

# ミトコンドリア遺伝子D-loop領域に基づく トウキョウサンショウウオの遺伝的多様性

○林 義雄<sup>1</sup>・草野 保<sup>2</sup>

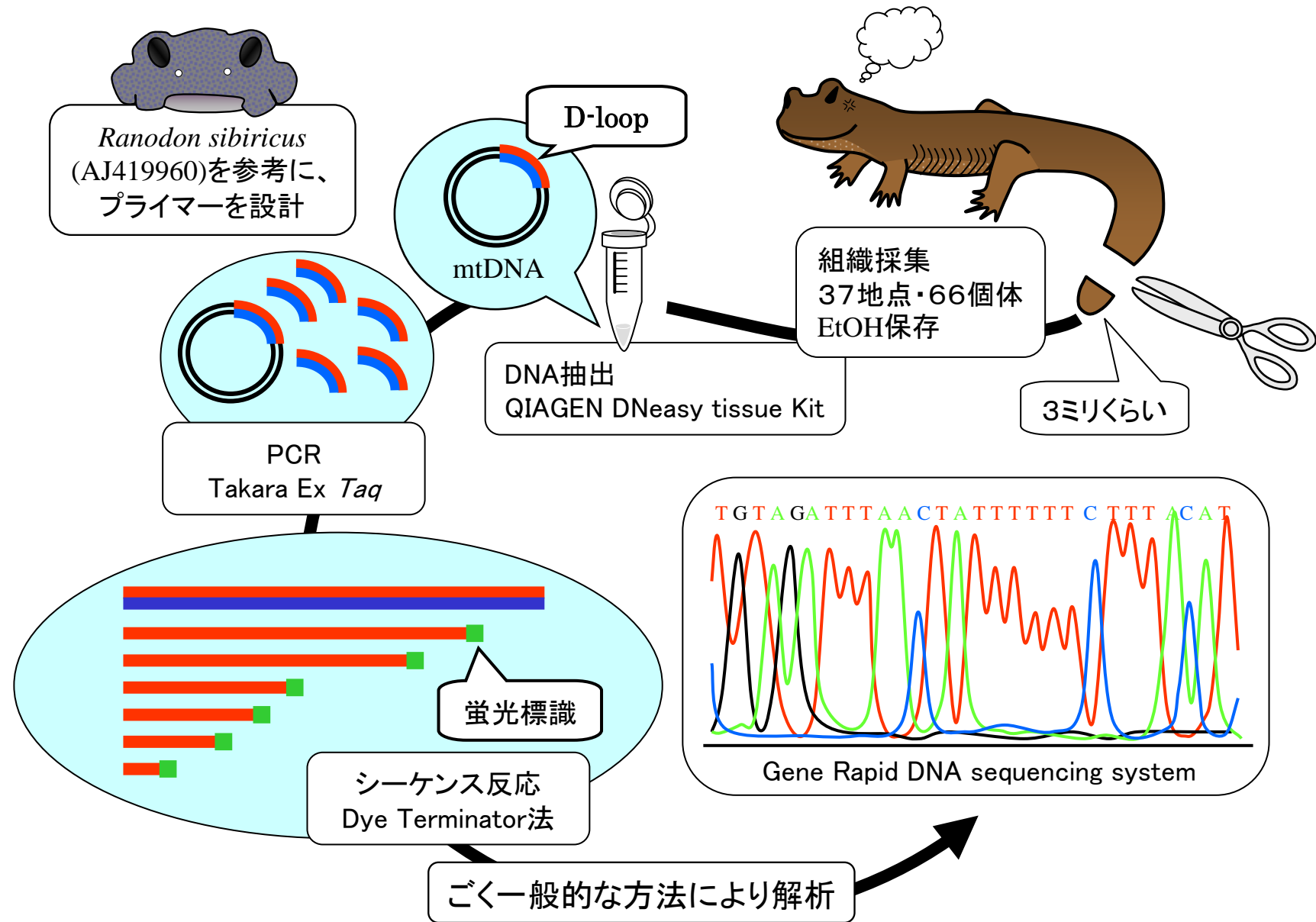
<sup>1</sup>(株)環境管理センター・環境基礎研究所

<sup>2</sup>首都大学東京・理工学研究科・生命科学

**研究内容:** トウキョウサンショウウオは移動性に乏しい生物種であり、特徴的な生息環境を要求するため、生物地理学的にも重要な存在である。種レベルでは、今すぐ絶滅の危機に瀕してはいないが、中には絶滅の可能性の高い地域個体群もある。そこで、地域個体群の絶滅や移植により、生物地理学的に重要な遺伝情報が失われる前に、その調査を試み、本種の保全のために役立てたい。



なお詳しい内容については下記の報文を参照されたい。  
