

# 大陸～日本アルプス・スケールでみる 高山蛾 *Xestia* 属複数種の種間関係および系統地理学的構造

○川島育海<sup>1</sup>, 四方圭一郎<sup>2</sup>, 石田健一郎<sup>3</sup>, 竹中將起<sup>4</sup>, 津田吉晃<sup>5</sup>

<sup>1</sup>筑波大 生命環境学群 生物学類, <sup>2</sup>飯田市美術博物館自然分野, <sup>3</sup>筑波大 生命環境系 山岳科学センター, <sup>4</sup>信州大 理学部, <sup>5</sup>筑波大 MSC 菅平

## Introduction - 高山蛾から更新世・完新世における日本の山岳域の役割を明らかにする

### 日本の山岳域は世界的に見ても重要

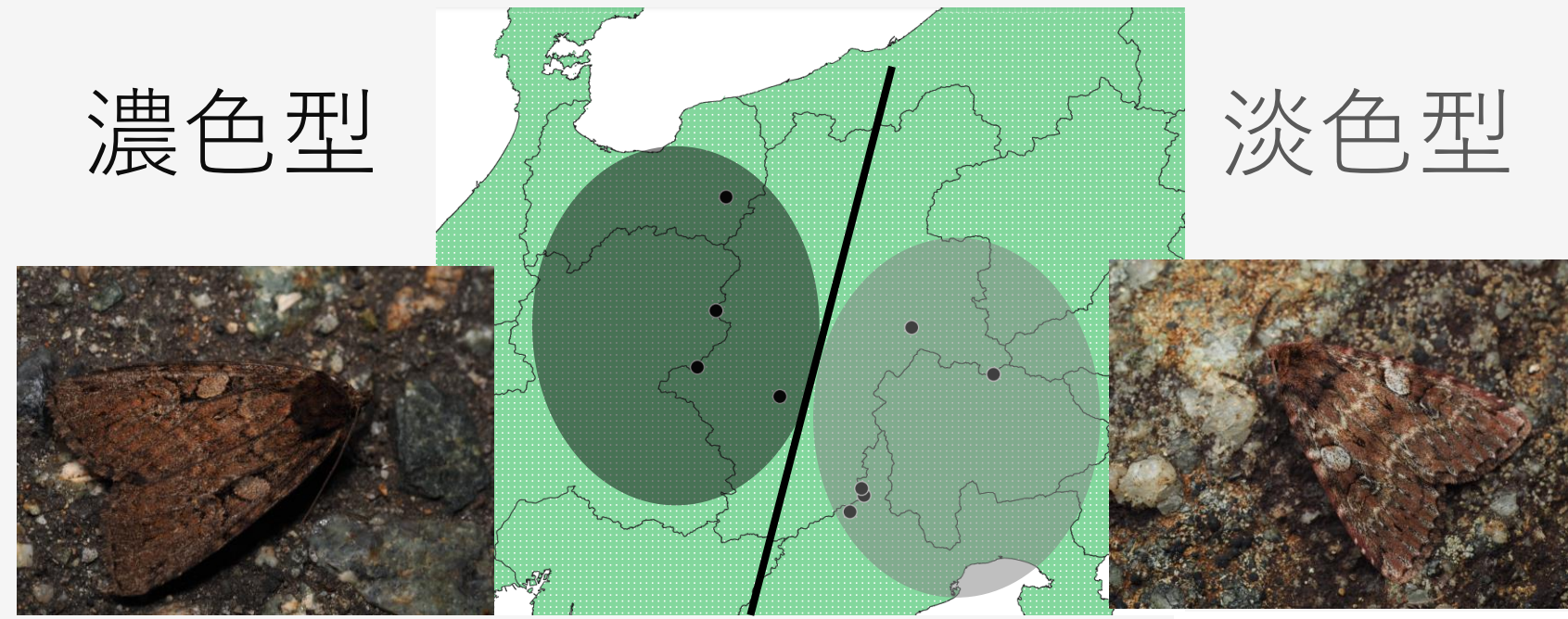
- 日本列島は氷期に周北極要素の生物のレフュージアとして機能 (Ikeda, 2022)
- 研究は高山植物に偏っており, 日本の山岳域の役割は無脊椎動物では未だ十分に評価されていない

### Point

種の多様性と採集効率より  
高山蛾に着目した

### 高山蛾には地域的な2型が存在

- 高山蛾: 高山植物を食べる鱗翅目ガ類
- 本州中央部の伊那谷～直江津ライン東西で斑紋の異なるパターンが報告 (Jinbo, 1984)



写真提供: 安西純

### 不明点

- 地域的な2型は過去の気候変動に伴う分布拡大-縮小の証拠を表しているのか?
- 日本の高山蛾はいつ頃どこから来たのか?

