HOKKAIDO UNIVERSITY

Title	知床半島におけるトガリネズミ類の分布と遺伝的構成の背腹性の検討
Author(s)	大舘, 智志; 増田, 隆一
Relation	遠音別岳原生自然環境保全地域調査報告書 : Long term ecological studies in the Onnebetsudake wilderness area and its surrounding areas, 環境庁自然保護局[編], pp.203-210
Issue Date	1997-03
Doc URL	https://hdl.handle.net/2115/44846
Type	journal article
File Information	OGS1997_203-210.pdf

Hokkaido University Collection of Scholarly and Academic Papers : HUSCAP

知床半島におけるトガリネズミ類の分布と遺伝的構成の背腹性の検討

北海道大学附属低温科学研究所　大舘智志
北海道大学理学部附属動物染色体研究施設　増田隆一

DISTRIBUTION AND GENE TYPE VARIATIONS OF SHREWS ON THE BOTH SLOPE SIDES OF THE CENTRAL MOUNTAINS OF THE SHIRETOKO PENINSULA

Satoshi OHDACHI *Institute of Low Temperature Science, Hokkaido University, Sapporo 060, Japan*
and
Ryuichi MASUDA *Chromosome Research Unit, Faculty of Science, Hokkaido University, Sapporo 060, Japan*

Synopsis Distribution of shrews (Soricinae: Soricidae: Insectivora) and their mitochondrial gene types were investigated in the Shiretoko Peninsula. Shrews were collcted at low, medium, and high locations of both slope sides of the central mountains, Utoro and Rausu sides. *Sorex unguiculatus*, *S. gracillimus*, and *S. caecutiens* were captured, but the number of captured *S. caecutiens* was small. *Sorex unguiculatus* tended to be numerically dominant on Rausu side, and so did *S. gracillumus* on Utoro side. Densities of both of *S. unguiculatus* and *S. gracillimus* were higher on Rausu side than on Utoro side, while those did not variate among three different altitudes. 402-base regions of the mitochondrial cytochrome b gene were sequenced in 30 *S. unguiculatus*, and 14 gene types (haplotypes) were recognized. No clear difference in the distribution of the types was observed between altitudes nor slope sides, although it was implied that distributions of some gene types might deviate between the two sides.

Key Words: Shiretoko Peninsula, Shrew, *Sorex*, Distribution, Mitochondrial cytochrome b

はじめに

ある地域の生物多様性や群集を記載するにあたり，単に種リストを作成するだけではなく地域内の環境傾度や異質性にともなう種構成や同種内の遺伝的構成の変化を調査することは重要である．特に自然保全計画をする際には，どの種や個体群（遺伝型）を保全の対象とするか，そしてどこからどこまでを保全対象地域とするかといった疑問に答えるにはこのような調査は必要不可欠である．生物群集の成立は競争者や捕食者，餌生物というような要因のほかに気候的条件のような無機的な環境要因も重要になってくる場合がある．例えば，ある温度や土壌条件のハビタットは，ある種にとっては好適だが，他の種にとっては不適であろう．そして移動分散能力の低い種にとって，不適なハビタットを経由した分散は起こりづらいと考えられる．もし生息条件の不適さが山脈の高度に沿って増加するなら，脊稜の両側での集団間では，個体の移動分散による直接的な遺伝的交流が起こる可能性は低いと予測される．

さて，知床半島には3種のトガリネズミ類（哺乳綱，食虫目），即ちオオアシトガリネズミ（*Sorex*

unguiculatus），エゾトガリネズミ（*S. caecutiens*），カラフトヒメトガリネズミ（*S. gracillimus*）が分布している（前川，1981; OHDACHI & MAEKAWA, 1990）．そして北海道全体を見た場合，標高が上がるにつれオオアシは少なくなり逆にカラフトヒメは優占する傾向にある（OHDACHI & MAEKAWA, 1990）．従って知床半島の脊稜地形は個体の移動分散に影響することでこれら3種の地域間の遺伝構成に異なった影響を与えているかもしれない．本調査の目的は，トガリネズミ類の種構成や遺伝的構成が知床半島の脊稜山脈の標高や背腹性によって異なるのかどうかを調査することである．本報告において，遺伝的構成に関しては予算的制約によりオオアシトガリのミトコンドリアゲノムのチトクロムb遺伝子型の調査結果のみを行った．