林 義雄・草野 保. 2006. ミトコンドリア遺伝子 D-loop HV2 領域に基づくトウキョウサンショウウオの地域間変異. 爬虫両棲類学会報 2006(1): (印刷中)

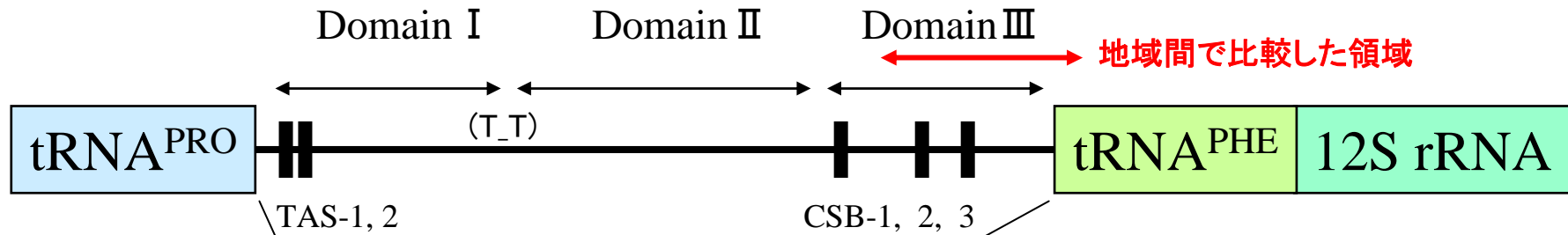


北グループと南グループ間で変異があるが、  
両グループ内では変異に乏しい。  
ギャップはみつからなかった。

両グループ内で変異が見られる。  
ギャップも数箇所ある。

(HV1: hyper-variable region 1)

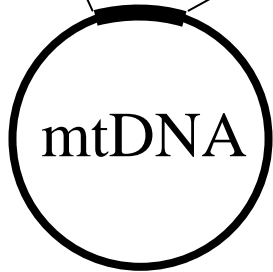
(HV2: hyper-variable region 2)



