

マイクロサテライト DNA を用いたニホンライチョウ (*Lagopus mutus japonicus*) の
 集団遺伝学的構造解析

○四方田紀恵 (信大・教育・生態研), 西海功(国立科学博物館), 中村浩志(信大・教育・生態研)

ライチョウの DNA を用いた種内多型に関する研究は近年さかんに行なわれており、ミトコンドリア DNA (mtDNA) を用いたものとして Holder et al. (1999, 2000)、Baba et al. (1997, 2001, 2002) がある。Baba et al. (2001) などから日本に生息するライチョウは遺伝的に北アルプス周辺山岳の集団と南アルプスの集団の少なくとも 2 つに分かれていることが明らかになっている。そこで、より進化速度が速く、ごく最近の変異まで検出可能なマイクロサテライト DNA を用いて、本州中部の山岳のライチョウのさらに詳しい遺伝構造の解析を試みた。

試料は、2002 年から 2005 年に採取した火打山 9、北アルプス 11、乗鞍岳 15、御嶽山 15、南アルプス 20、合計 70 個体の血液サンプルを用いた。プライマーは Caizerguesu et al. (2003) がヨーロッパのライチョウで用いた 6 つの中から、5 つのマイクロサテライト遺伝子座を使った。各地域の遺伝的多様性を調べるために、ヘテロ接合度 (H_e 0-1 の値をとり、数値が高いほうが遺伝的多様性が高いといえる) を算出した。ヨーロッパのライチョウのヘテロ接合度は、アルプスとノルウェーで $H_e = 0.83 \sim 0.87$ 、ピレネーは $H_e = 0.64$ であった。それらと比べると、日本のライチョウは $H_e = 0.46 \sim 0.53$ で遺伝的多様性はさらに低かった。また、mtDNA では御嶽山で多様性が他の地域と比べて極端に低いという結果が出ているが、今回の結果では日本の 5 地域間に大きな差は見られなかった。また、各遺伝子座より得られた対立遺伝子から各地域間の分化係数 (F_{ST} 0-1 の値をとり、数値が高いほうが遺伝的分化が高いといえる) を算出したところ、すべての地域間で有意な遺伝的分化があった (表 1)。特に南アルプスでは、乗鞍岳との間で $F_{ST} = 0.354$ ともっとも高い値を、北アルプスや御嶽山との間でもそれぞれ $F_{ST} = 0.328$ 、 0.297 という値を示し、他の地域から遺伝的分化程度が強いことが示唆された。

表 1. 各地域間の分化係数 (F_{ST})

	火打山	北アルプス	乗鞍岳	御嶽山	南アルプス
火打山	0	+	+	+	+
北アルプス	0.186	0	+	+	+
乗鞍岳	0.239	0.166	0	+	+
御嶽山	0.185	0.102	0.087	0	+
南アルプス	0.183	0.328	0.354	0.297	0

右上 : Permutation test(+ : $P < 0.01$)