

ニホンライチョウの遺伝的多様性と分化

中村浩志¹・所洋一²・森口千英子¹・四方田紀恵¹・馬場芳之³

(¹信州大学・教育・生態研、²岡谷市川岸小学校、³九州大学・比較社会文化)

ミトコンドリア DNA のコントロール領域を用いた多型解析が、Baba ら(2001 など)および Holder ら(1999, 2000)によって実施されてきた。それによると、ニホンライチョウは、祖先ノードと推定される大陸のハプロタイプ LmMCA から分化し、約 2 万年前の最終氷期以後に国内でさらに分化したと考えられている。そのことをさらに詳しく確かめるため、各地の山岳からのライチョウの血液サンプル数を増やし、各集団の遺伝的多様性と集団間の遺伝的距離を解明することで、国内での分化とその後の動向を明らかにすることを目的に、調査と解析を行ってきた。今回新たに、北アルプス南部の常念岳周辺と南アルプス南部から血液サンプルを得、これまでとあわせると、49 個体からの羽毛サンプルと 119 個体の血液サンプル、合計 168 個体の解析を終えた。その結果、計 5 つのハプロタイプを得、それぞれの山岳における個体の割合を明らかにできた(表 1)。この結果を基に、ハプロタイプ多様度 (h) を計算すると、火打山、北アルプス白馬周辺と乗鞍岳ではそれぞれ 0.667、0.404、0.312 と高いが、北アルプス常念周辺、南アルプス北部では、それぞれ 0.020、0.063 とより低く、北アルプスの立山周辺、御嶽、南アルプス南部ではいずれも 0.000 とさらに多様性が低いことがわかった(表 2)。また、表 1 の結果より、当初は日本で最も古いハプロタイプである LmAk1 が南北両アルプスを含む広い地域に分布していたと考えられる。その後、北アルプスでは LmAk1 から LmHi1 が分化し、その周辺地域へと広がり、多くの地域で新しいタイプに置き換わったと考えられる。さらに、北アルプス白馬周辺では LmHi1 から LmHi2 が分化し、火打山を含む頸城山系では古いタイプの LmAk1 から LmHu が分化したと考えられる。それに対し、南アルプスでは古いタイプの LmAk1 から LmAk2 への分化は 1 個体で、残り 41 個体は全て古いタイプであったことから、北アルプスとその周辺地域に比べ、南アルプスでは古いタイプの個体が現在も主流であることがわかった。さらに、御嶽では、古いタイプが一旦絶滅し、その後に北アルプス方面から LmHi1 の個体に移り住んだと推測される。

以上のことから、日本列島にライチョウが移り住んで以来、それぞれの地域で異なる分化をし、移動と絶滅を繰り返してきたことが示唆された。

表 1. 各地域における試料数と得られたハプロタイプ

ハプロタイプ	立山	北アルプス			乗鞍岳	御嶽	南アルプス		計
		馬場	血	常念			北	南	
LmAk1	2	3	0	1	11	0	31	10	58
LmAk2	0	0	0	0	0	0	1	0	1
LmHu	2	0	0	0	0	0	0	0	2
LmHi1	5	13	14	10	46	18	0	0	106
LmHi2	0	1	0	0	0	0	0	0	1
計	9	17	14	11	57	18	32	10	168

表 2. 各地域におけるハプロタイプ多様度

立山	北アルプス			乗鞍岳	御嶽	南アルプス	
	馬場	血	常念			北	南
0.667	0.404	0.000	0.182	0.312	0.000	0.063	0.000