D-loop領域

ca. 800 bp

4個体のみ、  
D-loop全  
長の解析を  
行った。



mtDNA

前半に、T  
の繰り返し配  
列があり、  
その個数を  
決定できな  
かった。

Termination Associated Sequence motifs

TAS-1: TACAT

TAS-2: TACAT

Conserved Sequence Blocks

CSB-1: AGACATA

CSB-2: CCCCCCTACCCCC

CSB-3: ACCCCCA

確認された保存領域の配列。

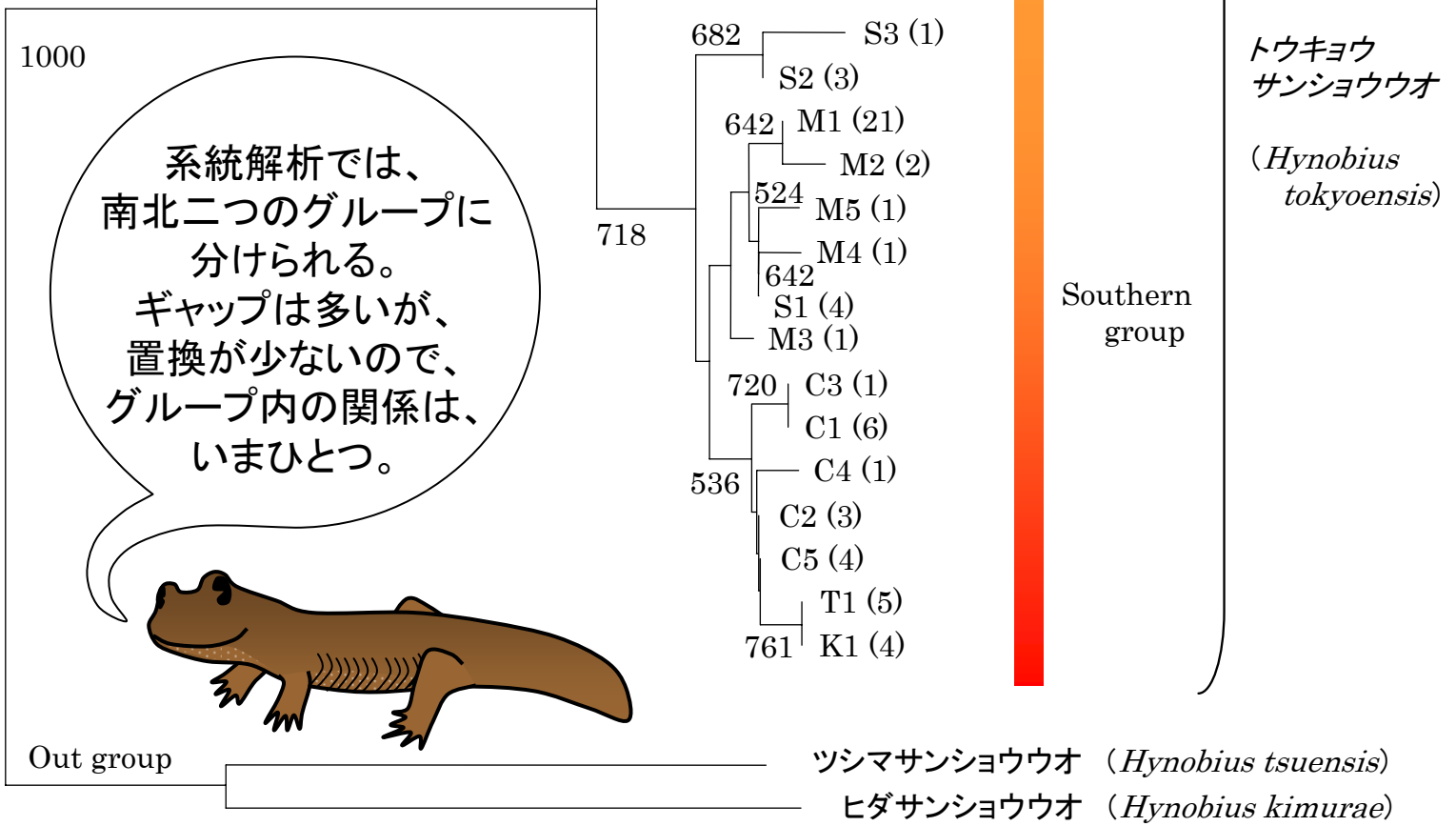
## ミトコンドリア遺伝子D-loop HV2領域に基づくハプロタイプの遺伝子配列