中川元，山中正実，岡田秀明の各氏には採集地の情報や宿泊施設の提供などたいへんお世話になった．信太照夫，岡田更世，田辺慎一の各氏には採集を手伝っていただいた．吉田廸弘，石橋靖幸両氏を始めとする北大理学部付属動物染色体研究施設と芦田正明，早川洋一，島田公夫の各氏を始めとする北大低温科学研究所の皆さんにはDNA分析に際して多大なご協力をいただいた．この場を借りて謝意をあらわします．

調査方法

採集法

トガリネズミ類の採集は1995年7月10～14日と9月6日～12日の2つの時期に行った．調査場所は，7月の調査ではウトロ側はオチカバケ川～金山川水系の低標高（5～20m）と中標高（320m）の2カ所，羅臼側は春刈古丹川水系の低標高（40m）と中標高（180m）の2カ所で行った．9月の調査ではこの4カ所の他にそれぞれの斜面の高標高の地点（それぞれ400m）の計6カ所で採集を行った（Fig.1）．ただしウトロ側の低標高の採集場所(UL')は7月の調査とは少し異なる場所で行った．採集地点の概況はTable 1に示す．捕獲方法はビニール製のコップ（深さ13.5cm，直径8cm)を墜落函として用いた．低・中標高の場所では50または100個の，高標高の場所では30個の墜落函を5から10mの間隔で仕掛けた．罠に入ったトガリネズミ同士の喰いあいを防ぐために墜落缶に3～5cmの深さの水を注ぎ，罠に入った個体を水死させた．墜落缶は各々の地点で3～4日間仕掛け，死体は毎日回収し80～90%のエタノールで固定・保存した．その後，DNA分析のために後肢を

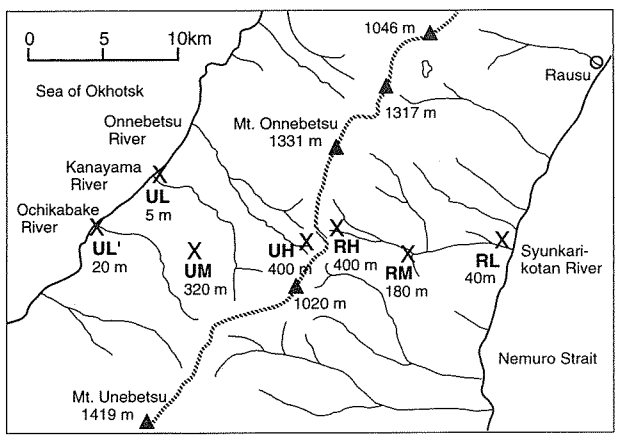


図1．トガリネズミの採集地点
Fig. 1. Trap sites of shrews in the Shiretoko Peninsula.

表1. トラップ設置場所の環境
Table 1. Enviromments of trap sites

Trap site	Altitude	Forest type	Forest floor
UL	5 m	A secondary forest on seashore terrace, maily consiting of broad-leaf trees with closed crown.	*Sasa kurilensis*, *Rhus ambigua*
UL'	20 m	A forest on the slope near a stream, consisting of broad-leaf trees and *Abies sachalinensis* with closed crown.	*Sasa kurilensis*, *Rhus ambigua*
UM	320 m	An *Abies sachalinensis* plantation with open crown and the mixed forest of broad-leaf and coniferous trees with closed crown.	*Sasa kurilensis*, *Rhus ambigua*
UH	400 m	The mixed forest of *Abies sachalinensis*, *Betula* spp. and *Acer* spp., partly with closed crown.	*Sasa kurilensis*, *Carex* spp.
RL	40 m	Belts of young planted *Abies sachalinensis* in a forest of broad-leaf tree, partly with closed crown.	*Sasa kurilensis*
RM	180 m	Belts of planted *Abies sachalinensis* in a forest of *Quercus mongolica* and *Acer* spp. with closed crown.	*Sasa kurilensis*
RH	400 m	The mixed forest of *Abies sachalinensis* and *Quercus mongolica* and *Sorbus commixta*, partly with closed crown.	*Sasa kurilensis*

