

科学研究費助成事業 研究成果報告書

平成 26 年 5 月 19 日現在

機関番号：10101

研究種目：基盤研究(B)

研究期間：2010～2013

課題番号：22370006

研究課題名(和文) エゾヤチネズミ個体群の遺伝的空間構造形成に関わる個体数変動と分散行動の効果

研究課題名(英文) Effects of population dynamics and dispersal on the formation of spatial genetic structure in gray-sided vole populations

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) 14,100,000円、(間接経費) 4,230,000円

研究成果の概要(和文)：多くの個体群は互いに作用しながら存続しているので、個体群の持続性を理解するためには個体群間の関係(個体群の空間構造)を知る必要がある。本研究では、大変動するエゾヤチネズミ個体群で、さまざま距離間隔で、4年間、個体数の変動、遺伝子交流などを調査し、個体群の空間構造を分析した。主要結果は次の通り：(1) 遺伝子交流のスケールは雌雄で違い、雌では500 m、雄では2000 m程度だった、(2) 母系遺伝をするmtDNAと両性遺伝をする核DNAで個体群の空間構造が異なり、後者が前者を抱え込む構造になっていた、(3) 個体数変動の効果は雌で顕著で、低密度年に遺伝的浮動の効果が遺伝子流動の効果を上回った。

研究成果の概要(英文)：Since most populations long sustain themselves in their mutual interaction, the knowledge about the population structure is essential to understand a mechanism of their sustainability. In this study I investigated the structure of a rodent population for 4 years taking their dynamics (genetic drift) and dispersal (gene flow) into consideration. The main results are as follows: (1) A scale of gene flows differed between sexes. Females' scale (500 m) was smaller than males' (2000 m); (2) The spatial structure differed between mtDNA-based and microsatellite DNA-based structure. A microsatellite DNA-based population included several mtDNA-based populations; (3) Effects of population dynamics was significant in females. Effects of genetic drift dominated over those of gene flow in a low density year.

研究分野：基礎生物学

科研費の分科・細目：環境・生態

キーワード：生物多様性 集団遺伝 エゾヤチネズミ 個体数変動 遺伝的浮動 遺伝子流動

1. 研究開始当初の背景

ほとんどの個体群は互いに関連を持ち、相互に作用しながら存続しているので、個体群の持続性を理解するためには個体群の構造を知る必要がある。このために生態学的視点と進化的視点を統合して個体群を捉え直す試みが盛んになっている。この背景には、個体群の遺伝学的な空間構造を進化的なレベルだけで把握することには限界があるという認識があり、比較的近年に生態学的に大きなインパクト(個体数の激減など)を受けた個体群においては、生態学的な要因を重視する実証研究が必要である。研究代表者らによるエゾヤチネズミ個体群の一連の研究によって、(1)陸塊間(沿海州,サハリン,北海道,その属島間)では明確な構造が検出されたが、(2)北海道本島内では、地域個体群(十キロメートル程度の広がり)の遺伝的な独立性が高く、明確な地理的構造が検出されない、ことが明らかになった。つまり、陸塊間では進化的分析手法の有効性は確認できたが、地域スケール(数十キロメートル)以下では、予測(地理的に近い個体群は遺伝的類似性が高い)とは異なる結果となった。これは、上記の問題の典型的な例といえる。

2. 研究の目的

本研究では、個体群の空間構造に関わる生態学的なインパクトの効果を明らかにするため、比較的長期間、様々な距離スケールでエゾヤチネズミ個体群を調査した。エゾヤチネズミ個体群は3,4年周期で大きく変動するので、個体数変動(遺伝的浮動)が分散行動(遺伝子流動)にどのように影響するのかを分析し、個体群の空間構造の形成に関わる生態学的要因の役割を明らかにできると期待された。

3. 研究の方法

本研究はにおいて、以下の3つ調査,実験を行った。

- (1) マルチスケールの個体群構造解析:石狩湾沿いにある連続した森林に50メートルから2キロメートル間隔で調査プロットを8プロット配置し、標識再捕獲法を用いて個体数,個体群の遺伝的特徴を調査した。
- (2) 個体群の周期変動と遺伝的距離の関係:周期的で大きな変動(数十倍から百倍程度)を繰り返す根室地域の個体群において、約10km離れた2個体群において石狩地域と類似の調査を行った。
- (3) 全道スケールの個体群構造解析:前課題で収集したサンプルを新手法で再解析し、全道レベルの個体群の遺伝学的特徴を分析した。