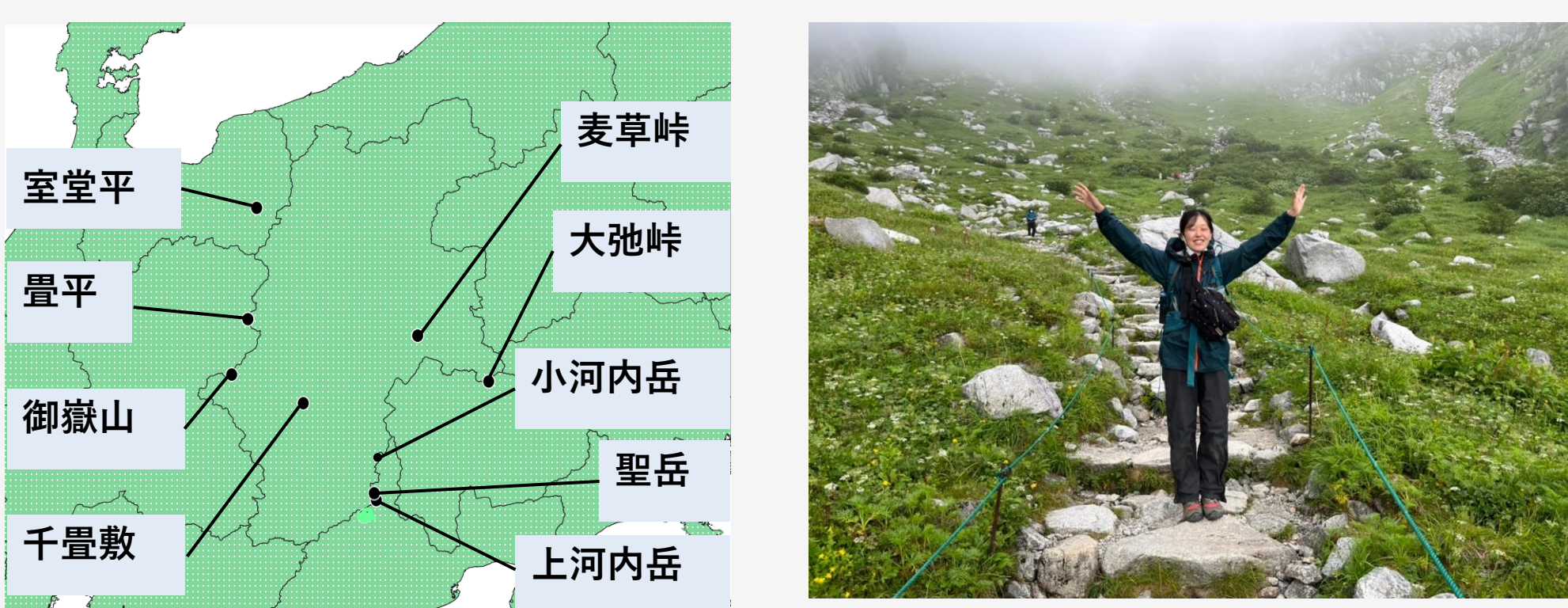
### Purpose

- ①本州中央部の高山蛾 *Xestia* 属数種の系統地理学的関係を明らかにし,
- ②高山蛾の日本への移住経路を推定する

## Materials and Methods

### 1. 研究対象地

- 本州中央部より9地点の高山蛾をサンプリングと標本貸借により取得
- 東側: 大弛峠 麦草峠 聖岳 上河内岳, 小河内岳
- 西側: 千畳敷 御嶽山 室堂平 畳平