Haplotype	Nucreotide position in aligned 319 bp																				bp	
	52	76	80	114	139	152	157	169	212	222	232	236	251	255	259	270	275	284	287	295		297
F1	C	T	A	C	C	AAAA	A	T	T	AAAA-	G	TTATTTTTT--	C	A	C	A	TTTT-	G	CG	C	GTGT--	313
I1	C	T	A	A	C	AAAA	A	T	T	AAAA-	G	TTATTTTTT--	C	A	C	A	TTTT-	G	CG	T	GTGT--	313
I2	C	T	A	A	C	AAAA	A	A	T	AAAA-	G	TTATTTTTT--	T	A	C	A	TTTT-	G	CG	C	GTGT--	313
I3	C	T	A	A	C	AAAA	A	A	T	AAAA-	G	TTATTTTTT--	T	A	C	A	TTTT-	G	TG	C	GTGT--	313
I4	C	T	A	A	C	AAAA	A	A	T	AAAA-	G	TTATTTTTT-	C	A	C	A	TTTT-	G	CG	C	GTGT--	314
T1	A	T	C	A	T	AAA-	A	T	C	AAAAA	G	TT-TTTTTT-	T	A	T	A	TTTT-	G	TG	T	GTGTGT	315
S1	A	T	C	A	T	AAA-	A	T	C	AAAAA	G	TTATTTTTT--	C	G	T	A	TTTTT	G	TG	T	GTGT--	314
S2	A	T	C	A	T	AAA-	A	T	T	AAAAA	G	TTATTTTTTTT	A	G	T	A	TTTTT	G	TG	T	GTGT--	316
S3	A	T	C	A	T	AAA-	A	T	T	AAAAA	G	TTATTTTTT--	A	G	T	A	TTTTT	A	TG	C	GTGT--	314
M1	A	T	A	A	T	AAA-	A	T	C	AAAAA	G	TTATTTTTT--	C	G	T	A	TTTTT	G	TG	T	GTGT--	314
M2	A	T	A	A	T	AAA-	T	T	C	AAAAA	G	TTATTTTTT--	C	G	T	A	TTTTT	G	TG	T	GTGT--	314
M3	A	T	A	A	T	AAA-	A	T	C	AAAAA	G	TTATTTTTT--	T	G	T	A	TTTTT	G	TG	T	GTGT--	314
M4	A	T	C	A	T	AAA-	A	T	C	AAAAA	G	TTATTTTTT--	C	G	T	T	TTTTT	G	TG	T	GTGT--	314
M5	A	A	C	A	T	AAA-	A	T	C	AAAAA	G	TTATTTTTT--	C	G	T	A	TTTTT	G	TG	T	GTGT--	314
C1	A	T	C	A	T	AAA-	A	T	C	AAAAA	A	TTATTTTTT--	T	A	T	A	TTTTT	G	TG	T	GTGT--	314
C2	A	T	C	A	T	AAA-	A	T	C	AAAAA	G	TTATTTTTT--	T	A	T	A	TTTTT	G	TG	T	GTGT--	314
C3	A	T	C	A	T	AAAA	A	T	C	AAAAA	A	TTATTTTTT--	T	A	T	A	TTTTT	G	TG	T	GTGT--	315
C4	A	T	C	A	T	AAA-	A	T	C	AAAAA	G	TTATTTTTT--	T	A	T	A	TTTTT	G	TA	T	GTGT--	314
C5	A	T	C	A	T	AAA-	A	T	C	AAAA-	G	TTATTTTTT--	T	A	T	A	TTTTT	G	TG	T	GTGT--	313
K1	A	T	C	A	T	AAA-	A	T	C	AAAAA	G	TT-TTTTTT--	T	A	T	A	TTTTT	G	TG	T	GTGTGT	315

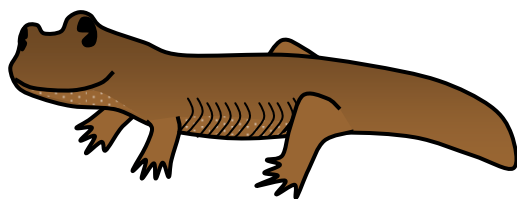
(色分けには意味は無いが、気になった配列)

