Kingdom

Investigating the potential of social media and citizen science data to track changes in species' distributions

Ecology and Evolution

doi.org/10.1002/ece3.10063

12

GBIF

## 気候変動がアルボウイルス媒介ウイルスの 生息域を拡大

1



Inland floodwater mosquito [*Aedes vexans* (Meigen, 1830)] observed in Oslijek, Croatia by Leomar Iglesias (CC BY-NC 4.0)

**健康**

**気候変動**

種のおカレンス  
139,910件

過小評価されている疾病保菌者の研究 - 原因ウイルスは、将来の気候条件のもとで、生息域を大幅に拡大する可能性

高い出現確率を示しました。将来モデルでは、すべてのRCPシナリオにおいて3種すべての生息域の変化が予測され、低・中位経路では広範な増加が、高・最悪経路ではわずかな減少が観測されました。

2050年までに、ヤマトヤブカ *Ae. japonicus* はヨーロッパ、米国、ロシア、中央アジアの大部分にわたって生息域を拡大し、*Ae. vexans* の生息域にはアフリカ北部とオーストラリア南部も含まれると予測されました。*Ae. vittatus* については、サハラ以南のアフリカと中東での拡大が将来予測に含まれていました。

Outammassine A, Zouhair S and Loqman S (2021)

Morocco

Global potential distribution of three underappreciated arboviruses vectors (*Aedes japonicus*, *Aedes vexans* and *Aedes vittatus*) under current and future climate conditions.

Transboundary and Emerging Diseases

doi.org/10.1111/tbed.14404

主にGBIFを介した種のおカレンスを用いて、19の生物気候変数に基づき、各種の現在の生態学的ニッチを5x5kmの解像度でモデル化しました。さまざまな排出シナリオの代表的濃度経路(RCP)を持つ大循環モデルに基づいて、モデル化された分布を将来の気候条件に投影しました。

ヤマトヤブカ *Ae. japonicus* については、日本、朝鮮半島、中国南部の自生域と、米国東部とヨーロッパの大半の非自生域で、高い生息適性が予測されました。*Ae. vexans* 分布も同様でしたが、南米南部での高い適性を含め、より広い範囲に分布していました。一方、*Ae. vittatus* の予測分布は、より低緯度での適性を示し、アフリカ、インド、東南アジア、オーストラリア北部を横断する中南米で最も

8

PDFダウンロード



<https://gbif.jp/library/>