

研究成果報告書（第27回学術研究助成）

2021年 4月 8日

公益財団法人 藤原ナチュラヒストリー振興財団

理事長 野村茂樹 殿

所属機関名 九州大学大学院

職 名 博士後期過程1年

氏 名 望月みずき（旧姓 小島）

1. 研究課題

mtDNAハプロタイプが大きく2系統に分かれるキジバトの集団遺伝構造の解明

2. 共同研究者

なし

3. 研究報告

I. 研究の目的

近年行われたmtDNAのCO I 領域の解析によると、日本産鳥類約250種のうち殆どの種は既存の亜種区分や地理的分布とDNAのハプロタイプグループが一致している。しかし、その中でキジバト1種のみ、ミトコンドリア DNA (以下、mtDNA) ハプロタイプが大きく2つに分かれる2集団が同所的に生息していることが明らかになった。キジバト *Streptopelia orientalis* は東アジアに広く生息し、日本国内でも全国的に分布する身近なハトであるが、DNAを用いた系統地理的な研究は殆ど行われていない。既存研究では、母系遺伝するmtDNAのみで調査が行われたが、本研究ではそれに加えて、両親から遺伝する核DNAを比較することで、キジバトがなぜこのようなmtDNAハプロタイプ系統群を形成したのかを明らかにする。

II. 研究の方法

研究用のDNAサンプルは、野外でキジバトを捕獲・採血して採集したほか、国内外の研究者等から羽や筋肉片の提供を頂いて収集した。DNAサンプルは、日本の北海道23個体、栃木17個体、東京11個体、神奈川38個体、南西諸島13個体、その他本州産5個体、産地不明2個体の計79個体と、国外からは台湾4個体、中国南部11個体、ミャンマー2個体の計17個体、全体で計126個体のサンプルを用いた。また本サンプルは国立科学博物館に収蔵されていたDNAサンプルを用いた他、傷病鳥獣救護施設に保護されていた個体からの採血、野外で捕獲した個体からの採血、農地での有害駆除で得られた個体の筋肉片、野外で拾得した羽などからDNAサンプルを採集した。その他BOLD systemsからロシア・韓国のキジバト、ヨーロッパのコキジバト *S. turtur* のCO I 領域の配列をダウンロードし、系統樹および系統ネットワーク図の作成に用いた。

得られたDNAをもとにmtDNAと核DNAの配列解析を行い、分子系統樹とハプロタイプネットワーク図を作成した。mtDNAの解析にはCOI領域の648bpを使用したほか、核DNAの解析にはイントロン領域の463bpを用いた。各サンプルからmtDNAの2つのハプロタイプの見つかった地点を集計し、分布を調査した。また、核DNAの複数の遺伝子座を比較し亜種間での遺伝構造を調べるため、マイクロサテライトを用いたSTRUCTURE解析を行った。

III. 研究結果

ミトコンドリアDNAのCO1領域の配列を用いて、近隣接合法による系統樹を作成した。系統樹の外群にはキジバトに最も近縁なコキジバトを用いた。その結果、キジバトの2つのハプロタイプ間には1.8%~2.6%の変異があり、コキジバトとキジバト間には2.4%の変異があったため、キジバトの2タイプはコキジバトからの遺伝子移入ではないことが明らかになった。mtDNAの2つのハプロタイプの分布調査を行った結果、2つのハプロタイプは分析を行ったすべての地域で見つかった。ミャンマーや台湾など分析個体数が少ない地域があるが、2つのハプロタイプの地域的なばらつきや偏りは明瞭ではなかった(図1)。

核DNAマイクロサテライトでは、20遺伝子座の解析を行い、STRUCTURE解析の結果どの集団においても遺伝的に殆ど均一な結果が示され、亜種間や地域間で異なる構造を示した集団はなかった。また、核DNAのイントロン領域のハプロタイプネットワーク解析では、Intron15349遺伝子座において14個のハプロタイプが見つかったが、mtDNAのハプロタイプと核DNAのハプロタイプの遺伝構造は一致しない結果を示した(図2)。

IV. 考察

キジバトはミトコンドリアDNAが大きく2つに分かれるが、核DNAはmtDNAとは異なる系統ネットワークを示した。キジバトのミトコンドリアDNAハプロタイプAおよびBが互いに識別し生殖隔離しているのであれば、核DNA上でも同じような2タイプを示すと考えられるが、今回の結果からキジバトの2タイプは互いに交雑している、もしくは過去に交雑していたことが考えられる。mtDNAの2つのハプロタイプは分析を行った4亜種全てにおいてどちらも確認されたことから、各亜種に分化する前に2タイプ間の交雑が起きたと推察できた。ミトコンドリアDNAと核DNAが異なる系統を示す事例は稀ではあるが近年複数例報告されており、核DNAとmtDNAの複数の遺伝子座を含めた解析を行うことの重要性が改めて示された。