4. 研究成果

マルチスケールの個体群構造解析

mtDNAに基づく遺伝的な空間構造を雌雄で比較するとメスでは地理的な距離が近いほど遺伝的な類似性が高いという Isolation by Distance (IBD) が検出された。一方、オスでは遺伝的距離と地理的距離に明確な関係が見られず、どの地理的距離においても個体群間の遺伝的類似性は比較的高かった(図1)。

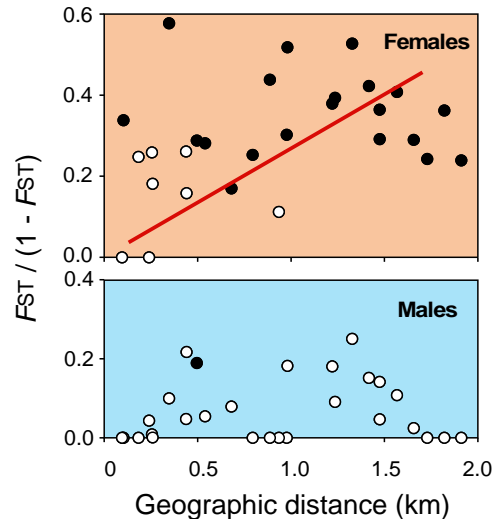


図1. 個体群間の遺伝的距離(縦軸)と地理的距離(横軸)の関係。上がメス,下がオスの結果。白丸は遺伝的距離が有意にゼロとは異なるない、黒丸は遺伝的距離が有意にゼロよりも高い関係を示す。

遺伝的浮動の効果はオスとメスで同じ程度なので、雌雄間のパターンの違いは、遺伝子流動の効果の違いにある。IBDは遺伝的浮動と遺伝子流動の効果が平衡状態にあるときに検出されるパターンなので、メスはあまり遠くまで分散していないと考えられた。一方、オスではほとんどの個体群間で高い遺伝的類似性が検出されたことから、活発な分散行動によって遺伝的に均一化されていたと考えられた。

これらの結果から、エゾヤチネズミ個体群の遺伝的な空間構造はつぎのように形成されていると考えられた(図2,次ページ)。メスは、出生地に留まる傾向が強く、分散距離は短いので、コンパクトな分集団構造を持つ。分集団は物理的な障壁ではなく、遺伝子流動が限られているために形成されるので、その境界は不明確で、分集団間で個体は徐々に入れ替わる。オスはメスから生まれるので、出生時にはメスと同じ分集団構造を持つと考えられるが、活発な分散行動によって集団の遺伝的組成は均一化されるので、分散後は分集団構造はなくなり、1集団となる。

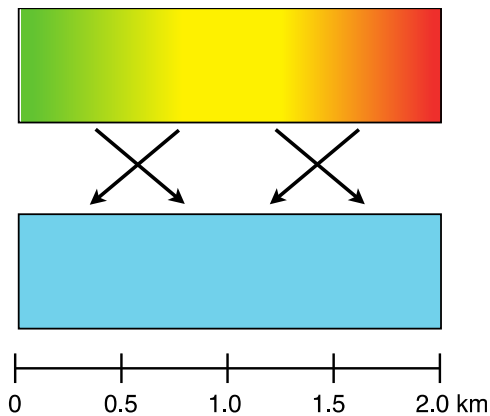


図2. エゾヤチネズミ個体群の遺伝的な空間構造の模式図. 上のメスは3つ分集団を形成するが, 下のオスには分集団構造は見られない.

個体群の周期変動と遺伝的距離の関係

遺伝的距離と地理的距離の関係を3年間で比較するオスではいずれの年も遺伝子流動の効果が遺伝的浮動の効果を上回るパターンが検出された. 一方, メスは, 2009年と2010年には遺伝的浮動と遺伝子流動の効果が平衡状態にあるときに見られるIBDパターンが検出されたが, 分析した3年間で一番密度が低かった2011年において遺伝的浮動が遺伝子流動の効果を上回るパターンを示した(図3).

