

日本産ヒメフナムシ属の系統進化に対する日本列島形成史の影響

~DNA は過去からの手紙~

ポイント

- ・ミトコンドリア DNA とゲノムワイド解析を用いて、日本全国のヒメフナムシ属の系統進化を解明。
- ・ヒメフナムシ属の東西での系統進化の違いは、日本列島の形成史の影響を受けている可能性を示唆。
- ・ヒメフナムシ属が地域固有の系統進化を示すことを解明し、長い年月同じ地域に留まることを示唆。

概要

北海道大学大学院環境科学院修士課程（研究当時）の張替若菜氏、同大学院地球環境科学研究所の山本正伸教授と鈴木 仁教授（研究当時）、鳥取大学農学部唐沢重考教授らの研究グループは、全国から採集したヒメフナムシ属の DNA を解析し、日本産ヒメフナムシ属の系統進化が、日本列島における地質学的歴史を反映している可能性を見出しました。

本研究では、生物の遺伝的多様性分布を過去の地質学的変遷から説明づける生物系統地理学の考え方を応用し、現生生物 DNA から古環境分布を復元するアプローチを提案しました。そのアプローチの指標生物として本研究において検証されたのが、森林土壌に生息するヒメフナムシ属です。

ミトコンドリア DNA*¹解析の結果から、ヒメフナムシ属系統はフォッサマグナ*²地域を境として西日本と東日本とで大きく異なるグループを形成する一方、約 350~700 万年前からは東日本と西日本を行き来する系統が一部に現れることが判明しました。東西の行き来が始まった時期は、陸地の大半が海面下にあった東日本が隆起し始めた時期と一致しています。集団遺伝学的解析からは、第四紀の氷期-間氷期サイクル*³に合わせたヒメフナムシ属の集団サイズ変動が示され、ヒメフナムシ属が気候変動に敏感であることが示唆されました。さらに、ゲノムワイド解析*⁴により、ヒメフナムシ属の分布地域固有の核 DNA*⁵進化が明らかになり、ヒメフナムシ属が長い年月の間ひとつの地域に留まる可能性が提示されました。これらの結果は現生生物 DNA からの古環境分布の復元における、ヒメフナムシ属の指標生物としての妥当性を示唆しています。

なお、本研究成果は 2023 年 8 月 7 日（月）に BMC Ecology and Evolution 誌にオンライン公開されました。



日本産ヒメフナムシ属の系統進化と日本列島の形成。

ヒメフナムシ属の系統進化は日本列島形成の歴史に影響を受けている可能性がある。

【背景】

現生生物の遺伝的多様性分布の情報は、過去にその生物の多様性に影響を与えた事象の年代や、その事象の空間分布（広がり）を知る上で有用であると考えられます。したがって、本研究では現生生物 DNA を用いた古環境分布の復元を提案しました（図1）。

復元に用いる指標生物に求められる条件として、①環境の変化（気候変動や火山噴火）に敏感であること、②移動性が低く、同じ地域に長年留まること、③採集が容易であることが挙げられます。そこで本研究では、移動性が低いこと知られ、日本全国の湿潤な森林土壌に強い選好性を持ち、採集が容易なヒメフナムシ属を選び、以下の二つの仮説を検証しました。

一つ目は、移動性が低いヒメフナムシ属は日本列島の形成史に影響を受け、東西で異なる系統進化を示すという仮説です。日本列島は東西でそれぞれ異なる地質学的起源を持ち、独自に形成された歴史を持っていますが（図2）、ヒメフナムシ属系統進化がその歴史を反映するのかを検証しました。

二つ目は、環境変動に敏感なヒメフナムシ属は寒冷な東北地方において第四紀氷期-間氷期サイクルの影響を受けたという仮説です。北海道のヒメフナムシ属は最終氷期の影響を受けて集団サイズの変動を示していることが先行研究で示されており、同様の現象が東北地方でも起こると予想しました。

【研究手法】

日本全国97地点から採集した721個体のヒメフナムシ属のミトコンドリアDNA（シトクロムc酸化酵素サブユニット1、COI）解析と、そのうち83個体のゲノムワイド解析（RAD-seq）を実施しました。

まず、ミトコンドリア DNA の配列から各地の個体がどのような系統関係にあるかを示す遺伝子系統樹を作成し、系統分岐がいつ生じたのかをベイズ法^{*6}を用いて推定しました。さらに、集団遺伝学的解析を用いて過去の集団サイズ動態を調べ、氷期サイクルの影響を検証しました。氷期の影響を受けていれば集団サイズは縮小し、その後環境の回復に伴って急拡大するはずですが。その急拡大の起こる時期を推定することで氷期サイクルの影響を調べました。また、ゲノムワイド解析によって得られた核 DNA 情報を用いたクラスター解析により、各個体の類似度による群分けを行いました。この群に地域固有性が見られた場合、核レベルでも地域固有の系統進化が起きていると判断されます。

【研究成果】

ミトコンドリア DNA 解析から、ヒメフナムシ属の西日本と東日本における異なる系統進化と、東日本の陸化に影響を受けていると見られる東西間の移動が明らかになりました。西日本系統が東日本系統よりも数百万年ほど早い時期から系統分岐を開始していた一方、東日本の系統は後から分岐し、西日本よりもまとまりのあるクレード^{*7}を形成していました。

