

大陸～日本アルプス・スケールでみる高山蛾 *Xestia* 属複数種の系統地理学的構造

川島育海 (筑波大学 生物学類)

指導教員：石田健一郎 (筑波大学 生命環境系)

## 【背景及び目的】

日本列島の高山帯に分布している生物の多くは、かつて北米大陸あるいはユーラシア大陸に分布していた種が、第四紀の気候変動に伴う分布拡大・縮小の繰り返しの歴史の中で、種分化なども経験しながら、現在の分布域を形成したと考えられている。特に、本州中央部に位置する日本アルプスの高山域はライチョウなどの周北極要素の生物種の世界的な分布の南限である。そのため、日本列島の高山域は世界的に見ても貴重な生物多様性形成の歴史をもち、これら高山域に分布する生物種の生物系統地理学的関係や、移動分散の歴史を推定することは、周北極要素の生物の分布を理解する上でも重要である。しかし、これらの周北極要素をもつ生物の研究の多くは高山植物で行われており (Fujii and Senni, 2006; Ikeda et al., 2020)、チョウなどの一部分類群を除き (Usami et al., 2020; Usami et al., 2021) 未だ十分に研究されていないのが現状である。そこで、本研究では種の多様性と採集効率から鱗翅目ガ類に着目し①本州中部の日本アルプスおよび周辺地域において対象高山蛾 3 種の生物系統地理学的関係を明らかにした上で、②公開データベースを用いて、北半球レベルでの生物系統地理学的構造を明らかにすることを目的とした。

## 【材料及び方法】

対象種として日本列島に分布する高山蛾 6 科 45 種 (神保, 1984; 四方, 2020) のうちヤガ科 *Xestia* 属より、*Xestia speciosa* アルプスヤガ、*Xestia yatsugadakeana* ヤツガタケヤガ、*Xestia albuncula* ダイセツヤガの 3 種を選択した。このうち、アルプスヤガとダイセツヤガは日本列島のほかユーラシア大陸と北アメリカ大陸の寒冷地に分布するが、ヤツガタケヤガは本州中部のみに分布する日本固有種である。また、アルプスヤガは本州中部および北海道に分布するが、ダイセツヤガは本州中部、東北および北海道に分布するなど、これら 3 種は異なる分布様式を示す。サンプル採集では、日本アルプスなど本州中部 5 つの山域より 6 か所で HID ライト (88 W) と紫外線 LED (10 W) を用いた灯火採集を行い、捕獲した対象種はアンモニアを用いて捕殺後、99.9% EtOH 内で保管した。また、飯田市美術館に保管されている高山蛾のコレクションを貸借し、実験試料とした。これらサンプルを対象に QIAGEN DNeasy Blood & Tissue Kits を用いて胸部筋肉または脚より DNA を抽出し、母系遺伝するミトコンドリア DNA Cytochrome c oxidase subunit I (*COI*) 領域の塩基配列の解読を行った。また、先行研究 (Summerville and Crist, 2002; Mutanen et al., 2012; Mutanen et al., 2016) で公表されている北米およびユーラシア大陸の *Xestia* 属の *COI* 領域の塩基配列情報を公開データベースより収集した。これらデータをもとに、ハプロタイプの決定を行い、QGIS を用いてハプロタイプ分布を地図化した。Neighbor-Net (Bryant and Moulton, 2004) を用いて、種間および種内の遺伝的関係の評価を行なった。また、検出された各地域集団の遺伝的多様性の評価には塩基多様度  $\pi$  を計算した。さらにアルプスヤガについて、GenGIS (Paekes et al., 2013) を用いて、日本～北半球のサンプルの系統樹を地図に挿入すること

で、アルプスヤガの北半球レベルでの系統地理学的構造を視覚化した。

## 【結果及び考察】

Neighbor-Net の解析の結果、アルプスヤガ、ヤツガタケヤガ、ダイセツヤガの 3 種より計 33 のハプロタイプが検出された。また、それぞれの種内集団は本州中部の山岳域の東西で 2 系統に分かれることが明らかになった。特に最もサンプル数の多いアルプスヤガでみると、上越から諏訪湖を通して甲府盆地へつながる線の東側 (大弛峠、八ヶ岳) と西側 (赤石山脈、木曾山脈、飛騨山脈、御嶽山) で 2 系統に分かれていた。また、日本国内のアルプスヤガ、ヤツガタケヤガ、ダイセツヤガについて種レベルの塩基多様度はそれぞれ、0.01225、0.00338、0.00966 であった。ヤツガタケヤガの塩基多様性が 3 種の中で最も低い理由としては、ヤツガタケヤガが日本固有種であり、長期間隔離分布していたことに起因すると考えられた。

日本～北半球の統合データから、アルプスヤガは大きく北米、日本、ウラル・アルタイ、北欧、ヨーロッパアルプスの 5 つの地域系統に分かれた。これら 5 つの地域系統の塩基多様度はそれぞれ、0.00030、0.00391、0.00341、0.00110 および 0.00117 であった。北米の集団の遺伝的多様性が他集団よりも著しく低いのは、供試したデータベースのサンプル採取地域 (ブリティッシュ・コロンビア州西部) が、最終氷期最盛期 (LGM) には氷床で覆われていた地域であり、LGM 以降に小さい母集団から急速に分布拡大したためとも考えられた。しかし、同じく LGM に氷床で覆われていた北欧集団と多くの生物のレフュージア地域であった地中海側のヨーロッパアルプス集団では塩基多様度に大きな違いがみられなかったことから、これについて今後検証が必要である。一方、日本とウラル・アルタイが比較的高い遺伝的多様性を示したことについては、これら地域に更新世の氷期にレフュージアが存在していたためと考えられた。更にユーラシア、北米大陸の系統の地理的距離が離れているのに対し、本州中部は非常に狭い地理的距離にもかかわらず遺伝的多様性が大きいことが分かった。これは、高山蝶に関する先行研究のクモマツマキチョウ、オオイチモンジ、コヒオドシなどに見られるパターンと同様である。

## (Usami et al., 2020)

本研究は、北半球レベルでの高山蛾の生物系統地理学的構造を評価した初めての研究である。特に、本州中部という小さいスケールにおいても高山蛾 *Xestia* 属 3 種は複雑な遺伝構造をもつことが明らかとなった。今後は空白地点である本州中部の妙高や白山、東北や北海道のサンプルを追加し、種分化や種内地域集団の分化時期などの推定に取り組むことで、日本列島の特異的な高山域の生物多様性形成の歴史を明らかにしたいと考える。また目下、両性遺伝する核 DNA については、次世代シーケンサーを用いて大量の縮約ゲノム多型 (単純繰り返し配列および 1 塩基多型) を取得中であり、ミトコンドリア DNA と核 DNA の両方から解析を行いたいと考える。