V. 成果発表

学会発表

1. 望月みずき・西海功. キジバトの2タイプのmtDNAと核DNAの比較. 2019年度日本生態学会
2. Mizuki MOCHIZUKI and Isao NISHIUMI. Two sympatric mitochondrial lineages of Oriental Turtle Dove *Streptopelia orientalis*. North American Ornithological Congress

本研究で得られた成果については、順次学術誌に投稿を行う予定。

VI. 今後の課題

国外の研究者から提供頂いたサンプルのうち、まだ分析を行っていないDNAサンプルがあるため、順次解析を行う。核DNAイントロン領域の解析においては、プライマーの不一致によって解析が行えなかった遺伝子座があり、プライマーの再設計を行うことで解析遺伝子座数を増やすことを検討する。

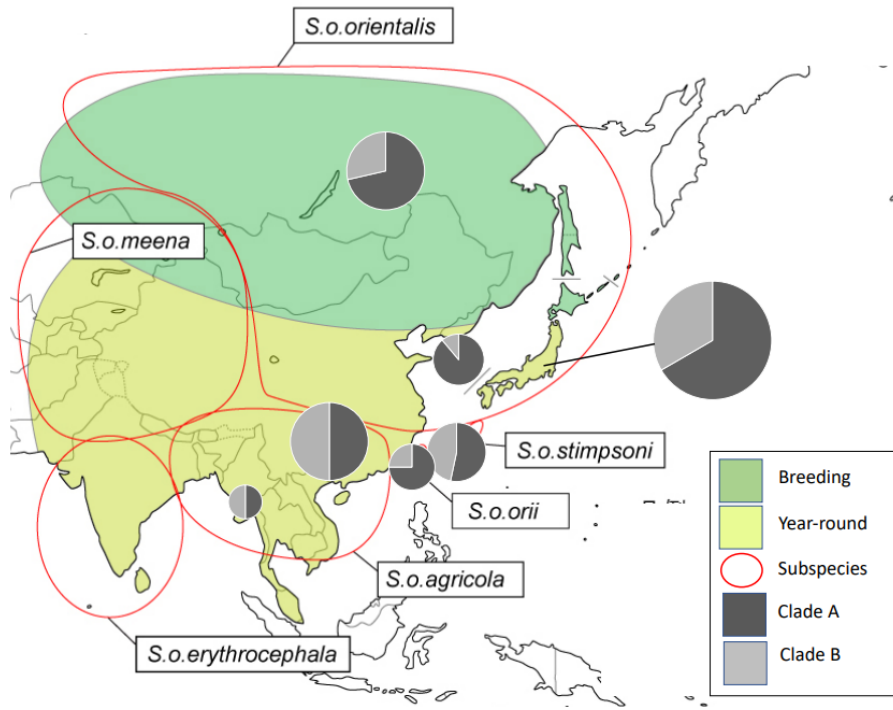


図1. キジバトの2つのmtDNAハプロタイプ分布と比率

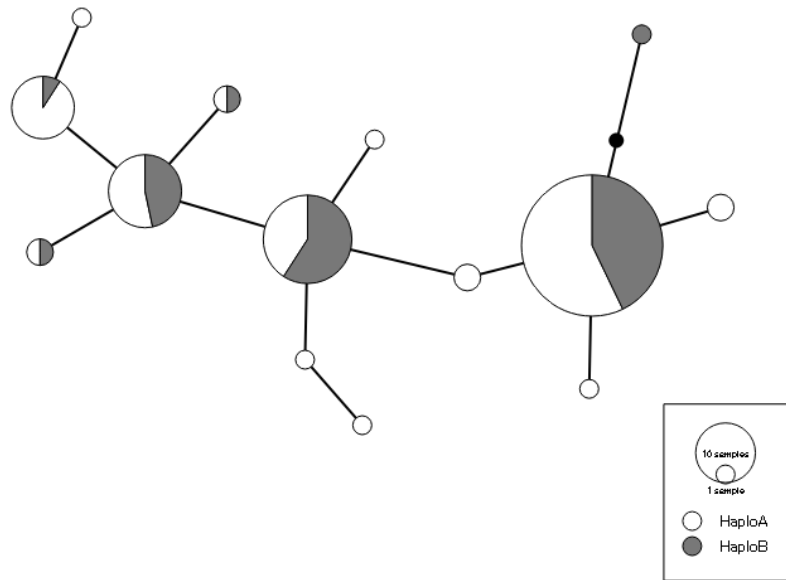


図2. キジバトの核DNAのIntron15349ハプロタイプネットワーク図. 核DNAでの各ハプロタイプ内にmtDNAの2タイプはどちらも確認された.