約 700-350 万年前にかけて、西日本のクレードの中に東日本の系統が、東日本のクレードの中にフォッサマグナ西端の系統が出現しました。約 700-350 万年前はその大半が海面下にあった東日本の陸化が生じた時期であり（図2）、その陸化が東西間の移動を促した可能性があります。また、先行研究の北海道の結果と同様、間氷期に対応して東北日本で個体群の拡大が繰り返されたことが集団遺伝学的解析により示されました。この結果はヒメフナムシ属が気候変動に敏感である可能性を強調しています。さらに、ゲノムワイド解析により、分布地域に一致した複数の核 DNA クラスターが推定されました。このことから、ヒメフナムシ属は核レベルでも分布地域固有な系統進化を遂げていることが明らかになり、ヒメフナムシ属が長年ひとつの地域に留まることが示唆されました。

以上のことから、ヒメフナムシ属は先述した現生生物 DNA による古環境分布の復元アプローチの指標生物の条件である①環境の変化に敏感であること、②移動性が低く、同じ地域に長年留まること

を満たしており、その DNA は地域の地質学的歴史を知る有用な手がかりとなる可能性があります。

【今後への期待】

堆積物や化石を用いた従来の古環境復元手法は、特定の地点における時系列記録の復元には適していますが、大掛かりな調査が必要です。また、古環境の空間的な広がりや環境変動に伴う生物相への影響の検出が課題です。したがって、簡便に古環境の空間的変動を調べることができ、生物相への影響も推定可能な現生生物 DNA を用いたアプローチは古環境復元の新たな手法となりえます。

ヒメフナムシ属の最古の化石は古第三紀*⁸のものですが、ヒメフナムシ属が属するワラジムシ亜目の外骨格は保存されにくい性質を持つため、実際にはより古くから生息していた可能性が高いと言われています。ヒメフナムシ属の DNA を用いることで、古第三紀以前の古環境分布が復元できる可能性もあります。また、ヒメフナムシ属は北半球に広く分布しているため、ヒメフナムシ属 DNA により、北半球の広域における過去の地殻変動や気候変動の影響範囲を復元できる可能性があり、さらなる調査が期待されます。

【謝辞】

本研究は、日本学術振興会（20K06093、19H05595）の支援を受けて実施されました。

論文情報

論文名	History of the terrestrial isopod genus <i>Ligidium</i> in Japan based on phylogeographic analysis (系統地理学的解析に基づく日本産陸生等脚目ヒメフナムシ属の歴史)
著者名	張替若菜 ^{1,2*} 、齊藤 彩 ³ 、善本智佳 ³ 、唐沢重考 ⁴ 、横井登太 ⁴ 、永野 惇 ^{5,6} 、鈴木 仁 ^{1,7} 、山本正伸 ^{1,7} (¹ 北海道大学大学院環境科学院、 ² 大阪大学大学院連合小児発達学研究所、 ³ 北海道大学理学部地球惑星科学科、 ⁴ 鳥取大学農学部、 ⁵ 龍谷大学農学部、 ⁶ 慶応義塾大学先端生命科学研究所、 ⁷ 北海道大学大学院地球環境科学研究院)
雑誌名	BMC Ecology and Evolution (生態学的・進化的テーマを幅広く扱う専門誌)
DOI	10.1186/s12862-023-02144-8
公表日	2023年8月7日(月)(オンライン公開)

お問い合わせ先

北海道大学大学院地球環境科学研究院 教授 山本正伸 (やまもとまさのぶ)
TEL 011-706-2379 FAX 011-706-4867 メール myama@ees.hokudai.ac.jp
URL <https://pablos.ees.hokudai.ac.jp/yamamoto/>
鳥取大学農学部 教授 唐沢重考 (からさわしげのり)
TEL 0857-31-5113 メール dojoyoudoubutu@gmail.com
URL <https://researchmap.jp/karasawa>

配信元

北海道大学社会共創部広報課 (〒060-0808 札幌市北区北8条西5丁目)
TEL 011-706-2610 FAX 011-706-2092 メール jp-press@general.hokudai.ac.jp
鳥取大学総務企画部総務企画課広報企画係 (〒680-8550 鳥取市湖山町南4丁目101番地)
TEL 0857-31-5550 (内線 2530) FAX 0857-31-5018 (内線 2195)
メール ge-kouhou@ml.adm.tottori-u.ac.jp

【参考図】



図 1. 現生生物 DNA を用いた古環境分布の復元アプローチ (例：氷期)。



図 2. 日本列島の形成史 (Kano et al., 1991 を元に作成)。

【用語解説】

- *1 ミトコンドリア DNA … 細胞小器官であるミトコンドリアが持つ DNA。核 DNA に比べて塩基置換が起こるのが速いことが知られており、生物進化を調べる際に有用である。
- *2 フォッサマグナ … 日本海から太平洋にかけて本州の中央部に広がる大地溝帯。
- *3 第四紀の氷期-間氷期サイクル … 第四紀とはおよそ 260 万年前から現在までの期間であり、氷期-間氷期サイクルは第四紀の周期的な気候変動である。
- *4 ゲノムワイド解析 … ゲノム全域から遺伝子情報を得る解析。本研究で使用した RAD-seq は全ゲノム配列の中から制限酵素認識サイト周辺領域の配列のみを解析する手法。
- *5 核 DNA … 細胞核の染色体に含まれる DNA。本稿ではミトコンドリア DNA と核 DNA とを区別するため、核 DNA と表記している。
- *6 ベイズ法 … ベイズの定理に基づき、尤度（観察されたデータの出現確率の積）を使ってデータ情報を加味した確率分布（事後確率分布）を推定し、得られた推定値の中からベストの樹形を選び出す方法。
- *7 クレイド … 1つの共通祖先から分岐した系統からなるグループ。
- *8 古第三紀 … 地質時代の時代区分の一つで約 6600 万年前から 2300 万年前までの時代をいう。