

学 位 審 査 報 告 書

(ふ り が な) 氏 名	すずき だい 鈴木 大
学位 (専攻分野)	博 士 (理 学)
学 位 記 番 号	理 博 第 号
学 位 授 与 の 日 付	平成 年 月 日
学 位 授 与 の 要 件	学 位 規 則 第 4 条 第 1 項 該 当
研 究 科 ・ 専 攻	理学研究科 生物科学専攻
(学位論文題目) ニホンイシガメおよびクサガメの系統地理学的研究	
論 文 調 査 委 員	(主査) 疋田 努 教授 曾田貞滋 教授 沼田英治 教授

理 学 研 究 科

(続紙 1)

京都大学	博士 (理学)	氏名	鈴木 大
論文題目	ニホンイシガメおよびクサガメの系統地理学的研究		
(論文内容の要旨)			
日本列島は最終氷期において東アジアに生息する多くの生物の避難場所であった地域であり、東アジアを起源とする爬虫類の北限とされる。本研究では、この日本列島の固有種ニホンイシガメ(<i>Mauremys japonica</i>)と東アジア地域に広く分布するクサガメ(<i>Chinemys reevesii</i>)という2種のイシガメ科(Geoemydidae)に属する淡水性カメ類の系統地理を明らかにするため、DNA マーカーを用いて遺伝的組成を調査した。解析の結果、ニホンイシガメは遺伝的多様度が極めて低いものの、種内には遺伝的に異なる2つの系統が存在し、それらは関東地方から中国地方東部と四国に分布する系統と、九州と中国地方西部に分布する系統であることが明らかとなった。中国地方の広島県と島根県には、両系統が混在する地域があり、混在地域内の両系統間の遺伝距離は他の地点と比べ最も離れていた。さらに、ミスマッチ分布とTajima's <i>D</i> test を基に両系統の履歴を推定したところ、両系統共に分布の拡大が有意に支持された。両系統には祖先的なハプロタイプが存在し、それらはそれぞれ近畿地方と九州に特に多く見られた。この2つの地域は花粉化石研究によると、最終氷期最寒冷期において比較的温暖な場所であったことが示されており、ニホンイシガメの最終氷期の避難場所はこの両地域であると推定された。このように、ニホンイシガメは最終氷期に近畿地方と九州に分布を制限され、集団の減少に伴うボトルネック効果により遺伝的多様度が著しく低下したと推定された。これらの集団は、氷期の終了に伴い分布域を拡大し、現在では中国地方で両系統が二次的な接触を起こしていると考えられた。一方、クサガメの日本列島集団には3つの系統(A, B, C)が確認された。このうちAの系統は韓国、Bの系統は台湾のものとほぼ一致することが示された。このうち、Bの塩基配列のほとんどは、データベースに登録されている中国産クサガメのものとも同一であった。一方、Cは漢方薬材料として台湾に大陸から輸入されたクサガメの腹甲から得られた塩基配列に近かった。Aは主に西日本に多く、ほぼ全ての地点から確認されたのに対し、Bは大きく離れた東日本と九州で見つかった。Cは石川県でのみ発見され、他の2系統に混じって確認されたが、出現頻度は低かった。クサガメは従来日本の在来種であると考えられてきたが、最近化石や遺跡資料、江戸時代の文献調査などから外来種の可能性が高いことが指摘されていた。遺伝解析の結果は、日本産クサガメが複数の異なる起源を持つ外来種であることを強く示唆した。続いて、野外で捕獲されたニホンイシガメとクサガメの中間的な形態的特徴を持つ個体の遺伝子組成を調べた。その結果、ほとんどの個体が両種の核遺伝子を持っており、実際に野外において両種が交雑していることが確認された。また、遺伝子組成から一部の個体の母親が交雑個体であることが示された。このことから、少なくとも雌の交雑個体は正常な生殖能力を持ち、野外において繁殖に参加していることが判明した。したがって、親種への、特に日本固有種のニホンイシガメへの遺伝的攪乱が懸念される。			

(論文審査の結果の要旨)

日本列島産の爬虫類はその多くが列島内に広く分布する種で、地理的な種分化は知られておらず、地理変異についてもほとんど調査が行われていなかった。ところが、近年日本列島に広く分布するニホントカゲについて遺伝的な変異の調査が行われ、この種には側所的に分布する3種が含まれることが明らかとなった。そこで他の日本列島産爬虫類についても地理的変異や遺伝的な分化が起きているかどうかを明らかにするために、いくつかの種について調査が開始された。申請者が研究対象としたのは日本列島に広く分布するニホンイシガメとクサガメという淡水性のカメ類である。前者は日本固有種であるのに対し、後者は日本列島を含む東アジア地域に広く分布している。両種の日本列島内での地理的変異に関する報告はほとんど無く、形態的・遺伝学的調査も行われていなかった。申請者は日本列島各地で野外調査を行って標本を採集し、遺伝的データを基に系統地理学的研究を行った。解析に用いた遺伝子マーカーはミトコンドリア遺伝子のチトクロームb領域およびコントロール領域である。この塩基配列を基に、地域集団間の系統解析を行った。その結果、ニホンイシガメは遺伝的な多様度が非常に低い、遺伝的に異なる2系統が確認され、その2系統が中国地方で二次的接触を起こしていることを明らかにした。一方のクサガメでは、日本列島集団内に遺伝的に異なる3系統を確認し、その遺伝的組成は中国、韓国のもものと全くの同一もしくは極めて近縁であることを示した。クサガメの日本列島集団については化石や遺跡資料、江戸時代以前の文献調査などから、最近外来種の可能性が指摘されていた。今回の結果は、クサガメの日本列島集団が複数の起源を持つ外来種である可能性が極めて高いことを示している。さらに、ニホンイシガメとクサガメの交雑について遺伝的に検証を行い、実際に野外において両種の交雑が生じていることを証明し、さらには雑種2代目以降の個体を複数確認した。これによって、日本固有種で在来種であるニホンイシガメは、クサガメとの交雑によって、遺伝的攪乱の影響を受けている可能性が高いと結論している。

以上の通り、申請者は自ら多くの地点で採集を行い、分子生物学的な手法を用いて系統地理学的解析を行うことで、日本列島におけるカメ類2種の進化史を明らかにした。さらに、得られた結果を基に保全遺伝学の観点からの指摘も行っている。特に、申請者の扱った種も含めカメ類は世界的にも減少傾向にあり、保全対策を練る上でも種内変異を明らかにすることは重要である。

よって、本論文は博士(理学)の学位論文として価値あるものと認める。また、平成23年1月11日論文内容とそれに関連した口答試問を行った。その結果合格と認めた