### 2. 対象種

- 高山蛾のうちヤガ科 *Xestia* 属より3種を選択

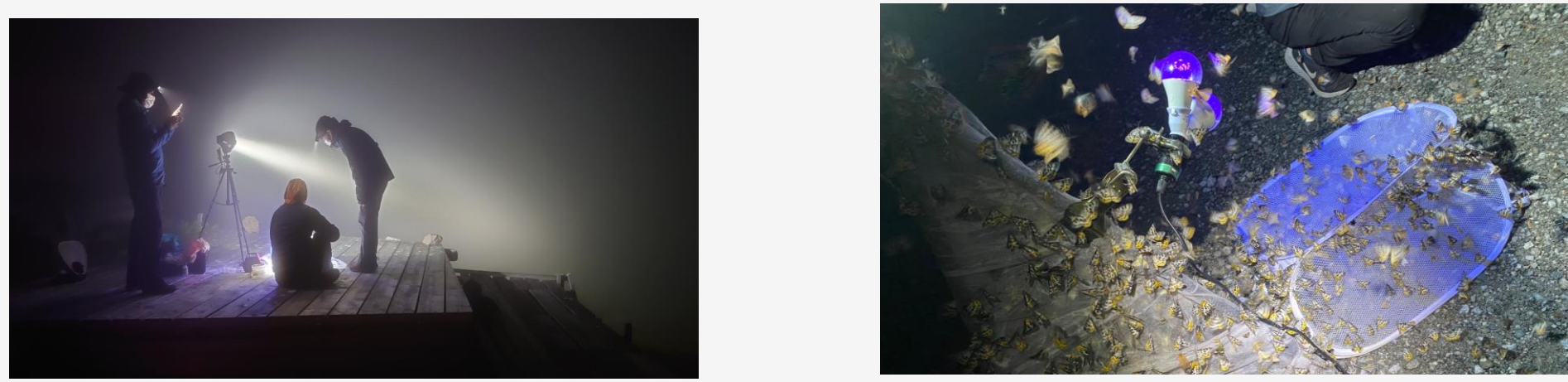


各地点における対象種の個体数 (個体)

	大弛	麦草	赤石	千畳敷	御嶽	畳平	室堂
アルプスヤガ	9	0	2	5	1	24	8
ヤツガタケヤガ	4	0	2	0	0	3	0
ダイセツヤガ	0	4	0	0	0	2	0

### 3. ライトトラップ

- HIDライト (88W) と紫外線LED (15W) を用いた灯火採集
- アンモニアを用い捕殺後, 1個体ずつ99.9% エタノール内で保管

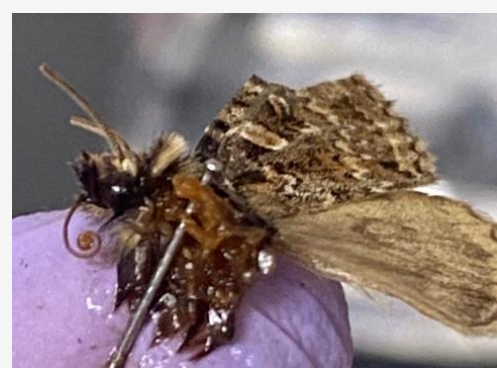


### 4. 遺伝情報の取得

- 飛翔筋または脚より DNA を抽出
- ミトコンドリア DNA・COI 領域の解読
  - 北半球の遺伝情報の収集 (Mally et al., 2018)
- 両性遺伝する核 DNA の集団ゲノミクス: 解析中
  - NGS により大量 SSR/SNP の検出 (Tsuda et al. unpublished)