切断し95%エタノールに個体ごとに保存した．その際，若齢個体は解剖し生殖器に基づき性判別を行った．

遺伝子分析

今回の報告ではオオアシトガリのみを対象とした．資料はウトロ，羅臼側のそれぞれの低中高標高の計6ヵ所より5個体づつをランダムに選んだものを使用した．95%エタノールに入れて保存した後肢の一部を採取し，フェノール/プロテナーゼK/SDS法（SAMBROOK *et al.*, 1989）またはキレックス100法（WALSH *et al.*, 1991）によってDNAを抽出した．抽出したDNAより，ミトコンドリアのチトクロムb遺伝子領域の402塩基をPCR（ポリメラーゼ連鎖反応）法で増幅した．これを放射性物質（^{32}P-CTP）を用いた直接シーケンス法（KOCHER *et al.*, 1989，以下ではマニュアル法と呼ぶ）及び，自動シーケンスシステムのCATALYST 800 Molecular Biology LabStationとABI PRISM DNA Sequencing System (Perkin-Elmer) を用いたダイ・ターミネーター法による解析（以下では自動法と呼ぶ）の両方を行った．PCR増幅時のフォワード・プライマーは5'-AAAAACCATCGTTGTTATTCAACT-3' (L14734)，リバース・プライマーは5'-CTCAGAATGATATTTGTCCTCA-3'(H15149)を用いた．ここで括弧内のコードはヒトのミトコンドリアDNAでの3'末端での塩基番号と重鎖（H）と軽鎖（L）を表わす（ANDERSON *et al.*, 1981）．マニュアル法，自動法ともにフォワードとリバースの両方向から塩基配列を決定した．

結　果

採集結果

調査地全体ではオオアシ，カラフトヒメ，エゾトガリが採集されたが，エゾトガリの割合は少なかった（Table 2, Fig. 2）．また6月のウトロの低標高の地点（UL）ではトガリネズミ類は捕獲できなかった（6月はウトロ，羅臼ともに高標高の地点は採集を行ってないことに注意）．オオアシは羅臼側，カラフ

表2. トガリネズミ類の性別，齢別捕獲数

Table 2. The numbers of captured shrews for each sex and age.

	July				September					
Trap site	UL	UM	RM	RL	UL'	UM	UH	RH	RM	RL
Trap nights	200	200	150	150	200	200	90	90	150	150
S. unguicualtus										
♂♂								1	1	1
♀♀					3	1		4	2	2
♂			1	11	1	5	1	7	23	13
♀			1	2	5	4	4	2	20	16
S. gracillimus										
♂♂		2	6	3			1	4	4	1
♀♀		1	1				1	1	1	1
♂			5		5	4	2	2	10	9
♀			3	1	5	13	1	4	4	8
S. caecutiens										
♂♂										
♀♀										1
♂			1						6	
♀		1	1			2			1	