**NJ tree**

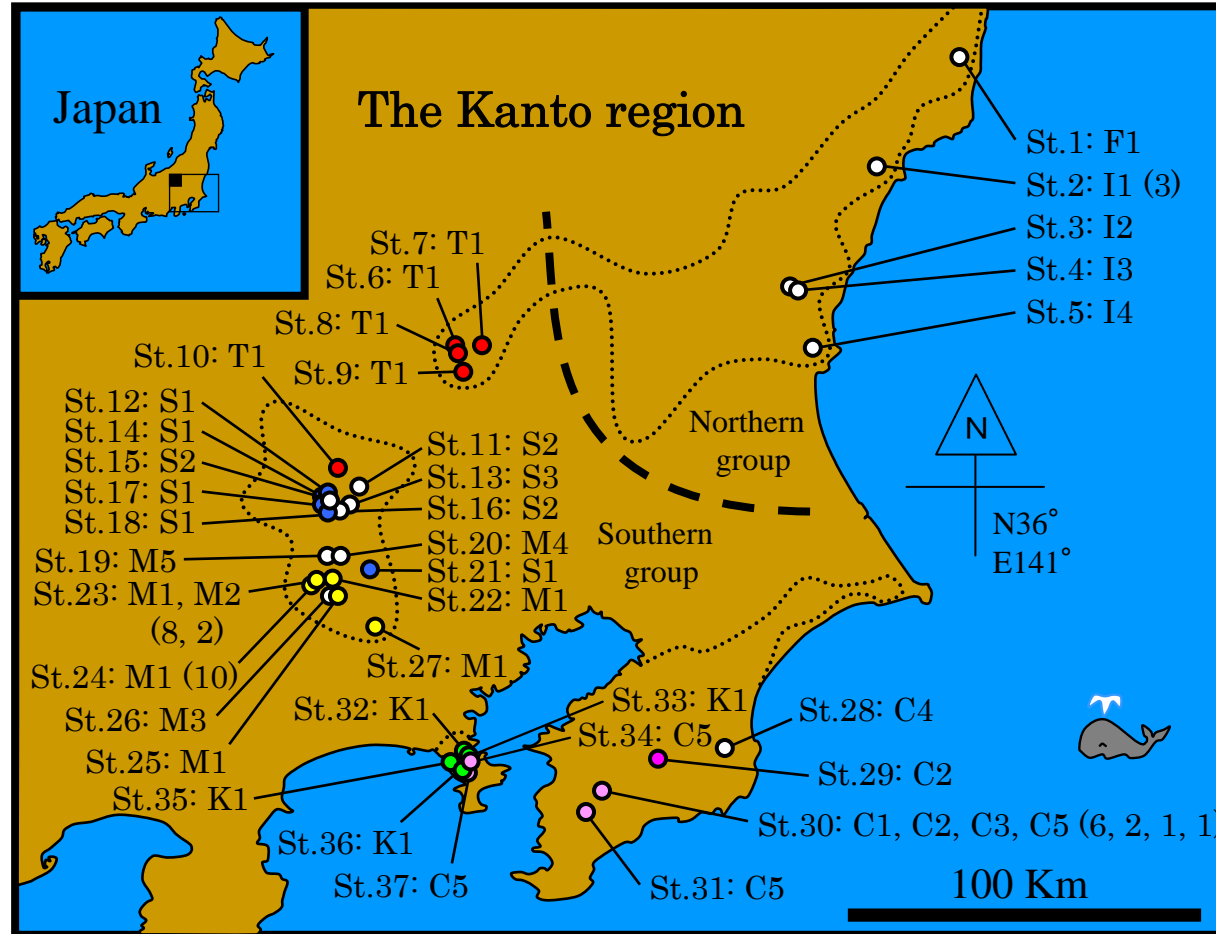
0.01  
Kimura's 2-parameter



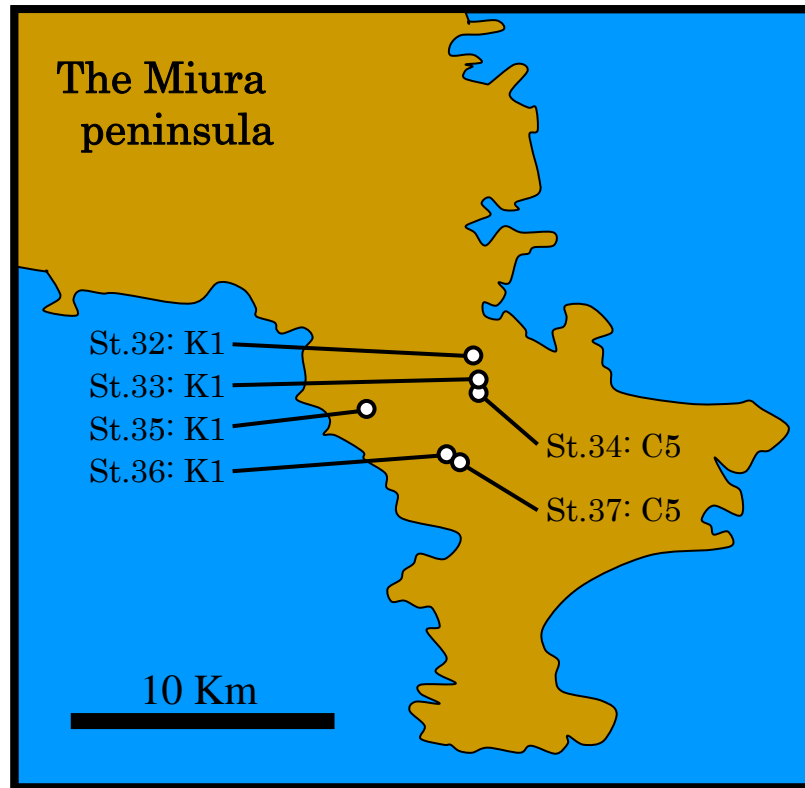
系統解析では、  
南北二つのグループに  
分けられる。  
ギャップは多いが、  
置換が少ないので、  
グループ内の関係は、  
いまひとつ。



