

## ニホンイシガメの地理的変異

鈴木 大<sup>1</sup>, 疋田 努<sup>2</sup>

<sup>1</sup> 108-8477 東京都港区港南4-5-7 東京海洋大学 海洋科学部 食品生産科学科 食品冷凍学研究室

<sup>2</sup> 606-8502 京都府京都市左京区北白川追分町 京都大学大学院理学研究科 動物学教室 動物系統学研究室

Geographic variation in the Japanese pond turtle, *Mauremys japonica*

By Dai SUZUKI<sup>1</sup>, Tsutomu HIKIDA<sup>2</sup>

<sup>1</sup> Department of Food Science and Technology, Tokyo University of Marine Science and Technology, 4-5-7, Konan, Minato-ku, Tokyo, 108-8477, Japan

<sup>2</sup> Department of Zoology, Graduate School of Science, Kyoto University, Sakyo, Kyoto, 606-8502, Japan

### はじめに

ニホンイシガメ (*Mauremys japonica*: 以下イシガメ) は日本だけに生息する固有種で、本州や四国、九州、周辺島嶼の淡水域に生息します。このイシガメは環境省のレッドリスト(2006年度版)では情報不足種とされていますが、各都道府県のレッドリストでは26都府県でリスト(絶滅危惧 I 類, II 類, 準絶滅危惧)に挙げられています(矢部, 2007)。したがって、イシガメは減少傾向にあると考えられます。生物の保全を考える上で、その生物種(亜種や個体群についても同様)の地理的変異を知ることが非常に重要です(樋口, 1996; 小池・松井, 2003)。これまでにイシガメの地理的変異に関する報告は乏しかったのですが、イシガメの遺伝子塩基配列に基づいた地理的変異に関する論文を発表しましたので、ここで簡単に紹介させていただきます。以下の文章は Suzuki and Hikida (2011)の内容に基づくものです。

### 研究紹介

日本各地43地点から得られた、計238個体のイシガメのミトコンドリアDNAのチトクロームb遺伝子とコントロール領域の塩基配列に基づき、ネットワーク樹を描きました。これら解析に用いた遺伝子は、一定の速度で変化を起こすことが知られている領域です。そのため、例えば地理的に離れた2つの集団の塩基配列を比較した際に、遺伝的に遠く離れている(塩基配列が相対的に似ていない)場合は、その2集団はかなり昔に別れたことを示します。逆に、近い場合(塩基配列が相対的に似ている)は2集団が別れてからあまり時間が経っていないことを、そしてさらに2集団が同じ塩基配列を持っていれば今でも遺伝的な交流が起きている可能性を示すことになります。

今回の解析では、遺伝的に異なる2集団が確認されました(図.1)。それぞれをグループA及びBとすると、Aでは21個の、Bでは13個の遺伝子型(ハプロタイプ)があり、また各グループの中央には頻度の高い遺伝子型(A-4とB-1)が確認されました。頻度が高くネットワーク樹の中央に位置する遺伝子型は祖先的である可能性が高いので、A-4とB-1は

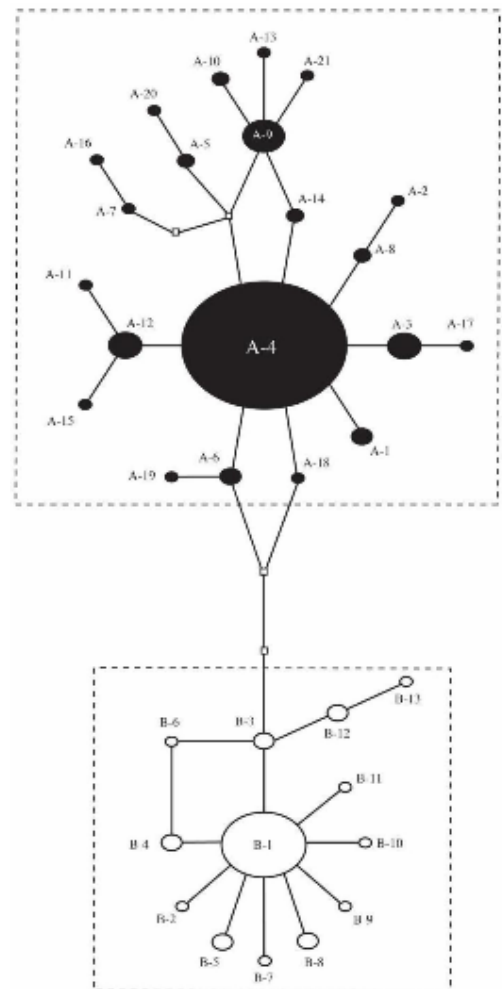


図1. ニホンイシガメのミトコンドリアDNAのチトクロームb遺伝子とコントロール領域を合わせた塩基配列に基づくネットワーク樹。シンボルのサイズが個体数頻度を示し、シンボル間のバーが1塩基置換を意味する。白い四角で示したシンボルは、今回の解析では得られなかった遺伝子型を示す。Suzuki and Hikida (2011)より一部改変。