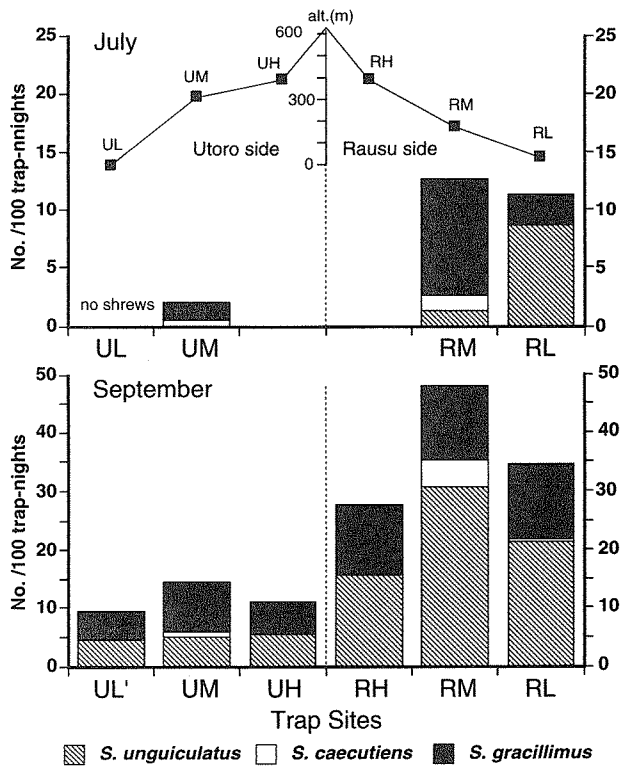


図2. 百トラップ·ナイトあたりの捕獲数で表したトガリネズミ類のハビタット別種構成

Fig. 2. Abundances and species composition of shrews in each trap site. Sampling was not conducted in sites UH and RH in July.

トヒメはウトロ側で他種よりも優占する傾向にあった．オオアシとカラフトヒメの各々の相対密度（百トラップ・ナイトあたりの捕獲個体数＝No./100TN）の標高による違いは6，9月の両方の調査においてもはっきりしないが，中央脊稜の背腹性（ウトロ，羅臼側）に関しては2種ともに羅臼側でより高密度な傾向があった（Fig. 2）．しかし，標高X背腹性の繰り返しのない二元配置の分散分析を3種において行ったが，5%水準で群間に有意差があったのは，9月のカラフトヒメの背腹性の違いのみであった．

遺伝的多型

402塩基の領域は全ての個体においてPCR増幅ならびにシーケンスを行うことができた．また挿入・欠失は確認されなかった（Fig. 3）．

塩基置換は17ヵ所で見られたが219番サイトを除き，全て転移型（A⇄G，C⇄T）であった（Table 3）．また115番サイトを除いた置換はコードするアミノ酸を変えない同義置換であった．RH-5とRL-2では自動法によると115番サイトはAでありイソロイシンに対応するが，ほかの多くの個体が示すGではバリンをコードする．しかしマニュアル法で読むとAの他にGのバンドもわずかに検出された（Table 3）．マニュアル法では96，144，327，328，330，339番サイトではほとんどの個体でCとTあるいはAとGの2本のバンドが確認されたが，自動法では多くの個体でCかTあるいはAかGのいずれかに決定できた（Table 3）．しかし，RM-1，RM-2，RL-1ではフォワードとリバースでCとTあるいはAとGと矛盾する結果が得られたサイトがあり，それぞれYまたはRと同定した（Table 3）．またRH-5とRL-2は105，115，219，291番サイトでは自動法で同定された塩基以外に，マニュアル法では他のバンドも明瞭に検出された（Table 3）．自動法の結果に基づくと14の遺伝子型（A～N）が確認できた（Fig.4，Table 3）．これらの型間の変異の程度は通常きわめて小さいが，N型は他のものと比べ著しく異なる配列を持っていた（Fig. 4）．A，E，N型には複数の個体が含まれていたが，その他の型には一個体しか含まれていなかった（Table 3，Fig. 4）．

A型には14個体と最も多数の個体が含まれているが，その地理的分布は高度や背腹性に偏りは見られなかった（Table 3，Fig. 4）．また，その他の遺伝子型の分布にも特に際立った偏りは確認されなかった．

議　論

分布

1979，80年に前川（1981）は知床半島においてトガリネズミ類の採集を行っている．彼はウトロ側の低

```
          10                  20                  30                  40                  50                  60
ATG ACA AAC CTA CGA AAA ACC CAC CCA TTA ATA AAA ATT GTC AAC AGT TCA TTC ATC GAC
          70                  80                  90                 100                 110                 120
YTA CCT GCC CCA TCT AAC ATC TCA TCA TGA TGA AAY TTY GGC TCY CTC CTA GGT RTC TGC
         130                 140                 150                 160                 170                 180
TTA ATY ATC CAA ATC CTA ACA GGR CTC TTT TTA GCA ATA CAC TAC ACA TCA GAC ACA ATA
         190                 200                 210                 220                 230                 240
ACT GCA TTC TCA TCA GTT ACA CAC ATC TGC CGA GAC GTW AAY TAT GGA TGA CTA ATC CGC
         250                 260                 270                 280                 290                 300
TAC CTT CAC GCA AAC GGA GCA TCA ATR TTC TTC ATC TGY CTA TTC CTC CAY GTC GGA CGA
         310                 320                 330                 340                 350                 360
GGC CTC TAT TAC GGA TCA TAC ATA TAY YTR GAA ACA TGR AAC ATC GGC GTA CTA CTR CTA
         370                 380                 390                 400
TTT GCA GTA ATA GCC ACT GCC TTT ATA GGG TAC GTC CTC CCA
```