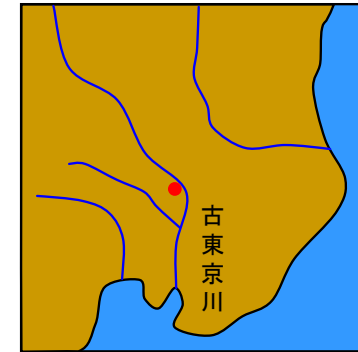
Out group

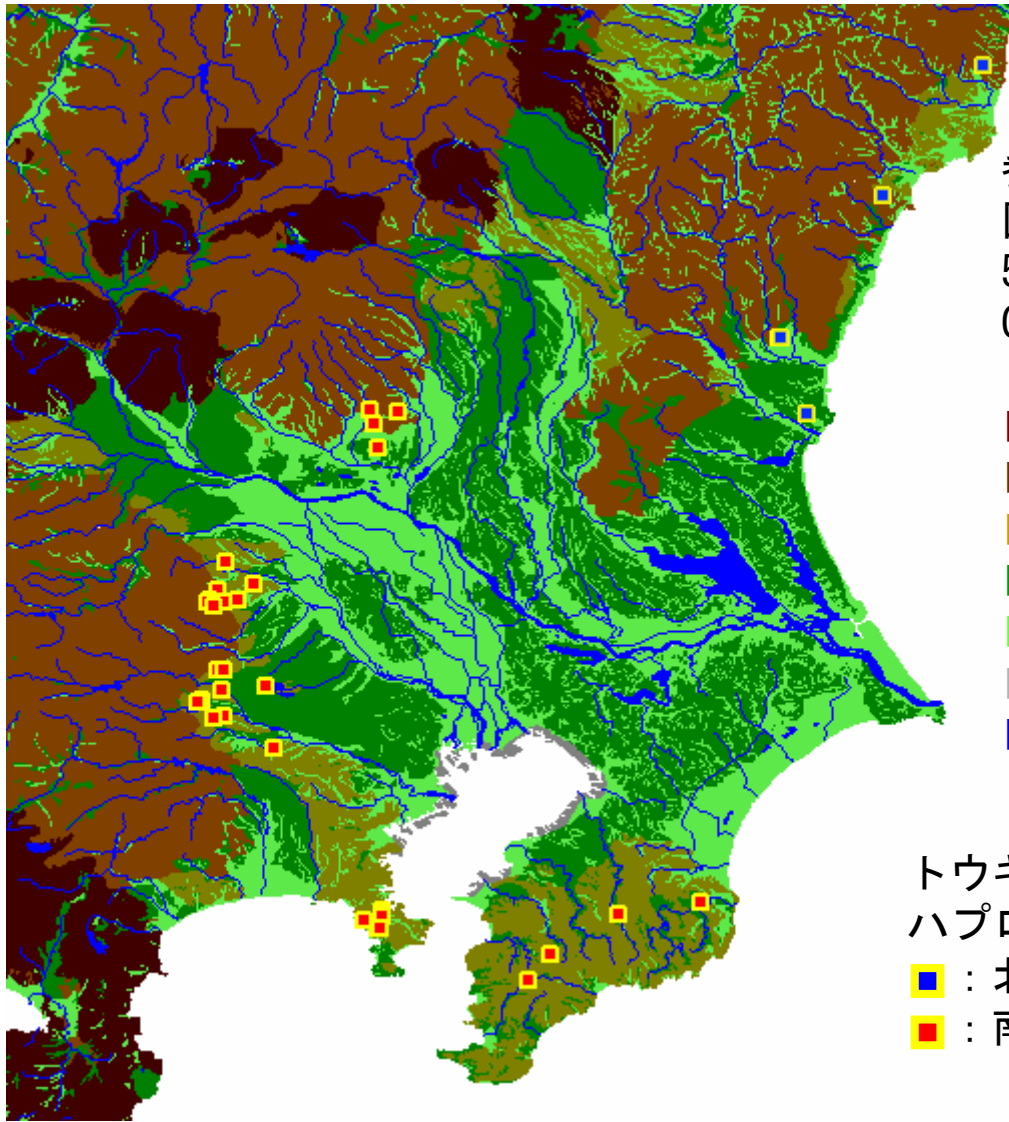


同じハプロタイプ(あるいは似たハプロタイプ)が、比較的近い範囲に集まっており、地理的傾向が認められる。破線: 高いブートストラップに支持されるグループ分け。点線: およその分布域。St.23, 24, 30のハプロタイプ多様度は、それぞれ0.356, 0.000, 0.644。



三浦半島には、特徴的なハプロタイプK1以外に、千葉のC5と完全に一致するものも混在している。これは、地史的要因によるものと考えられる。





参考地図  
国土交通省  
50万分の1 土地分類図  
GISデータより。

- : 火山地
- : 山地
- : 丘陵地
- : 台地
- : 低地
- : 埋立地
- : 水面

トウキョウサンショウウオの  
ハプロタイプグループ

- : 北グループ
- : 南グループ



## まとめ



トウキョウサンショウウオでは、

- 1) D-loop HV2領域の塩基配列は、変異に富んでいた。
- 2) 遺伝子レベルで、南北2つのグループに分けられた。
