

助成年度：平成5年度

[所属] 名古屋大学 理学部
[役職] 教授
[氏名] 堀 寛 (他計4名)

[課題]

ミンククジラの遺伝的多様性

DNA塩基配列相違度による資源保護指標の構築

[内容]

南氷洋から採取されたミンククジラ標本(A0)20個体、北太平洋個体(NP)9個体、南氷洋にすむ小型のミンククジラであるコビトミンク(AD)15個体からミトコンドリアDNA(mtDNA)を分離し、そのDループ領域344塩基のDNA塩基配列を決定した。これに既知の北大西洋標本(NA)87個体、南氷洋標本1個体のDNAデータを加え、総計132個のDループ配列をもとに、遺伝子レベルで集団内の遺伝的多様性を測定、これを各亜群間で比較し、分子進化系統樹を構築した。

その結果、北半球群と南半球群のミンクは約1000万年前にわかれ、さらに北半球内では太平洋と大西洋の亜群を構成している。その各群は遺伝的に隔離されており推定では相互に交雑することはない。またミンクのなかでも局地的に生存するコビトミンクは南氷洋にいるにも関わらず、北半球ミンクに近く独立種の可能性が高いことが判明した。

系統樹によると、ミンククジラの各集団NA、NP、A0とADは、独立したクラスターを形成し、遺伝的に隔離されている。A0集団は、他の3グループと系統的に大きく離れており、南氷洋に生息するAD集団は、北半球の集団と近縁である。別に作成した系統樹によると、ミンククジラは、ナガスクジラ科の中でも最も古い起源を持っている。化石資料によると、塩基配列の進化速度は、100万年あたり約1%の塩基相違度に相当し、また、ナガスクジラ科は大西洋にその起源を持っている。これらの結果から、ミンククジラの共通祖先は、ナガスクジラの共通祖先が中期中新世(10~16Mya)に生じてまもなく、大西洋で発生したと考えられる。この集団からまずA0集団が速やかに分岐し、その後、アメリカ大陸のパナマ海峡の閉鎖などの影響を受けて、他の集団が分岐した。後期中新世(6~10Mya)に生じたザトウクジラと比べて、ミンククジラでは、より古い年代から互いに明確に隔離された地理集団が発達した結果、現在の大きな遺伝的多様性を獲得したのだろう。ミンククジラ種内でも最も進化距離の離れているA0集団とAD集団は、同じ海域に生息するにもかかわらず生殖隔離されており、これらは別種であると考えられる。