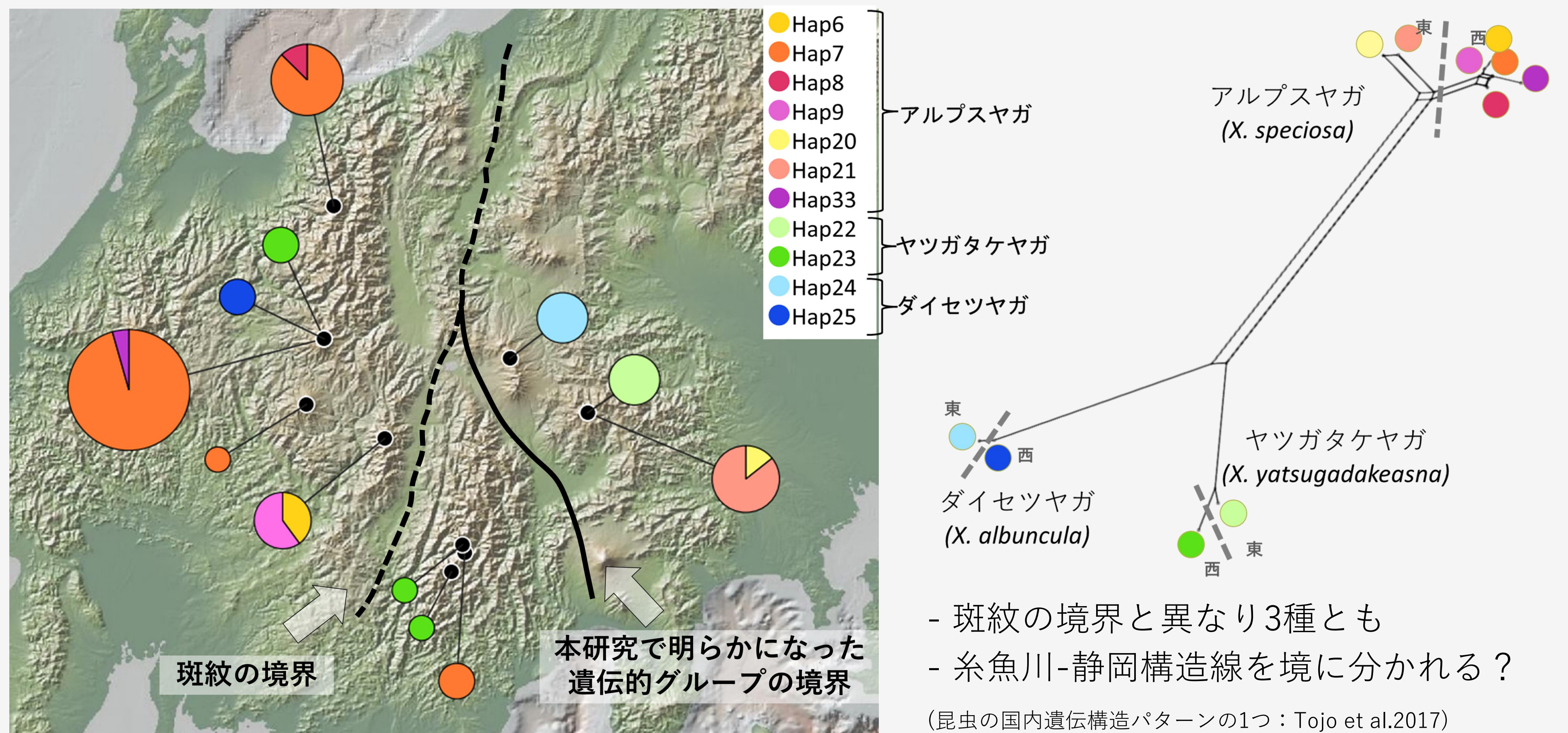
### 5. データ解析

- ハプロタイプの決定, 種間関係, 種内関係の評価
  - Neighbor-Net (Bryant and Moulton, 2004)
  - ML Tree (MEGA11: Tamura et al. 2011)
- 遺伝的多様性の評価
  - 塩基多様度  $\pi$  (Nei M, 1987)
- 日本への移住経路の推定
  - QGIS, GenGIS (Parkes et al., 2013)



## Results and Discussion - 地理を反映した遺伝構造が検出された

### 1. 中部山岳域における高山蛾3種の mtDNA COI 領域に基づく遺伝構造 (ハプロタイプ分布図・NeighborNet)



- 斑紋の境界と異なり3種とも
  - 糸魚川-静岡構造線を境に分かれる?
- (昆虫の国内遺伝構造パターンの1つ: Tojo et al. 2017)