- 3) ハプロタイプの分布には、地史的要因が関連していると考えられた。
- 3) 地点内でのハプロタイプ多様度は、地点ごとに大きく異なっていた。

以上のことから、

HV2領域の解析を進めることで、より詳細な生物地理学的考察が行えると考えられる。また、地域ごとに特定のハプロタイプが優占し、地理的傾向が認められることから、それぞれの個体群の保全が望まれる。

謝辞： 貴重な標本を提供していただいた吉澤賢治(東京学芸大学)・伊原禎雄(奥羽大)・金田正人(三浦半島自然誌研究会)・植田健仁(北方系生物研究所)・塩谷暢生(由木の会)諸氏に感謝いたします。倉西良一氏(千葉県立中央博物館)と鎌田貢司郎氏(千葉県君津市)には、生息地の案内と採集の協力をしていただいた。林 文男氏(首都大)にはディスカッションに参加していただき貴重なアドバイスをいただいた。協力に感謝いたします。日の出町教育委員会からは、町指定の天然記念物であるトウキョウサンショウウオの採集許可をいただいた。また、諸手続きに関する指導もしていただき感謝いたします。調査中、様々な方々に道案内や採集の手伝いをしていただいた。これらの方々にも感謝いたします。



平井川の羽生橋(はぶばし)  
日の出町

