

研究成果報告書

(国立情報学研究所の民間助成研究成果概要データベース・登録原稿)

研究テーマ (和文) AB		交雑と陸地の分断・融合過程を軸とする種多様性の形成過程の解明			
研究テーマ (欧文) AZ		Speciation through hybridization due to break-up and re-connection of landmass			
研究氏 代表名 者	カナ CC	カタ	タキ	研究期間 B	2016～2018年
	漢字 CB	栗田	隆気	報告年度 YR	2018年
	ローマ字 CZ	Kurita	Takaki	研究機関名	千葉県立中央博物館
研究代表者 CD 所属機関・職名		千葉県立中央博物館・研究員			
概要 EA (600字～800字程度にまとめてください。)					
<p>島嶼域では海域が陸生生物の移動を妨げるため、島嶼個体群間に遺伝的差異が生じやすく、固有種の割合、ひいては種多様性が高くなることが知られている。このプロセスは、もともと一つだった個体群が陸地の分断や新しい陸地への分散によって複数の隔離された個体群に分かれること、続けて各個体群に遺伝的変異が蓄積することによって生じる。一方、地質学的時間スケールでは地殻活動や海水準変動によって陸塊が分断と再接続を繰り返している地域もあり、分化した個体群が交雑したり、交雑個体群が親個体群から再度隔離されたりすることもありえる。これは遺伝的変異が徐々に蓄積する場合と比べ、跳躍的な分化プロセスと見なすことができる。そこで本研究では後者に注目し、琉球列島の徳之島および沖縄諸島において、島嶼ごとに複数の種・亜種に分かれている爬虫類のトカゲモドキ類を対象に、種分化と個体群分化において交雑が果たした役割を解明しようと試みた。</p> <p>本研究では沖縄島内で遺伝的に分化した4個体群(北部、中北部、中部、南部)、ならびに4島嶼個体群(沖縄島南部、渡嘉敷島、渡名喜島、久米島)について、ゲノムワイド・ジェノタイピングを実施した。その後、ソフトウェア DIYABC を用いて、Approximate Bayesian computation 法で、交雑なしのモデルと交雑ありのモデルを比較し、過去の個体群動態を推定した。</p> <p>沖縄島の4個体群では、ミトコンドリア DNA を用いた分析によって、北部と中部・南部の間に大きな遺伝的分化があること、中北部では両方のミトコンドリアハプロタイプを持つことが知られていた。この知見に基づき、交雑を考慮しないモデル3つと交雑を考慮したモデル1つを比べたところ、交雑ありのモデルが強く支持された。一方、島嶼個体群については、交雑なしのモデル1つと交雑ありのモデル3つを比べたところ、交雑なしのモデルが交雑ありのモデルよりも高い事後確率を示した。以上の結果から、島嶼域で一度隔離され、遺伝的分化が生じた個体群が後に交雑したことが強く示唆されたが、交雑個体群が地理的に隔離されたかどうかは今後より詳細な解析が必要だと考えられた。</p>					
キーワード FA	種分化	個体群動態	ゲノムワイド・ジェノタイピング	交雑	

(以下は記入しないでください。)

助成財団コード TA					研究課題番号 AA									
研究機関番号 AC					シート番号									

発表文献（この研究を発表した雑誌・図書について記入してください。）									
雑誌	論文標題 ^{GB}								
	著者名 ^{GA}		雑誌名 ^{GC}						
	ページ ^{GF}	～	発行年 ^{GE}					巻号 ^{GD}	
雑誌	論文標題 ^{GB}								
	著者名 ^{GA}		雑誌名 ^{GC}						
	ページ ^{GF}	～	発行年 ^{GE}					巻号 ^{GD}	
雑誌	論文標題 ^{GB}								
	著者名 ^{GA}		雑誌名 ^{GC}						
	ページ ^{GF}	～	発行年 ^{GE}					巻号 ^{GD}	
図書	著者名 ^{HA}								
	書名 ^{HC}								
	出版者 ^{HB}		発行年 ^{HD}					総ページ ^{HE}	
図書	著者名 ^{HA}								
	書名 ^{HC}								
	出版者 ^{HB}		発行年 ^{HD}					総ページ ^{HE}	

欧文概要 EZ

In islands, ocean is known as a strong barrier for migration of terrestrial animals and plants and causes genetic difference among island populations, leading high ratio of endemic species and thus high species diversity. A population will be divided into multiple, unique, isolated populations through separation of land area and/or dispersal and establishment of a new population, followed by accumulation of genetic mutations in each population. On the other hand, break-up and connection of islands could have repeatedly occurred by crustal movements and sea level fluctuation. In such areas, secondary contact and hybridization of allopatric species and populations, as well as re-isolation of hybrid populations, are also possible. This can make new allelic combinations and thus strongly drive evolution of population and speciation.

In this study, I attempted to reveal the role of hybridization in divergence of populations and species of ground-dwelling geckos, *Goniurosaurus* spp. (Squamata: Eublepharidae), distributed in the Ryukyu Archipelago, southwestern part of Japan. I reconstructed historical population dynamics from genome-wide genotyping data of seven populations of the geckos, of which four are populations within a single large island and the others are those from nearby islets. I compared scenarios that do or do not consider hybridization using approximate Bayesian computation implemented in a program DIYABC.

As a result, for comparison of four populations from the large island, the scenario considering hybridization after genetic divergence is strongly suggested. On the other hand, for analysis of four populations from the different island and islets, the scenario without hybridization had relatively better support than those considering hybridization. These results suggest that a historical sequence of isolation, genetic divergence, and subsequent hybridization of populations works as a driver of establishment of genetically unique populations, which are potential origin of independent species.