図3. オオアシトガリにおけるミトコンドリアのチトクロムb遺伝子402塩基のコンセンサス配列

Fig. 3. A consensus sequence of the 402-base mitochondrial cytochrome b gene of *Sorex unguiculatus* in the Shiretoko Peninsula. Y = C and/or T, R = A and/or G, W = A and/or T.

表3. オオアシトガリにおけるミトコンドリアのチトクロムb遺伝子配列の変異

Table 3. Sequences of variable sites of the mitochondrial cytochrome b gene, revealed by an autosequencer, of *Sorex unguiculatus* in the Shiretoko Peninsula. Y = C and T, R = A and G. For RH-5 and RL-2, bases in parentheses were also detected by the manual sequencing technique in addition to those determined by the autosequencer. At site numbers 96, 144, 327, 328, 330, 339, and 357, both bands for C and T or for A and G were usually detected by the manual sequencing technique even if base was determined as only one by the autosequencer. Only substitution at site number 115 produces a different amino acid.

site no.		61	96	99	105	115	126	144	219	222	267	279	291	327	328	330	339	357
ind.no.	Type		(C/T)					(A/G)						(C/T)	(C/T)	(A/G)	(A/G)	(A/G)
UL-1	B	T	T	T	T	G	T	A	T	T	A	C	C	C	T	A	A	A
UL-2	G	T	C	T	T	G	T	A	T	T	A	C	C	T	T	A	G	A
UL-3	A	T	T	T	T	G	T	A	T	T	A	C	C	T	T	A	A	A
UL-4	A	T	T	T	T	G	T	A	T	T	A	C	C	T	T	A	A	A
UL-5	A	T	T	T	T	G	T	A	T	T	A	C	C	T	T	A	A	A
UM-1	A	T	T	T	T	G	T	A	T	T	A	C	C	T	T	A	A	A
UM-2	A	T	T	T	T	G	T	A	T	T	A	C	C	T	T	A	A	A
UM-3	E	T	C	T	T	G	T	A	T	T	A	C	C	T	T	A	A	A
UM-4	A	T	T	T	T	G	T	A	T	T	A	C	C	T	T	A	A	A
UM-5	M	T	C	C	T	G	T	A	T	T	A	T	C	T	C	A	A	A
UH-1	A	T	T	T	T	G	T	A	T	T	A	C	C	T	T	A	A	A
UH-2	F	T	T	T	T	G	T	A	T	T	A	C	C	T	T	A	G	A
UH-3	E	T	C	T	T	G	T	A	T	T	A	C	C	T	T	A	A	A
UH-4	A	T	T	T	T	G	T	A	T	T	A	C	C	T	T	A	A	A
UH-5	I	C	T	T	T	G	T	A	T	T	A	C	C	T	T	A	A	A
RH-1	E	T	C	T	T	G	T	A	T	T	A	C	C	T	T	A	A	A
RH-2	J	T	T	T	T	G	T	A	T	C	A	C	C	T	T	A	A	A
RH-3	A	T	T	T	T	G	T	A	T	T	A	C	C	T	T	A	A	A
RH-4	A	T	T	T	T	G	T	A	T	T	A	C	C	T	T	A	A	A
RH-5	N	T	C	T	C(T)	A(G)	C	A	A(T)	T	A	C	T(C)	C	C	G	G	G
RM-1	C	T	T	T	T	G	T	A	T	T	A	C	C	Y	T	A	R	A
RM-2	D	T	T	T	T	G	T	A	T	T	A	C	C	Y	T	A	A	A
RM-3	A	T	T	T	T	G	T	A	T	T	A	C	C	T	T	A	A	A
RM-4	K	T	T	T	T	G	T	G	T	T	A	C	C	T	T	A	A	A
RM-5	A	T	T	T	T	G	T	A	T	T	A	C	C	T	T	A	A	A
RL-1	F	T	C	T	T	G	T	A	T	T	A	C	C	Y	T	A	A	A
RL-2	N	T	C	T	C(T)	A(G)	C	A	A(T)	T	A	C	T(C)	C	C	G	G	G
RL-3	L	T	T	T	T	G	T	A	T	T	G	C	C	T	T	A	A	A
RL-4	A	T	T	T	T	G	T	A	T	T	A	C	C	T	T	A	A	A
RL-5	A	T	T	T	T	G	T	A	T	T	A	C	C	T	T	A	A	A

