

日本産カミムラカワゲラ属の系統地理

大槻 章子 [北海道大学農学研究科/博士後期課程]

背景・目的

生物の分布が第四紀の氷期-間氷期サイクルに合わせて大きく変動したことが、ヨーロッパや北米の多くの種で示されている。日本列島においても、第四紀に生物の分布域の縮小・拡大と、氷期の陸橋形成による島間の移動分散が起こった可能性があり、これが高い生物多様性の確立に貢献したと考えられる。しかし日本の動物種について、第四紀の気候変動による分布の変動に関して明確な情報は得られていない。本研究は、日本固有種であるカミムラカワゲラのミトコンドリアDNA塩基配列情報から、分布変動の過程を推定することを目的とした。

内容・方法

日本全国を網羅するように対馬4地点・九州8地点・四国6地点・本州29地点・北海道6地点の河川からカミムラカワゲラの幼虫を採集し、計197個体を解析に用いた。以下では採集地点のうち7-10個体を扱った18地点を「地域集団」、対馬、九州、四国、本州、北海道を「地域集団グループ」と表す。サンプルからDNAを抽出し、ミトコンドリアDNAのND5領域とCOI領域の合計約1266bpを増幅して塩基配列を決定した。得られた塩基配列情報をもとにソフトウェアPAUP 4.0b10を用い、最節約法および最尤法で系統解析を行った。次に塩基配列情報から、地域集団グループごとのハプロタイプ多様度(h)、塩基多様度(π)を算出し、さらに集団構造の階層分散分析(AMOVA)、Mismatch distribution分析を行った。これらの集団解析はソフトウェアArlequin2.0により行った。

結果・成果

197個体の1266bpの塩基配列から、290の変異サイトがみつかって132のハプロタイプが検出された。最節約法と最尤法により構築された系統樹はほぼ同じ樹形を示し、対馬、九州、本州・四国・北海道の大きな3クレードが見いだされた。対馬クレードは最も基部で分岐し、その分岐時期は分子時計によると約100万年であることから、現在みられる種内の遺伝的分化は、第四紀半ば以降の氷期-間氷期サイクルが顕著になった時期に起こったと推定された。九州クレードはさらに2つのクレードにわかれた。本州・四国・北海道クレード内では北海道の4ハプロタイプが単系統を形成したが、他のハプロタイプ間は遺伝的分化が小さいためほぼ多分岐状態となった。各地域集団で、地域集団固有のハプロタイプと他の地域集団でもみられるハプロタイプが検出されたが、対馬、九州、本州・四国、北海道の4地域集

団グループ間でハプロタイプの重複はみられず、4地域間での長期的な分断が示された。九州の2クレードに属するハプロタイプは九州全域に重なって分布しており、地理的に隔離された2つ以上の地域間で分化が生じたのち、2次的に混合した可能性が示唆された。

集団解析の結果、対馬、九州、四国、本州では、ハプロタイプ多様度が高い(0.91-0.98%)一方で、塩基多様度が低く(0.011-0.014%)、それぞれの地域集団グループがボトルネック(集団サイズの縮小により、集団内の遺伝的変異が小さくなる現象)を経た後に拡散したこと、北海道では両者が共に低く($h=0.52\%$ 、 $\pi=0.0005\%$)、長期あるいは重度のボトルネックを経て間もないことが示唆された。3地域集団グループの集団構造の階層分散分析(AMOVA)の結果、地域集団グループ、地域集団、地域集団内に起因するばらつきは、それぞれ全体の71.7%、7.1%、21.3%を占めていた。これはハプロタイプの系統関係と分布パターンから考えて妥当な結果である。対馬、九州、四国、本州、北海道の5つの地域集団グループでのMismatch distribution分析の結果、いずれの地域でも観測データによる集団内個体間のcoalescent timeの頻度分布は、母集団急増モデルと有意な違いがみられなかった。

以上の結果から、対馬、九州、本州・四国、北海道の4地域間では、複数回にわたる氷期の陸橋形成に関わらず長期の分断が生じていること、4地域内でそれぞれ分布の縮小と以後の拡散が起こったこと、九州内では複数地域に集団が細分化され、分化をとげた後に再び拡散して混じりあったことが示唆された。

今後の展望

本研究により、第四紀の気候変動がカミムラカワゲラの分布域を縮小・拡大させた可能性が示唆された。しかし、集団の縮小時期が氷期と一致し、分散時期が間氷期と一致するかどうか、また氷期をどこで過ごしたのか、という点については完全に明確になっていない。これについては、分子時計の精密化を目指すと共に、日本の分類群についてさらに多くの遺伝情報や化石記録を蓄積していくことで、総合的に判断できるようになると考えられる。