

科学研究費助成事業 研究成果報告書

平成 29 年 5 月 23 日現在

機関番号：10101

研究種目：基盤研究(B) (一般)

研究期間：2014～2016

課題番号：26291086

研究課題名(和文) 遺伝的多様性維持機構の解明：ヤチネズミ個体群の空間構造と個体数変動に着目して

研究課題名(英文) An ecological maintenance mechanism of genetic diversity focusing on spatial structure and population dynamics of the Hokkaido vole

研究代表者

齊藤 隆 (SAITOH, Takashi)

北海道大学・北方生物圏フィールド科学センター・教授

研究者番号：00183814

交付決定額(研究期間全体)：(直接経費) 12,200,000円

研究成果の概要(和文)： mtDNAとncDNAの多様性は、理論上、mtDNAの方が著しく低くなると予想されている。これを実証するために、哺乳類、鳥類個体群の観察と個体群構造の分析を行った。その結果、予測とは異なり、多くの個体群でmtDNAの多様性がncDNAよりも高かった。これは、突然変異率がmtDNAでより高いという性質で説明できたが、データの大きなばらつきは個体数変動の結果であると考えられた。哺乳類、鳥類間の違い(哺乳類でmtDNAの多様性がより高い)は、分散行動の性差の違いで説明できた。これらの結果は、遺伝的多様性の維持機構において個体群構造が重要な機能を持つという報告者の仮説を支持するものである。

研究成果の概要(英文)： The relationship between mtDNA and ncDNA diversity was analyzed in order to test a theoretical prediction that mtDNA diversity should be much lower than ncDNA diversity. In contrast to this prediction, mtDNA diversity was higher than ncDNA diversity in many mammalian and avian populations. This was attributed to higher mutation rate in mtDNA, while high variation of the diversities was interpreted as a result of population fluctuation. The relationship between mtDNA and ncDNA diversity differed between mammalian and avian populations: mtDNA diversity was higher in mammals than in birds. This difference could be explained by different dispersal tendency. Male-biased dispersal prevails in mammals, where female-biased dispersal is common in birds. These results supported my hypothesis that sub-population structure plays an important role in maintaining genetic diversity.

研究分野：動物生態学

キーワード：生物多様性 集団遺伝学

1. 研究開始当初の背景

野生生物の遺伝的多様性に関して、核 DNA (ncDNA) とミトコンドリア DNA (mtDNA) を用いた多くの研究があり、両者の多様性に相関関係があるといわれている。しかし、多くの動物において、ncDNA は倍数性で両性を通じて遺伝する一方、mtDNA は半数性で母親を通してのみ受け継がれる。つまり、同じ個体群内であっても、遺伝に関わる個体数は両者で異なり、mtDNA のそれは有効集団サイズ (N_e) の半分 ($0.5N_e$)、ncDNA では有効集団サイズの 2 倍 ($2N_e$) で、両者には 4 倍の違いがある。突然変異と自然選択がなく、任意交配をしている孤立個体群において、ncDNA の多様性は、遺伝的浮動によって $2N_e$ に反比例して減少することが理論的に導かれている。一方、mtDNA のハプロタイプ多様度は $0.5N_e$ に反比例して減少するため、一般に mtDNA の多様性は ncDNA のそれよりも低いと期待され、高いか同等である場合は、遺伝的浮動による減少を補う何らかの機構が働いていなければならない。

2. 研究の目的

報告者は、前課題で分析したエゾヤチネズミ個体群において、北海道の属島である小さな島では mtDNA の多様性は低いが、北海道本島の個体群では mtDNA と ncDNA 両方の多様性はとも高いというパターンを見いだした。本研究の目的は、このパターンの一般性を他の地域の個体群を分析することによって確かめ、さらに文献調査によって哺乳類の他種

と鳥類において、このパターンの一般性を実証することである。また、「背景」で説明した集団遺伝学理論と実証データとの整合性を個体群の内部構造に着目して説明することも目的とした。

3. 研究の方法

パターンの一般性について：mtDNA と ncDNA 両方の多様性を同一個体群で観察した哺乳類と鳥類の研究を網羅し、遺伝的多様性の指標であるハプロタイプ多様度とヘテロ接合体率を比較した。

個体群の内部構造：異なる個体数変動パターンを示す北海道本島の複数の個体群とスウェーデンのヤチネズミ個体群を対象に個体群間の遺伝的距離と地理的距離を分析した。

仮説の検証：観察された mtDNA と ncDNA の多様性の関係を説明するために、個体群構造を組み入れたシミュレーション分析を行った。

4. 研究成果

mtDNA と ncDNA の多様性の関係

本研究の目的に沿う先行研究から、哺乳類 21 種 132 個体群、鳥類 23 種 113 個体群の遺伝的多様性に関するデータを得た。その結果、図 1 のようにほとんどの個体群で理論値よりも mtDNA の多様性が高かった。

