

ゲンジボタルは本州・四国・九州に分布し、体長10～18mm(オス)で日本産ホタル類のなかで最大級です。近年、農薬の使用や水辺の環境の変化によって、急激にその数が減少していますが、一方で放流や保護などの活動も全国的に活発です。

発光周期：2秒型と4秒型

ゲンジボタルの生態や光を用いた配偶行動などはよく研究されていて、中部山岳地帯を境として2つの型があることが知られています。中部山岳地帯の西側では、雄が



●ゲンジボタル

蛍の光の「方言」と遺伝子の違い ゲンジボタル

ゲンジボタルの発光の周期が地方により2通りあることは「ホタルの方言」として有名ですが、知られるようになったのは最近です。実際に遺伝子レベルで確かめたところ、ホタルはさらに地方ごとに違いがあることがわかりました。ホタルは各地で移植・放流が行われることが盛んな種ですが、地元産でないホタルの移植は、**遺伝的多様性の保全上からは行うべきでないことがこの調査で裏付けられました。**

雌を探するときの発光の周期が2秒で、雌は集団で産卵します。これに対して東側では、雄の発光の周期は4秒で、雌は単独で産卵します。西側のゲンジボタルを東側に移植しても、その集団が本来の習性を維持しているところを見ると、この2つの型にはすでに遺伝的な分化が生じていると思われます。また、幼虫は水生で各水系間の移動は制限されているので、各地域間における遺伝的な分化も進んでいる可能性があります。そこで、この2つの型や各地域のゲンジボタルの遺伝的な変異と多様性を調査して、ゲンジボタル集団間の遺伝的な違いを明らかにし、人為的な移入による遺伝的な攪乱の影響についても調べることにしました。

ホタルの6つの地理的集団

今回の調査では、予備的にいろいろな解析方法を試みました。その結果、ミトコンドリアDNAのチトクロームオキシターゼII(COII)という遺伝子の領域をRFLP法(コラム参照)により解析する方法が、集団間の遺伝的多

を調査するのに適していることがわかりました。そこで、全国各地のゲンジボタルのCOII領域をRFLP法で調査しました。その結果、全体で19種類の切断パターンのタイプ(=ハプロタイプA～S)が確認され、大きく6つのハプロタイプグループに分けられました。

ハプロタイプは日本全国に一樣に分布しているのではなく、それぞれ地域毎に局在しています。このことから、自然状態での移動はかなり制限されていることがわかります。

また、塩基配列の比較からハプロタイプ間の関係をみると、九州と本州の間で遺伝的に大きな違いがあり、つぎに本州のなかで東日本と西日本、さらに東日本のなかでは東北と関東のグループ、西日本のなかでは中部と西日本グループ、九州のなかでは北九州と南九州グループに分けられるという関係があることがわかりました。

つぎに、このグループ関係と地理的位置関係の対応から、海峡やフォッサ・マグナ、中央構造線のような地理的・地質的な構造に対応して、これらのハプロタイプグループが明確に区別され、自然状態での移動はかなり制限され

ていることがわかりました。これは幼虫が水生であるために水系ごとに移動が制限されているためだと思われます。

また、発光間隔からみた2秒型と4秒型の違いは、ハプロタイプグループ間の関係から東北と関東グループの祖先型において2秒型から4秒型が派生してきたものと考えられます。

人為的な移入による遺伝的な攪乱

最近の研究から、2秒型ゲンジボタル(西日本)と4秒型ゲンジボタル(東日本)の分布の境界線上に3秒間隔で明滅するホタルがみつき、2秒型と4秒型の雑種の可能性が考えられています。これは人為的な持ち込みの結果とは考えられませんが、ホタルの遠距離の移動は、このような雑種をつくる可能性がある、ということを示しています。

