

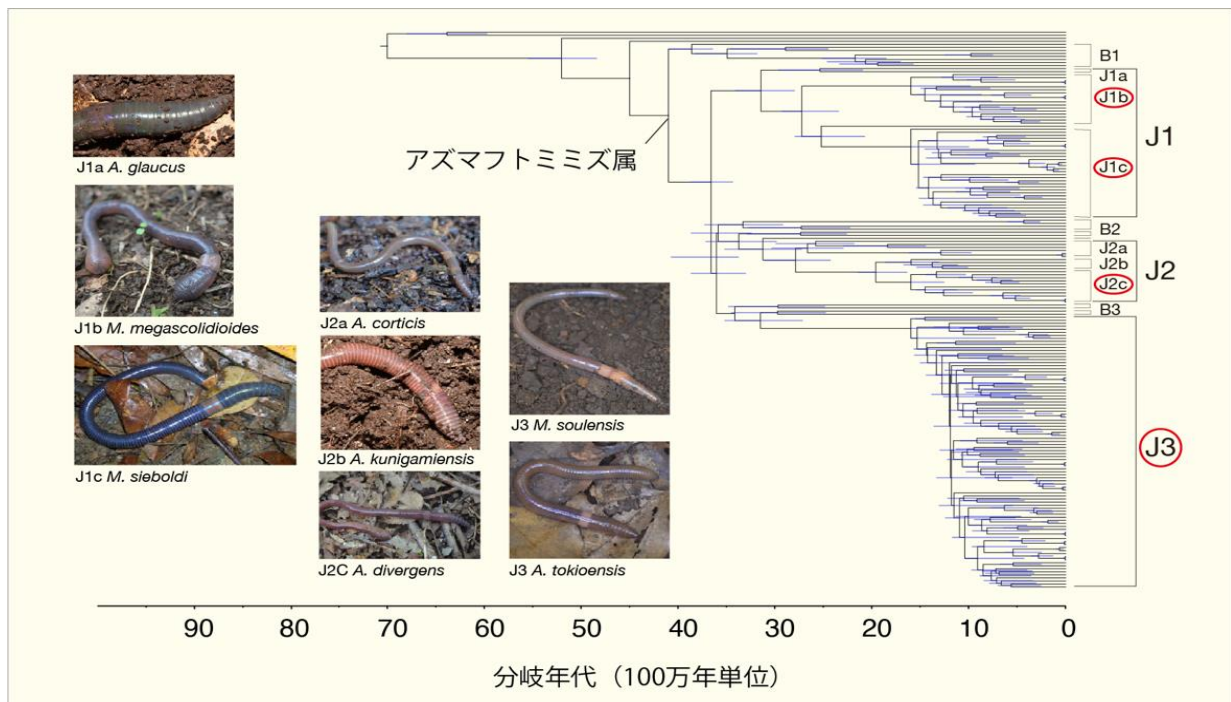
日本のフトミミズ類の多様性と系統関係を解明

概要

ミミズは落葉落枝の分解者として土壌の形成に重要な役割を果たすとともに、さまざまな動物の餌となり、陸上生態系の生物多様性を支えています。日本を含む東アジアでは、ミミズの大部分はフトミミズ科の種で、中でもアズマフトミミズ属の仲間が多く、ミミズ類全体の 80% 程度の種数を占めると言われています。この属は日本では 140 種程度記録されていますが、それらの種の系統関係や起源は分かっていませんでした。

京都大学大学院理学研究科の佐藤千佳修士学生（研究当時）と曾田貞滋教授、弘前大学農学生命科学研究科の念代周子修士学生と池田紘士准教授（研究当時、現在東京大学准教授）、国立科学博物館の長太伸章特定研究員、東京大学の奥崎穰講師、栃木県立博物館の南谷幸雄主任研究員らの研究グループは、北海道から沖縄までの日本列島から得られた約 200 個体のフトミミズ類からミトコンドリアゲノム（ミトゲノム）DNA 配列データを取得し、データベースに登録されている中国などのフトミミズ類の DNA 配列データとあわせて系統解析を行いました。その結果、琉球列島を含む日本に生息するアズマフトミミズ属は 3 つの異なる系統群に属すること、本土（九州～北海道）の固有種は、4 つの系統群に分かれることが分かりました。