個体群の内部構造

ヤチネズミ個体群において、mtDNA に基づく個体群構造と ncDNA に基づく分集団構造を比較した。その結果、mtDNA 分集団が ncDNA 分集団よりも小さいことが明らかになった。これは、メスは出生地に留まるが、オスは分散するという分散行動の性差の結果であると考えられた。

また、個体群間の遺伝的距離と地理的距離の関係は、ヤチネズミ個体群は地理的距離が数 km までは遺伝的な類似性を保持するものの、10 km を越えると遺伝的にはほぼ無関係となることが明らかになった。

メスは出生地に留まるが、オスは分散するという分散行動の性差は多くの哺乳類で確認されており、ヤチネズミ個体群でも観察されている。mtDNA と ncDNA で観察された分集団の違いは、分散行動の性差が原因であり、哺乳類では一般的であると考えられた。

一方、鳥類においては、メスのほうがより分散的であることが知られており、分集団構造は mtDNA と ncDNA 間で違いはないと考えられた。

仮説の検証

観察された mtDNA と ncDNA の多様性の関係を説明するために、個体群構造を組み入れたシミュレーション分析を行った。その結果、ほとんどの個体群において、理論値よりも mtDNA の多様性が高くなり、実証データとよ

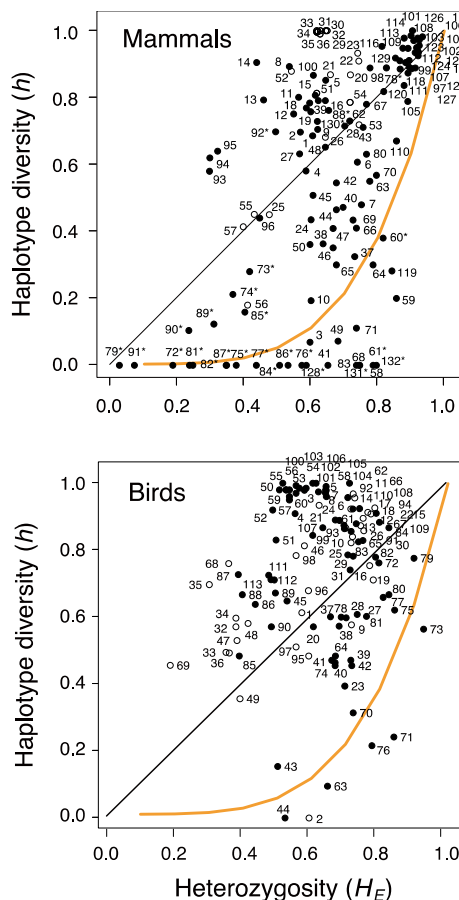


図 1. mtDNA (横軸) と ncDNA (縦軸) の多様性の関係。上が哺乳類、下が鳥類の結果。曲線は理論値、直線は両軸の同値を示す。

く一致した。哺乳類においては, mtDNA の多様性がより高い傾向にあるのだが, 「mtDNA 分集団が ncDNA 分集団よりも小さい」という条件を組み入れたシミュレーション分析はこの傾向をよく説明しており, 遺伝的多様性の維持機構における個体群構造の重要性を支持する結果となった。

5. 主な発表論文等

(研究代表者、研究分担者及び連携研究者には下線)

[雑誌論文](計 4 件)

Cohen JE, Saitoh T (2016) Population dynamics, synchrony, and environmental quality of Hokkaido voles lead to temporal and spatial Taylor's laws. *Ecology* 97(12): 3402-3413 DOI: 10.1002/ecy.1575 査読あり

Saitoh T, Kaji K, Izawa M, Yamada F (2015) Conservation and management of terrestrial mammals in Japan: its organizational system and practices. *Therya* 6 (1): 139-153. DOI: 10.12933/therya-15-239 査読あり

Uraguchi K, Iijima H, Ueno M, Saitoh T (2014) Demographic analysis of a fox population suffering from sarcoptic mange. *Journal of Wildlife Management* 78(8): 1356-1371. DOI: 10.1002/jwmg.794 査読あり

Ou W, Takekawa S, Yamada T, Masuda R, Nagata J, Uno H, Saitoh T (2014) Change in spatial genetic structure of an expanding population of the sika deer during recent 15 years in Hokkaido, Japan. *Population Ecology* 56: 311-325 DOI 10.1007/s10144-013-0425-y 査読あり

[学会発表](計 16 件)

Saitoh T (2017) Density dependent dispersal determines the slope of Taylor's law: Gompertz model analyses of Hokkaido vole populations. (英語口頭発表) 第 64 回日本生態学会大会, 2017 年 3 月 19 日, 早稲田大学 (東京都新宿区)