以上の結果はエゾヤチネズミのオスは個体数変動にかかわらず, 毎年遺伝的浮動の効果を上回る分散行動を示すのに対し, メスでは低密度年には, 遺伝的浮動と遺伝子流動の効果のバランスが崩れ, 遺伝的浮動の効果が

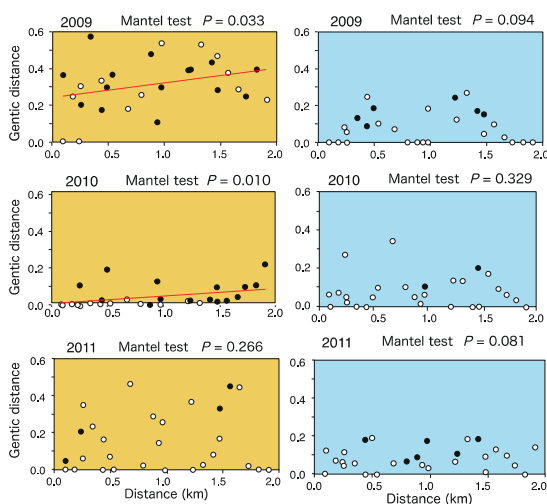


図3. 遺伝的距離(縦軸)と地理的距離(横軸)の年時間の比較. 左図はメス, 右図はオスの結果. 有意なIBDパターン検出されたものには赤の直線を入れた.

顕著に現れることを示している. つまり, 個体数変動が遺伝的空間構造に与える影響はメスにおいて顕著であった.

北海道内の個体群構造

互いに数十キロメートル離れた北海道本島内の31個体群間の遺伝的特徴を分析すると互いに独立性が高く, 遺伝子流動の効果は極めて低いことがわかった. また, 遺伝的な多様性を母系遺伝をするmtDNAと両性遺伝をする核DNAで比較すると, 理論的には, mtDNAの多様性のほうが核DNAよりも低くなると期待されるにも関わらず, 北海道本島のほとんどの個体群でmtDNAの多様性のほうが核DNAよりも高かった. これらの結果は, 各個体群はある程度の遺伝的な独立性を持つものの, 近隣個体群との遺伝子流動によって, 当該の個体群が持たない遺伝的多様性のソースを得ていることを示している. また, 他の個体群から供給される遺伝的多様性のソースはmtDNAのほうが核DNAよりも高くなければならぬことを意味している. つまり, 数十キロメートルという地理スケールでの遺伝子流動は限られているけれども, より近い個体群間で, 遺伝的な独立性を保ちつつも遺伝子流動を持つという関係があることが示唆された.

まとめ

本研究の結果を統一的に理解するには, 個体群の空間構造と個体数変動に以下のような関係があると考えられる必要がある. 個体群の遺伝的な空間構造は, mtDNAの類似性に基づく集団と核DNAの類似性に基づく集団が入れ子状になっている. 核DNA集団内では, 局所集団(mtDNA集団)間で対立遺伝子頻度に偏りが無いので, 他のmtDNA集団からの移入があっても局所集団の核DNA多様性は変わらない. 一方, この移入によって新しいハプロタイプがもたらされるので, mtDNA多様性は高まる. また, この移動は雄によるものと考えられる. なぜなら, メスが移動するとmtDNAの構成はしだいに均一化され, 入れ子状構造が失われるからである. 入れ子状構造が失われた場合, 遺伝に関わる個体数が少ない母系遺伝性のmtDNAの多様性は遺伝的浮動によって低くなってしまふ. オスは次世代以降にmtDNAを残さないで, 移動しても入れ子状構造が維持される. また, 核DNA集団が孤立したままでは, しだいに核DNA多様性が失われるので, 大発生年には核DNA集団にも他集団から雌雄が移入すると考える. この移入はmtDNA多様性を高める効果もある.

以上の仮説について複数の国際学会で発表した.