## 亀楽 (2)

それぞれのグループの祖先であると考えられます。そして、それら祖先的な遺伝子型から、新しい遺伝子型(A-4とB-1以外のもの)が派生してきたことを意味していると考えられます。

次に、2集団の地理的な分布を示します(図2)。グループAは東側に多く、関東地方から中国地方の一部、そして四国に分布していました。一方、グループBは西側に多く、中国地方の一部と九州に見られました。広島県と島根県では両集団が同所的分布をしていることもわかりました。もう少し細かく見てみると、各グループ内で頻度の高かった2つの遺伝子型のうち、A-4は図2の点線で囲った近畿地方を中心とした広い地点で、B-4はグループBが見つかった全ての地点で確認されました(ただし、これらの地域の個体が全てA-4またはB-1の遺伝子型であったわけではありません)。すなわち、両遺伝子型はとても広い地理的分布を持っており、これは祖先的な遺伝子型の特徴でもあるとされています。次に、両集団が同じ場所から見つかった中国地方では、遺伝子型A-9、A-13、A-14、B-1、B-7、B-9が見られました。これらは同じ調査地点で見つかった遺伝子型であるにも関わらず、図1で示した通り遺

传的に遠いものでした。この結果は遺伝的に異なった両グループがこの地域で接触したことを示していると考えられます。また、千葉県や鹿児島県種子島といった分布域の周辺部では、固有の遺伝子型が見られる傾向がありました。

このように、イシガメは遺伝的に異なる2つの集団から構成されており、それぞれには祖先的と考えられる遺伝子型が存在します。また、両集団は中国地方を境に東西に別れて分布しており(東:グループA、西:グループB)、両グループが混在する広島県や島根県では2グループが二次的な接触をしていることがわかりました。また、地域ごとに遺伝的に分化していることが示され、これはイシガメの保全を行う際に種内地理的変異に関して十分に留意しなければならないことを示しています。

### 引用文献

樋口広芳. 1996. 保全生物学. 東京大学出版会. 東京.

小池裕子・松井正文. 2003. 保全遺伝学. 東京大学出版会. 東京.

Suzuki D and Hikida T. 2011. Mitochondrial phylogeography of the Japanese pond turtle, *Mauremys japonica* (Testudines, Geoemydidae). *Journal of Zoological Systematics and Evolutionary Research*, 49, 141–147.

矢部隆. 2007. ニホンイシガメ p.107–128. 内山りゅう(編). 今, 絶滅の恐れがある水辺の生き物たち. 山と溪谷社. 東京.

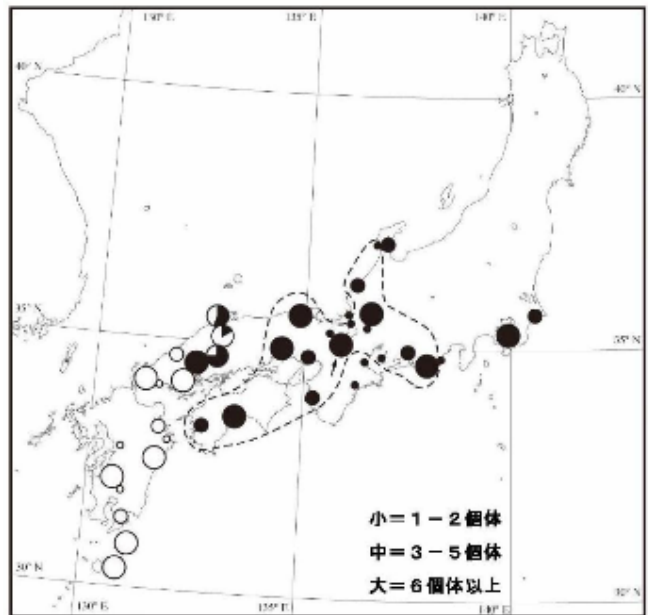


図2. ニホンイシガメの遺伝子型の地理的分布図。黒いシンボルはグループAを、白いシンボルはグループBを示す。黒い矢印は3地点を合わせたシンボルであることを意味する。シンボルサイズは個体数の大きさを意味する。破線で囲まれた地域は、遺伝子型A-4が見られた地点を示す。Suzuki and Hikida (2011)より一部改変。