村上翔大, 齊藤隆 (2017) エゾヤチネズミの nDNA と mtDNA による異なる遺伝的集団構造パターンの生成要因の検証. (ポスター発表) 第 64 回日本生態学会大会, 2017 年 3 月 15 日, 早稲田大学 (東京都新宿区)

Saitoh T (2016) An ecological mechanism of genetic variation maintenance in a finite population focusing the difference in inheritance system between mtDNA and

nuclear DNA. (ポスター発表) The 32nd Annual Meeting of the Society of Population Ecology, November 3, 2016, 定山溪温泉ホテル鹿の湯 (北海道札幌市)

Saitoh T (2016) An ecological mechanism of maintaining high genetic diversity in rodent populations. (シンポジウム口頭発表) The 7th EAFES International Congress, April 21, 2016, 大邱, 韓国

若林紘子, 齊藤隆 (2016) マルチプルパタニティ頻度を用いた複数オス交尾頻度の推定- エゾヤチネズミを例に (ポスター発表) 第 63 回日本生態学会大会, 2016 年 3 月 22 日, 仙台国際センター (宮城県仙台市)

秋元佑香, 小野寺緑也, 島田卓哉, 齊藤隆 (2016) 北海道に同所的に生息する 3 種の野ネズミにおけるタンニン摂取量の季節変化. (ポスター発表) 第 63 回日本生態学会大会, 2016 年 3 月 22 日, 仙台国際センター (宮城県仙台市)

秋元佐紀, 山田敏也, 齊藤隆 (2016) 遺伝的多様性の年次変化と密度・分散の関係: 変動様式が違うヤチネズミ個体群の比較. (ポスター発表) 第 63 回日本生態学会大会, 2016 年 3 月 22 日, 仙台国際センター (宮城県仙台市)

Saitoh T (2015) Population dynamics of Hokkaido voles leads to Taylor's law. (ポスター発表) The 31st Annual Meeting of the Society of Population Ecology, October 11, 2015, 滋賀県立大学 (滋賀県彦根市)

Saitoh T, Shimada T (2015) Convincing interpretations on different responses of rodent populations to acorn masting. (シンポジウム口頭発表) The 100th Annual Meeting of Ecological Society of America, August 22, 2015, Baltimore, USA.

Saitoh T (2015) How are wildlife populations spatially organized? (シンポジウム口頭発表) The Vth International Wildlife Management Congress, July 27, 2015, 札幌コンベンションセンター (北海道札幌市)

Terada C, Yahara T, Kuroiwa A, Saitoh T (2015) A sika deer population can be spatially differentiated even in a small habitat: A case study on the Yakushima Island. (シンポジウム口頭発表) The Vth International Wildlife Management Congress, July 27, 2015 札幌コンベンションセンター (北海道札幌市)

Akimoto S, Yamada T, Saitoh T (2015)

Annual changes of spatial genetic structure in gray-sided vole populations. (ポスター発表)
The Vth International Wildlife Management Congress, July 27, 2015, 札幌コンベンションセンター (北海道札幌市)

Kusakabe C, Saitoh T (2015) Effects of population fluctuation on genetic diversity in the gray-sided vole *Myodes rufocanus*: A comparison of genetic diversity between cyclic and non-cyclic populations. (ポスター発表) The Vth International Wildlife Management Congress, July 27, 2015, 札幌コンベンションセンター (北海道札幌市)

Nakazawa Y, Saitoh T (2015) Effects of rodent density (*Myodes* and *Apodemus*) on birth rates of the red fox. (ポスター発表) The Vth International Wildlife Management Congress, July 27, 2015, 札幌コンベンションセンター (北海道札幌市)

Wakabayashi H, Saitoh T (2015) Interspecific variation of testes size and sperm morphology can be explained by an index of sperm competition (multiple paternity) in field mice. (ポスター発表) The Vth International Wildlife Management Congress, July 27, 2015, 札幌コンベンションセンター (北海道札幌市)

Saitoh T, Cohen JE (2015) Population dynamics of Hokkaido voles leads to Taylor's law. (口頭発表) The 13rd Congress of European Ecological Federation, July 27, 2015, Rome, Italia

[図書] (計 1 件)

Ohdachi S, Iwasa M, Ishibashi Y, Fukui D, Saitoh T (eds) (2015) The Wild Mammals of Japan. 2nd edition. Shoukadoh Book Sellers, Kyoto, 506pp

6. 研究組織

(1) 研究代表者

齊藤 隆 (SAITOH, Takashi)

北海道大学・北方生物圏フィールド科学センター・教授

研究者番号：00183814

(2) 研究分担者

荒木 仁志 (ARAKI, Hitoshi)

北海道大学・農学研究院・教授

研究者番号：20707129