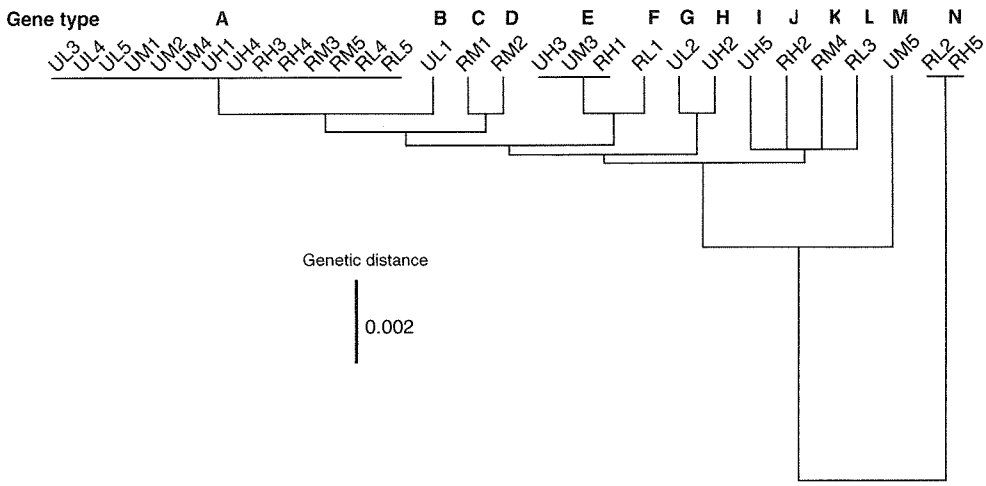


図4. オオアシトガリにおけるミトコンドリアのチトクロムb遺伝子の部分配列に基づくUPGMA樹

Fig. 4. A UPGMA (unweighted pair-group method with arithmetric mean) tree among the gene types of the 402-base cytochrome b based on the results by the automatic method in *Sorex unguiculatus* in the Shiretoko Peninsula.

地を中心に知床半島全域において採集を行い，オオアシ，カラフトヒメ，エゾの順に優勢であることを示した．採集地点の環境や採集法が異なるので直接には比較できないが，今回の調査でもほぼ同様の結果が得られた（Fig.2）．しかし，今回の調査では，前川（1981）の結果と比べてエゾトガリの占める割