本研究の成果論文は 2 月 25 日に国際学術誌「*Molecular Phylogenetics and Evolution*」にオンライン掲載されました。



日本産アズマフトミミズ属のミトゲノム DNA に基づく系統関係。中国、韓国の種を含む。赤丸で囲んだ J1b、J1c、J2c、J3 は日本固有の系統群。

1. 背景

これまでに日本からは約 140 種のアズマフトミミズ類（アズマフトミミズ属およびフクロフトミミズ属、キクチミミズ属、コマルミミズ属を含む）が知られています。そのほとんどは日本だけに見られる固有種です。東アジアのアズマフトミミズ属とその近縁属であるフクロフトミミズ属の関係については、分子系統解析結果から、両者は別系統ではなく、ひとつの属として扱うべきであることが指摘されてきました。しかし、短い DNA 配列から深い分岐を含めたアズマフトミミズ類の種の系統関係を正確に推定することは困難でした。アズマフトミミズ属およびその近縁属の関係をはっきりさせるとともに、日本の固有種の系統的起源を解明するためには、より多くの系統情報を含むミトコンドリアゲノム全体の DNA 配列や、核ゲノムからの多数の DNA 配列を解析する必要性がありました。

2. 研究手法・成果

本研究では、日本産のフトミミズ科 197 個体から全ゲノム DNA を抽出し、ショットガンシーケンスデータを取得して、全ミトゲノム配列と核ゲノムのリボゾーム DNA 配列（18S リボゾーム RNA 遺伝子から 28S リボゾーム RNA 遺伝子まで）のアセンブルを行いました。そしてミトゲノム DNA 配列、核リボゾーム DNA 配列、両方を合わせたデータのそれぞれについて系統解析を行いました。ミトゲノムデータでは、データベースから取得した中国・韓国産の 24 種のデータを含めて全 221 個体で系統解析を行うことによって、大陸の種との系統関係を詳細に解析しました。さらにより多くの日本、台湾、中国本土の種のミトコンドリア COI 遺伝子配列データを解析し、各系統群の地理的範囲を推定しました。

本研究の系統解析結果から、アズマフトミミズ属から分けられたフクロフトミミズ属、キクチミミズ属、コマルミミズ属に属する種は、独立した系統群を形成するものではなく、すべて最も古い属名であるアズマフトミミズ属に含めるべきであることが示唆されました。また、分子系統に基づく種判別結果と形態で識別した既知種に基づいて種数を推定したところ、今回解析したサンプルには 118~144 種が含まれ、そのうち 111~137 種が日本固有種でした。固有種を含む日本のアズマフトミミズ属の種は、中国の異なる系統に由来する 3 つの系統群（J1, J2, J3）に分けられ、その中に北海道から九州までの日本列島での固有種からなる 4 つのサブ系統群（J1b, J1c, J2c, J3）が認められました。一方、琉球列島の固有種は、台湾産を主とする 2 つのサブ系統群（J1a, J2b）と、中国本土産を主とする 1 つのサブ系統群（J2a）に属していました。琉球列島の固有種の祖先は、台湾もしくは中国本土から直接移入してきたものと推測されます。各系統群の形態的特徴（受精嚢孔、腸盲嚢）と生態的特徴（生息深度、越冬態）について比較したところ、J3 ではほとんどの種が表層性で、卵で越冬し、受精嚢孔が 2 対、指状の腸盲嚢をもつが、J1、J2 では深層性で幼体~成体で越冬し、受精嚢孔数は変異に富み、腸盲嚢は単純型・鋸歯型が多い傾向がありました。J3 を主とする表層性の種は、九州・四国・本州で多数の種に分かれ、最も普通に見られるミミズとなっています。

3. 波及効果、今後の予定

本研究の結果に基づいて、形態情報だけでは困難な、日本および東アジアのアズマフトミミズ属の種の分類と系統関係の解明が進むことが期待されます。また、日本各地のアズマフトミミズ類の系統構成とその生態的特徴の概要が分かったことにより、フトミミズ類の生態的機能の研究が促進され、土壌生態系の保全における在来種のフトミミズ類の存在の重要性が明確になることが期待されます。

この研究プロジェクトは 2023 年 3 月をもって終了しますが、今後はミトゲノムだけでなく核 DNA の

多数の領域の DNA 配列データを用いた解析を、より多くの既知種を含めて行うことが望まれます。

4. 研究プロジェクトについて

本研究は科学研究費補助金基盤研究(A)、研究課題「種多様性はどう決まるか? : 生態ゲノミクスによる捕食者・被食者系の進化群集生態学」(2019~2022 年度)の支援のもとで行われました。

<研究者のコメント>

私達は日本固有のオサムシ類(オオオサムシ亜属)の種の多様化の背景を解明する目的で、オオオサムシ亜属の幼虫が餌とするフトミミズ類について調べてきました。今回の研究で、とくに落ち葉の下に生息する表層性のアズマフトミミズ属の系統が多様化していることが分かりました。その系統がオオオサムシ亜属の繁栄を支えていたわけです。この研究で、ともに大陸の系統に由来する捕食者と被食者の日本列島での多様化の歴史が分かったことは大きな成果です。今後は、私達の研究をもとにして、日本産フトミミズ類の分子系統解析が進展し、さらにアジアの広い地域でのフトミミズ類の系統進化を解明する研究に発展していくことを期待しています。(曾田貞滋)

