

日本に分布する周北極植物の系統地理的な起源と遺伝的多様性

平尾章(筑波大・菅七),渡邊幹男(愛知教育大・生物),内田雅己,神田啓史(極地研),下野綾子(筑波大・遺伝子実験七),増沢武弘(静岡大・理),大原雅(北大・院・環境科学),劉琪璟(北京林業大),李雪峰, 韓士杰(中科院・応生研),和田直也(富山大・極東地域研),佐藤利幸(信大・理),工藤岳(北大・院・環境科学)

周北極植物とは、北極を取り囲むようにして寒帯から亜寒帯に広く分布する植物群であり、日本列島の高山帯はその分布南限地の1つとして知られている。日本に分布する周北極植物は、過去の寒冷な時期に北方のいずれかの地域から南下し、最終氷期以降の気候の温暖化によって高山帯に隔離的に遺存したと考えられている。本研究では、周北極地域の各地から得られたサンプルおよびDNAデータベースを用いて分子系統地理学的な解析を行ない、日本に分布する周北極植物の北方起源仮説の検証を行った。また日本列島のような中緯度高山帯に遺存する周北極植物では、温暖化によって分布域が高山帯へ押し上げられる過程で、地理的な隔離および少集団化が起こったと考えられるため、集団間の遺伝的分化および集団内の遺伝的多様性の喪失が急速に生じたと予想される。日本の高山帯に遺存する集団の遺伝的多様性を高緯度地域のものと比較することで、遺伝的脆弱性を評価しようと試みた。

周北極植物であるクロマメノキ (*Vaccinium uliginosum* L.) とチョウノスケソウ (*Dryas octopetala* L.) を材料に用いた。クロマメノキでは、日本列島の5つの山岳地域(大雪山, 浅間山, 白馬岳, 蝶ヶ岳, 木曾駒ヶ岳) およびカムチャッカから得られたサンプルについて、葉緑体DNAの塩基配列(計1128bp)を決定し、周北極地域を網羅した既存データ^{1,2}と合わせて系統樹を作成した。一方、チョウノスケソウでは、日本列島の5つの山岳地域(大雪山, 白馬岳, 木曾駒ヶ岳, 八ヶ岳, 南アルプス) および国外の6地域(中国・長白山, アラスカ, カナダ・エルズミア, カナダ・カナナスキス, スウェーデン, ノルウェー・スバルバル諸島) からサンプルを入手し、葉緑体DNAの塩基配列(計1184bp)に基づいて系統樹を作成した。加えてチョウノスケソウでは、マイクロサテライト9遺伝子座を用いて、集団の遺伝子多様度および集団間の遺伝的分化度を推定した。

その結果、クロマメノキの葉緑体DNAハプロタイプとして、日本およびカムチャッカに共通する1タイプと白馬岳の2タイプの計3タイプが検出された。周北極地域を網羅した系統樹を参照したところ、日本から検出された3つのハプロタイプは全てベーリンジア系統に属していた。ベーリンジアとは、氷河期の北米大陸の北西部とユーラシア大陸の北東部の間に生じていた陸橋であり、更新世を通して氷河に覆われなかったため、周北極植物のレフュージア(避難所)であったと考えられている³。日本産のクロマメノキの起源がベーリンジアに由来し、カムチャッカ半島や千島列島などを經由して日本列島に南下したことが示唆された。

チョウノスケソウでは、対象地域から13のハプロタイプが検出され、日本からは本州中部山岳地域に共通する1タイプと北海道・大雪山の1タイプの計2タイプが見つかった。本州中部山岳地域と北海道・大雪山のハプロタイプは異なるグレードに大別されるが、各々がアラスカで検出されたハプロタイプと近い系統関係にあり、ベーリンジア起源説を支持していた。チョウノスケソウで認められた本州中部系統と北方系統の違いは、日本に分布する多くの高山植物種で共通するパターンとして知られており、過去の気候変動によって高山植物が日本へ複数回侵入したと考えられる。日本の高山帯に遺存する集団の遺伝的多様性を高緯度集団のものと比較してみると、本州中部地域では近親交配が進み、遺伝的多様性が喪失していることが明らかになった。とくに南アルプスでは遺伝変異の喪失が顕著であり、遺伝的な脆弱性のリスクが高いと考えられる。一方で、北海道では遺伝的多様性は比較的保持されていた。最も遺伝的多様性レベルの高かったのはアラスカ集団であり、ベーリンジア・レフュージア仮説を支持する結果が得られた。

参考文献: ¹Alsos IG, *et al.* (2005) *Molecular Ecology* 14: 2739-2753; ²Eidesen PB, *et al.* (2007) *Molecular Ecology* 16: 3902-3925; ³Abott RJ & Brochmann CC (2003) *Molecular Ecology* 12:299-313.