合が低いこと，またウトロ側においてカラフトヒメの割合が高い傾向が見られた．今回の調査ではエゾトガリはあまり捕獲できなかったので，以下では特に断わらない限りトガリネズミ類という場合，オオアシとカラフトヒメの2種について示す．道北地方や北海道全体では，標高が高くなるにつれてカラフトヒメの優占度は上がり逆にオオアシは低くなる傾向が知られている（OHDACHI & MAEKAWA, 1990; 修正版についてはOHDACHI, 1995a）．したがって，当初はウトロ，羅臼側ともに標高が上がると，オオアシの優占度が下がり逆にカラフトヒメは上がると予想されたが，実際には高度によってはこの2種の優占度は変化しなかった（Fig.2）．この理由の一つとして，知床半島では今回行った程度の高度差ではトガリネズミ類の分布を変えるには至らなかったのかもしれない．トガリネズミ類の分布の標高差ははっきりしなかったが，背腹による違いは明瞭であった．オオアシの密度（No./100TN）のウトロ側と羅臼側の背腹性には統計的な有意差はなかったものの，2種ともに羅臼側で密度が高かった（Fig. 2）．本調査では採集地点の環境について大まかな植生以外には調査しなかった（Table 1）．しかし調査期間を通じてウトロ側は晴れか一時曇り程度の天候であったが，同じ日の羅臼側は常に曇りか雨であった．またウトロ側の林床にはツタウルシ（*Rhus ambigua*）が密生していたが，羅臼側にはごくまれに見られる程度であった（Table 1）．この植物は通常日当りが良い場所に生育するので，天候とりわけ日照時間の背腹性は今回の調査期間に限定されたものではなく一般的なものである可能性が高い．そして天候の違いが林床環境の違いをもたらし，それにともないトガリネズミ類の主要な餌であるミミズや小型無脊椎動物（OHDACHI, 1995b）の豊富さも異なり，結果的にトガリネズミ類の密度に影響を及ぼしたのかもしれない．ミミズを主要な餌とするオオアシがより湿潤な環境と見られる羅臼側でカラフトヒメよりも優占する傾向が見られたのも（Fig. 2），このことと関係があると思われる．トガリネズミ類の密度の背腹性をもたらした要因については，林床環境の背腹性の詳しい調査とトガリネズミの林床の環境への選好性を調査すればはっきりするだろう．

遺伝子多型

塩基配列の決定はオートシーケンサーを用いた自動法ではほとんどの個体で配列を一義的に決定できたが，マニュアル法で行うと複数のバンドが見られる場合が多く一義的に配列を決定できないことがしばしば起こった（Table 3）．特に，RM-1，RM-2，RL-1の3個体では自動法によってもフォワードとリバースから読むと異なる結果が出てしまった．この理由として，(1) ヘテロプラズミー（ここでは一個体に複数のミトコンドリアゲノムのタイプが存在すること）が普通にあるが多くの個体では一つのタイプが量的に優勢であるので，自動法では一義的に配列が決まる場合が多かった，(2) PCR時に核ゲノムのミトコンドリア様のDNA領域を同時に増幅し，真のミトコンドリアDNAと共ににシーケンスした，(3) DNA抽出時に他個体のDNAが混入した．このうち三番目の可能性については，いくつかの個体についてDNA抽出をやり直しても同じ結果になることから，ほぼ完全に否定できる．二番目の可能性については，特にRH-5とRL-2については自動法による結果は他の個体と著しく異なるため（Fig. 4），その可能性は否定できない．しかし，カワウソ類で報告されている核ゲノムのチトクロムb様遺伝子の配列に見られるような欠失やミトコンドリアDNAにおける終始コドン（SUZUKI et *al.*, 1996）は見られなかった．そして，ヨーロッパトガリネズミ（*Sorex araneus*）においてミトコンドリアDNAのコントロール領域（Dループ）では40%もの個体にヘテロプラズミーがあると考えられていること（FUMAGALLI *et al.*, 1996）から，チトクロムb遺伝子に関してもヘテロプラズミーが頻繁に見られることも十分に有り得る．一つのサイトに2つの塩基が

同定される場合，それがヘテロプラズミーなのか核のミトコンドリア様遺伝子を同時にPCR増幅したのかは，PCR直接シーケンス法ではなくベクターを用いたクローニングを行うことにより明らかになるかもしれない．いずれにせよ，PCRは全ての個体でほぼ同条件で行っているので，今回の結果は広義の意味での個体の遺伝子型を表わしているとみなせる．しかし，シーケンス法（マニュアル，自動）によって結果が若干異なることやヘテロプラズミーや核の遺伝子を読む可能性があることから，今回使用したミトコンドリアのチトクロムb領域の分析は，個体群や地域間の違いを表現する遺伝マーカーとしては最適なものではないことがわかった．