<論文タイトルと著者>

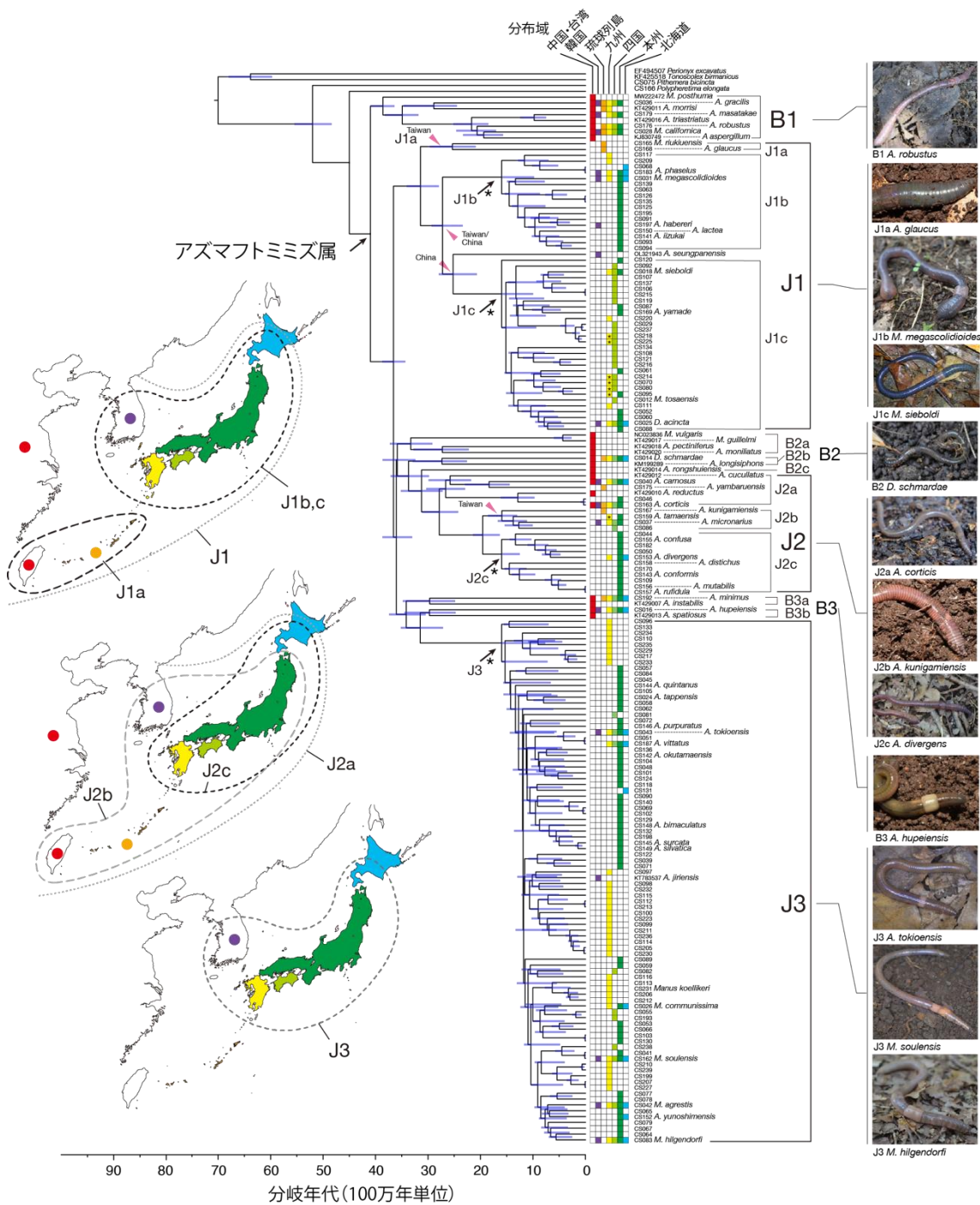
タイトル: Origin and diversification of pheretimoid megascolecid earthworms in the Japanese Archipelago as revealed by mitogenomic phylogenetics

著者: Chika Sato, Noriko Nendai, Nobuaki Nagata, Yutaka Okuzaki, Hiroshi Ikeda, Yukio Miyamiya, Teiji Sota

掲載誌: *Molecular Phylogenetics and Evolution*

DOI: 10.1016/j.ympev.2023.107735

< 参考図表 >



日本産フトミズ類の系統関係と系統群の分布。系統関係は最尤法系統樹に年代推定を行った系統樹で示す。アズマフトミズ属は、フクロフトミズ属、キクチミズ属、コマルミズ属の種を含む。右側に代表的な種の写真を示した。