### 2. 北半球における高山蛾3種の種間関係と遺伝的多様性

#### 2-1. 高山蛾3種の種レベルの塩基多様度 $\pi$

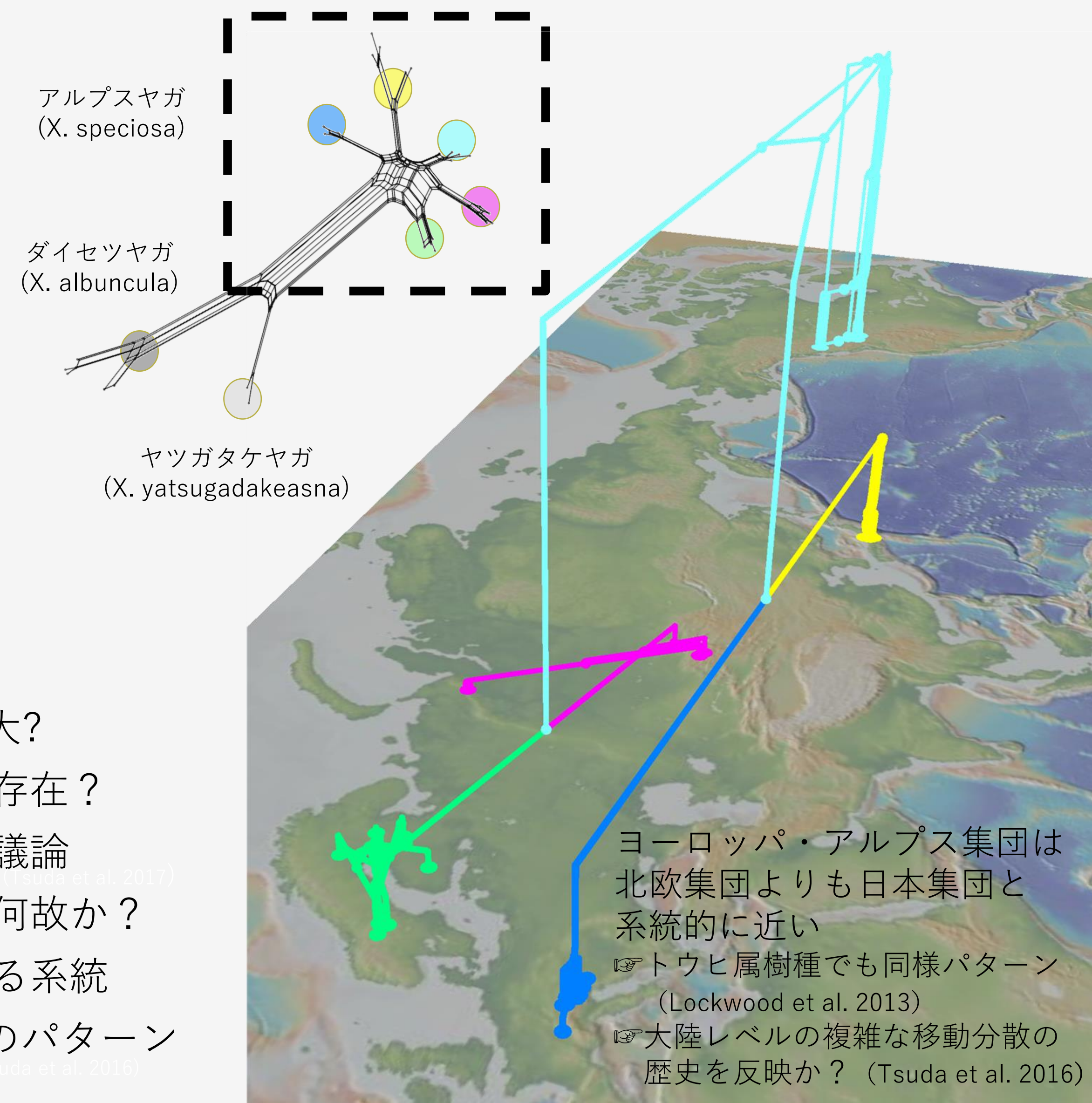
アルプスヤガ:  $\pi = 0.01225$   
 ヤツガタケヤガ:  $\pi = 0.00966$   
 ダイセツヤガ:  $\pi = 0.00966$

- ヤツガタケヤガの多様性低い
- 日本固有種であることが影響?

#### 2-2. 北半球アルプスヤガの地域集団ごとの塩基多様度 $\pi$

北米:  $\pi = 0.00030$ , 日本:  $\pi = 0.00391$ , シベリア:  $\pi = 0.00341$   
 北欧:  $\pi = 0.00110$ ,  
 ヨーロッパ・アルプス:  $\pi = 0.00117$

- 北米集団: 低い → LGM に急速に分布拡大?
- 日本とシベリア: 高い → レフュージアが存在?
- シベリアのレフュージアは耐寒性樹木で議論
- 北欧とアルプスで塩基多様度は同程度。何故か?
- 北欧とヨーロッパ・アルプス: 全く異なる系統
  - クロマメノキ(食草)、トウヒ属と同様のパターン



ヨーロッパ・アルプス集団は北欧集団よりも日本集団と系統的に近い  
 トウヒ属樹種でも同様パターン (Lockwood et al. 2013)  
 大陸レベルの複雑な移動分散の歴史を反映か? (Tsuda et al. 2016)

## Conclusion

### 高山蛾の大陸・日本アルプス・スケールでの系統地理学的構造を明らかにできた

- 大まかなながらも世界初! データベース情報はDNAバーコーディング目的で誰も解析していなかった!
- 各地域集団への分岐年代の推定へ (特にヨーロッパ・アルプスと日本集団の遺伝的関係は検証必要)
- 日本アルプスという小さいスケールにも複雑な遺伝構造・高い多様性**
  - 日本は高山植物同様に高山蛾にとっても氷期にレフュージアとして機能した
  - 但し, 山域固有ハプロタイプの分布パターンは高山植物と必ずしも一致しない: 移動分散能力の違い?
  - 集団ゲノミクス・データにより核DNAでの遺伝構造評価, 集団動態の歴史の推定を行う