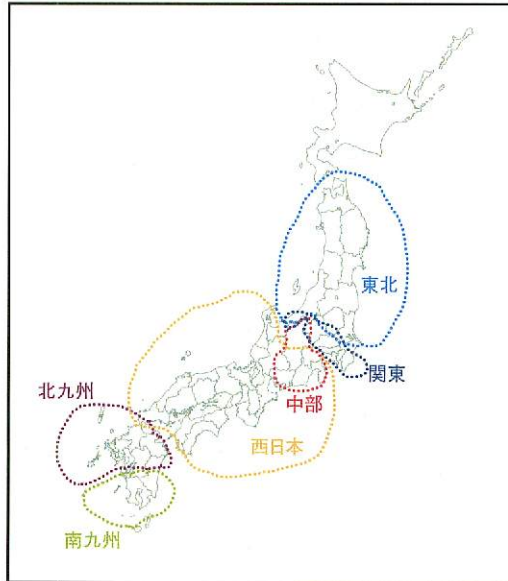
東京都のホタルについて、ミトコンドリアDNAのハプロタ

イブの分布を、全国レベルと比較すると、東京都には本来中部や西日本でみられるハプロタイプがかなりみられることがわかりました。これは人為的に持ち込まれたホタルが定着したことを意味すると考えられます。今後、自然環境の保全・復元においてホタルを移植する場合には、このような遺伝的な背景を考慮していく必要があるのではないのでしょうか。

その他の種の遺伝的多様性調査結果(昆虫類)

ニホントガリシダハバチは、現在自然環境下で種分化が進行中の貴重な例で、イノデのみを寄主とするイノデ生態種とジウモンジシダのみを寄主とするジウモンジシダ生態種を認識できます。アロザイムによる解析やミトコンドリアDNAのCOII遺伝子領域の塩基配列の比較では、2つの生態種に特徴的な違いはありませんでした。外部形態や染色体にも違いはみられないことが知られています。他の証拠から、ジウモンジシダ生態種からイノデ生態種が進化した、と推定されていますが、その進化の時期が極めて最近で、検出できるような遺伝的な変異が蓄積されるほど時間がたっていないのではないかと考えられます。

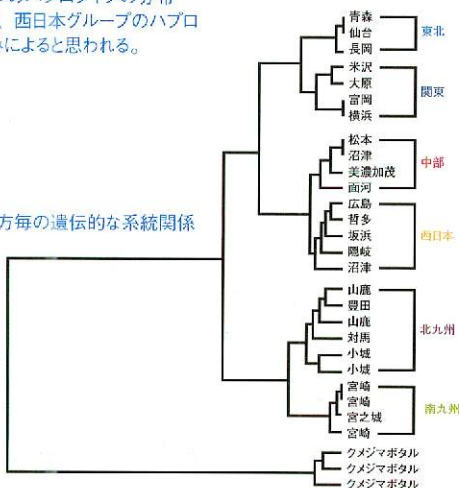
集団	ハプロタイプ(頻度%)		
	関東グループ	中部グループ	西日本グループ
奥多摩町寸庭		10%	90%
檜原村神戸	72%	14%	14%
檜原村千足		10%	90%
青梅市成木	75%		25%
あきる野市入野	100%		
あきる野市横沢	50%		50%
あきる野市菅生	57%		43%
八王子市高月	100%		
八王子市元八王子			100%
八王子市丹木		100%	
八王子市鎌木	10%		90%
八王子市下橋木	100%		
八王子市南大沢			100%
日野市宮草	50%		50%
町田市小野路	100%		
稲城市坂浜	100%		
小平市玉川上水	100%		
小平市小川			100%
調布市小島		56%	44%
杉並区久我山			100%
杉並区久我山	67%		33%



●ハプロタイプグループの地理的な関係

●東京都のゲンジボタルのハプロタイプの分布
少なくとも中部グループ、西日本グループのハプロタイプは人為的な持ち込みによると思われる。

●地方毎の遺伝的な系統関係



《コラム》 遺伝的多様性の調べ方(1): RFLP法

この方法のRFLPとは、Restriction Fragment Length Polymorphismの略で、制限酵素断片長多型と訳します。

DNAのA、C、G、Tという4種類の塩基は、DNA中に一列に並んでいます。制限酵素とは、DNAを特定の塩基の配列で切断する酵素で、例えばEcoRIという酵素はGAATTCという塩基配列の場所だけを切断します。切断される塩基配列は酵素によっていろいろで、MspIという別の酵素はCCGGという配列を切断します。

RFLP法では、調べたいDNAの特定の配列を制限酵素ですべて切断し、切断断片の長さのパターンを調べます。この切断断片の長さは同じDNA、同じ制限酵素であれば常に同じです。違うDNAであれば、断片の長さが違ってきます。つまり、DNAの違いを切断断片の長さのパターンで比較できることになります。RFLP法の原理は、いわゆる「DNA鑑定」などでも用いられることがあり、個人の特定や親子鑑定などにも応用できる方法です。