オオアシの14の遺伝子型の分布には明瞭な背腹性は確認できなかった（Table 3，Fig. 4）．このことは脊稜山脈の存在はオオアシの遺伝的交流をそれほど妨げないことを示唆している．しかし，他の型と大きく異なるN型は羅臼側にしか確認できなかったことと，自動法でも塩基を一義的に決定できなかったサイトがあったRM-1，RM-2，RL-1の3個体も羅臼側にしか現われていないことは，ウトロ-羅臼側間の遺伝的交流に何らかの制限がある可能性も完全には否定できない．このことは，より適当な遺伝マーカーを用いてより多くの個体を分析すれば確認できるであろう．さらにはカラフトヒメトガリやエゾトガリも分析対象とすることにより知床半島のトガリネズミ群集の遺伝構成の背腹性が明瞭になる可能性がある．

摘　要

1. 知床半島の中央脊稜山脈がトガリネズミ類の種構成や遺伝的交流に与える影響を調べるために，ウトロ，羅臼側の両方において，低，中，高の計6地点においてトガリネズミ類の採集を1995年の6月と9月に行った．

2. オオアシトガリ，カラフトヒメとエゾトガリが採集されたが，エゾトガリの割合は低かった．オオアシは羅臼側，カラフトヒメはウトロ側で優占する傾向があった．

3. トガリネズミ種内の相対密度（No./100TN）には背腹性が見られオオアシとカラフトヒメはどちらとも羅臼側のほうが高密度になっていた．この違いは日照時間などの天候が影響を与えている可能性がある．

4. ウトロ，羅臼側の低，中，高の計6地点より5個体づつの計30個体のオオアシトガリについてミトコンドリアのチトクロムb領域の402塩基についての配列を決定し，その遺伝子型の分布の背腹性や高度による違いを検討した．

5. オオアシの遺伝子型の分布に高度や背腹による明確な違いは認められなかったが，いくつかの遺伝子型の分布には何らかの背腹性がある可能性も示唆された．

引用文献

ANDERSON S., BANKIER A. T., BARREL B. G., DEBRUIJN M. H. L., COULSON A. R., DROUIN J., EPERON I. C., NIERLICH D. O., ROE B. A., SANGER F., SCHREIER P. H., SMITH A. J. H., STADEN R. & YOUNG I. G., (1981) Sequence and organization of the human mitochondorial genome. *Nature* 290 : 457-465.

FUMAGALLI L., TABERLET P., FAVRE L. & HAUSSER J. (1996) Origin and evolution of homologous repeated sequences in the mitochondrial DNA control region of shrews. *Molecular Biology and Evolution* 13 : 31-46.

KOCHER T. D., THOMAS W. K., MEYER A., EDWARDS S. V., PÄÄBO S., VILLABLANCA F. X. & WILSON A.C. (1989) Dynamics of mitochondrial DNA evolution in animals: amplification and sequencing with conserved primers. *Proceedings of National*

Academy of Science, USA 86 : 6196-6200.

前川光司 (1981) 知床半島のトガリネズミ類の分布．「知床半島自然生態系総合調査報告書（動物篇）」北海道生活環境部自然保護課編, pp. 98-104. 北海道生活環境部自然保護課.

OHDACHI S. (1995a) *Comparative Ecology and Ethology of Sympatric Soricine Shrews in Hokkaido: A Special Reference to Their Interspecific Interactions.* Ph. D. dissertation at the Graduate School of Science, Hokkaido University.

OHDACHI S. (1995b). Diets and abundances of three sympatric shrew species in northern Hokkaido. *Jounal of Mammalogical Society of Japan* 20 : 69-83.

OHDACHI S. & MAEKAWA K. (1990) Geographic distribution and relative abundance of four species of soricine shrews in Hokkaido, Japan. *Acta Theriologica* 35 : 261-267.

SAMBROOK J., FRITSCH E. F. & MANIATIS T. (1989) *Molecular cloning: a laboratory manual. 2nd ed.* Cold Spring Harbor Lab, New York.

SUZUKI T., YUASA H. & MACHIDA Y. (1996) Phylogenetic position of the Japanese river otter *Lutra nippon* inferred from the nucleotide sequence of 224 bp of the mitochindrial cytochrome b gene. Zoological Science 13 : 621-6 26.

WALSH P. S., METZGER D. A. & HIGUCHI R. (1991) Chelex® 100 as a medium for simple extraction of DNA for PCR-based typing from forensic material. *BioTechniques* 10 : 506-513.