

ヒメジャノメとウラナミジャノメの系統と琉球の島嶼化による異所的種分化 Molecular phylogeny of Mycalesis and Ypthima, its vicariant speciation in Ryukyu

遅沢 壮一^{1*}
Soichi Osozawa^{1*}

¹ 東北大学理学研究科地学専攻

¹Department of Earth Sciences, Graduate School of Science, Tohoku University

線形化した樹形図において、ある分岐点での DNA 配列はその年代の古代 DNA の配列そのものである。つまり、現生生物の DNA は古代 DNA の情報をもっている、一種の化石である。分岐年代の化石を見出し（例えばオキナワウラジロガシ）形態を比較し、その化石から DNA を取り出して、配列を読むならば、予想される分岐点での配列と直接、比較できる。今回の研究は、現生生物の DNA 解析であるが、一面では古代ゲノム研究となっている。なお、未来の配列も予測できるかも知れない。

昨年の本セッションで講演した、昆虫 4 種についての、GenBank データを用いた系統解析は、Entomological Science に掲載予定である。

固有種を含む琉球産を中心に、また比較のため、日本、台湾、朝鮮、中国、ベトナム産のヒメジャノメとウラナミジャノメについて、ミトコンドリア COI (約 650bp) について、自らのデータを用いて、分子系統解析を行った。琉球は 1.55Ma に一斉に島嶼化し、孤立している。このことが、樹形図に表現されるはずで、理想的には島毎に、一斉に分岐して、種分化する。また、1.55Ma に先立って、南北中国で種分化が起こっていて、これも樹形図に反映されるはずである。これらをより詳細に述べる予定である。

キーワード: ヒメジャノメ, ウラナミジャノメ, 琉球, 1.55 Ma の孤立化, 樹形図, 異所的種分化

Keywords: Mycalesis, Ypthima, Ryukyu islands, 1.55 Ma isolation, molecular phylogenetic tree, vicariant speciation