

汎世界種ナシゴケ (ヌマチゴケ科、蘚類) を対象とした分子系統地理学的研究

加藤健吾¹、伊村智²

¹総合研究大学院大学・極域科学専攻

²国立極地研究所

Molecular phylogeography of the cosmopolitan moss, *Leptobryum pyriforme* (Meesiaceae, Musci)

Kengo Kato¹ and Satoshi Imura²

¹Department of Polar Science, SOKENDAI

²National Institute of Polar Research

To understand the basis of the biogeographical process (e.g. vicariance, dispersal and speciation) of bryophyte species, which often show the wide and even global distribution, it is important to know the phylogeographic pattern of the species. The moss *Leptobryum pyriforme* (Hedw.) Wilson is known as a cosmopolitan and pioneer species. The occurrences of this species are reported from broad geographical ranges, even from Antarctica. The high productivity of small size spores seems to advantage for the dispersal and broad distribution of this species. In this study, the phylogeographic pattern of this species was preliminary investigated by the haplotype network analysis based on two cpDNA (*rps4-trnS* and *trnL-F*) and nuclear internal transcribed spacer (nrITS) regions. Total 49 specimens from the world (Fig. 1) were analyzed.

The minimum spanning network showed the relationships among 13 haplotypes into which 49 specimens were divided (Fig. 2). The two most common haplotypes that are separated by one base substitution in cpDNA were shared by 33 specimens, which cover all geographic sampling regions in this study. The fact shows that these two closely related haplotypes spread throughout the world. It is also suggested that the immigration of these haplotypes among the populations were achieved by frequent dispersal events. On the other hand, high haplotype diversity in northern North America (i.e. Canada and Alaska) suggests that the genetic diversity of *L. pyriforme* is high at least in this region. However, since the sampling bias is a problem in the current study, a more global sampling of this species should be needed in the future.

蘚苔類 (コケ植物) においては、世界的分布や広域隔離分布を示す種が多く知られている。このような種における地理的分布の形成過程を理解するためには、現存集団の系統地理パターンを解明することが重要となる。本研究では、汎世界的な分布を示すナシゴケ *Leptobryum pyriforme* (Hedw.) Wilson を対象とし、本種の広範な地理的分布パターンの形成過程を解明する事を目的とし、世界的な規模での分子系統地理解析を行う事とした。

世界の広い地域から採集された 49 標本 (Fig. 1) は、ハプロタイプネットワーク解析により 13 ハプロタイプへと分けられた (Fig. 2)。世界的な地域から採取された 33 標本が 2 つの主要なハプロタイプに属した。この事は、2 つの主要なハプロタイプが世界的な範囲に渡って存在しているという事を示しており、これら 2 つのハプロタイプを持つ個体が頻繁な散布により各地の集団間を移動してきた可能性が示唆された。対して、北アメリカ北部の集団では、他地域とくらべ、多くのハプロタイプが検出された。サンプル数に偏りがあるものの、少なくともこの地域において、本種は高い遺伝的多様性を有している事が示唆された。

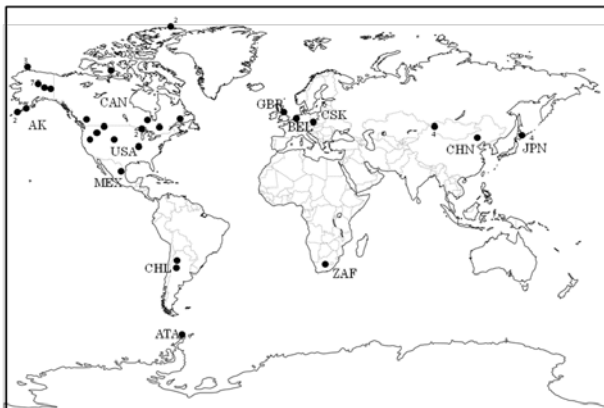


Fig. 1 The locality of specimens used in this study

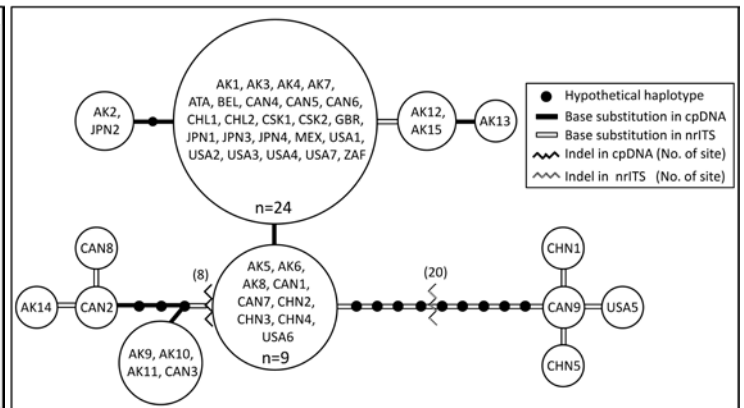


Fig. 2 The minimum spanning network for the 49 specimens