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 10 件)

- Mori T, Saitoh T (2014) Effects of inter-guild relationships on patterns in species diversity at a broad-spatial scale. *Ecology* 95(1): 132-141 DOI: 10.1890/13-0914.1 査読あり
- Ishibashi Y, Zenitani J, Saitoh T (2013) Male-biased dispersal makes intersexual difference in subpopulation structure of the gray-sided vole. *Journal of Heredity* 104(5): 718-724. doi: 10.1093/jhered/est034 査読あり
- Kawai K, Hailer F, de Guia AP, Ichikawa H, Saitoh T (2013) Refugia in glacial ages lead to the current discontinuous distribution patterns of the dark red-backed vole *Myodes rex* on Hokkaido, Japan. *Zoological Science* 30: 642-650 doi: <http://dx.doi.org/10.2108/zsj.30.642> 査読あり
- Terada C, Yamada T, Uno H, Saitoh T (2013) New mtDNA haplotypes of the sika deer (*Cervus nippon*) found in Hokkaido, Japan suggest human-mediated immigration. *Mammal Study* 38(2): 123-129 doi: <http://dx.doi.org/10.3106/041.038.0208> 査読あり
- Terada C, Tatsuzawa S, Saitoh T (2012) Ecological correlates and determinants in the geographical variation of deer morphology. *Oecologia* 169: 981-994 DOI 10.1007/s00442-012-2270-7 査読あり
- Shimada T, Nishii E, Saitoh T (2011) Interspecific differences in tannin intake levels of forest-dwelling rodents in the wild revealed by a new method using fecal proline content. *Journal of Chemical Ecology* 37:1277-1284. DOI 10.1007/s10886-011-0045-y 査読あり
- De Guia APO, Saitoh T (2011) Evolutionary Significant Units of Gray-Sided Vole (*Myodes rufocanus*) in Hokkaido, Japan. *The Philippine Journal of Science* 140(1): 41-50 査読あり
- Kaji K, Saitoh T, Uno H, Matsuda H, Yamamura K (2010) Adaptive management of a Sika deer population in Hokkaido, Japan: theory and practice. *Population Ecology* 52(3): 373-387 査読あり
- Ueno M, Kaji K, Saitoh T (2010) Culling versus density effects in the management of a deer population. *Journal of Wildlife Management* 74(7):1472-1483. 査読あり
- Mori T, Murakami M, Saitoh T (2010) Latitudinal gradients in stream invertebrate assemblages at a regional scale in Hokkaido Island, Japan. *Freshwater Biology* 55:1520-1532. 査読あり

〔学会発表〕(計 7 件)

- Saitoh T (2014) Intersexual differences in spatial genetic structure in mammals: its implication in wildlife management. The 6th FEAFES international Congress (招待講演), April 10, 2014, 海口市, 中国
- Yamada, T, Sugiki M, Ishibashi Y, Saitoh T (2013) Annual changes of spatial genetic structures in a grey-sided vole population revealed by mitochondrial DNA and microsatellite DNA analyses. The 11th INTECOL (International Ecological Congress), August 22, 2013, London, UK
- Saitoh T, Yamada, Kanke E, Zenitani J, Ishibashi Y, Ohnishi N, de Guia APO (2013) A mechanism underlying high genetic diversity in the grey-sided vole: a role of male-biased dispersal and spatial genetic structure. The 11th INTECOL (International Ecological Congress), August 23, 2013, London, UK
- Yamada, T, Saitoh T (2013) Assessment and improvement of the accuracy of assignment test to identify immigrants in a grey-sided vole population in a continuous habitat. The 11th International Mammalogical Congress, August 12-15, 2013, Belfast, UK
- Saitoh T, Samia NI, Stramer O, Stenseth NC (2013) Climate influences cyclic patterns of vole populations through altering ecological communities: advanced density dependence analyses using time-series data on the Hokkaido vole. The 11th International Mammalogical Congress, August 12-15, 2013, Belfast, UK
- Saitoh T, Yamada T, Kanke E, Zenitani J, Ishibashi Y, Ohnishi N, de Guia APO (2012) A mechanism underlying high genetic diversity in the grey-sided vole: a role of male-biased dispersal and spatial genetic structure. The 13th Rodens et Spatium conference, July 20, 2012, Rovaniemi, Finland
- Saitoh T, Ishibashi Y (2012) Effects of male-biased dispersal on mating system and spatial genetic structure. International workshop by Konnevesi Research Station, University of Jyväskylä, February 23, 2012, Konnevesi, Finland

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

岸田 治 (KISHIDA OSAMU)
北海道大学・北方生物圏フィールド科学センター・准教授

研究者番号：00545626

石橋 靖幸 (ISHIBASHI YASUYUKI)
独立行政法人森林総合研究所関西支所・研究員
研究者番号：80353580