



HOKKAIDO UNIVERSITY

Title	Molecular evolutionary study on the Japanese weasel (<i>Mustela itatsi</i>) and the Siberian weasel (<i>M. sibirica</i>), based on complete mitochondrial genome sequences [an abstract of dissertation and a summary of dissertation review]
Author(s)	SHALABI, MOHAMMED AMIN MOHAMMED MOHAMMED
Degree Grantor	北海道大学
Degree Name	博士(理学)
Dissertation Number	甲第12428号
Issue Date	2016-09-26
Doc URL	https://hdl.handle.net/2115/63230
Rights(URL)	https://creativecommons.org/licenses/by-nc-sa/2.1/jp/
Type	doctoral thesis
File Information	MOHAMMED_AMIN_MOHAMMED_MOHAMMED_SHALABI_review.pdf, 審査の要旨



学 位 論 文 審 査 の 要 旨

博士の専攻分野の名称 博士（理学） 氏名 MOHAMMED AMIN MOHAMMED MOHAMMED SHALABI

審査担当者	主 査	教 授	増 田 隆 一
	副 査	教 授	堀 口 健 雄
	副 査	教 授	小 亀 一 弘
	副 査	教 授	高 木 昌 興

学 位 論 文 題 名

Molecular evolutionary study on the Japanese weasel (*Mustela itatsi*) and the Siberian weasel (*M. sibirica*), based on complete mitochondrial genome sequences
(ミトコンドリアゲノム全配列に基づくニホンイタチ(*Mustela itatsi*)およびシベリアイタチ(*M. sibirica*)の分子進化学的研究)

博士学位論文審査等の結果について（報告）

日本固有種の進化的歴史に関しては未だ不明な点が多い一方、その解明は種分化および種の多様性を研究する上で重要な知見をもたらすものである。本論文では、日本固有種であるニホンイタチの進化的特徴をその大陸産近縁種であるシベリアイタチと比較解析することを目的とし、両種の多地域からの個体についてミトコンドリアゲノム全塩基配列を解読し、詳細な分子進化学的解析が行われた。その結果、進化生物学的特徴および動物地理学的歴史について、以下のような新しい知見がもたらされた。

まず、イタチ科において、ミトコンドリアゲノム全塩基配列を用いた分子進化学的研究は世界的に見ても本研究が先駆的なものであるといえる。その遺伝情報に基づき、両種間の分岐年代が詳細に算出され、その年代が更新世初期であることが見いだされた。日本列島周辺の最終的な海峡形成年代と比較すると、ニホンイタチの日本固有性が古いことが明らかにされた。さらに、これまでの分子系統学的研究では単独または少数の遺伝子のデータが使用されてきたが、ミトコンドリアゲノム全配列という豊富な遺伝情報を用いた本研究では、ニホンイタチの地域集団を従来の研究よりもさらに細かく分けることが可能となり、ニホンイタチが日本列島内の古環境の変遷を反映して進化してきたことが明らかにされた。一方、シベリアイタチについても、大陸内の多様性、および対馬や台湾との系統的関連が解明された。特に、日本列島で唯一のシベリアイタチ自然集団である対馬集団が大陸ロシアの集団と近縁であり、対馬集団が遺存的であることが初めて示された。さらに、両種のミトコンドリアゲノム内の遺伝子間・遺伝子内の進化速度や構造の違いが分子進化学的に考察された。その中で、制御領域内の反復配列がより速い進化速度をもち個体間での高い多様性を生み出していることが明らかにされた。

以上の研究成果は、日本固有種やその近縁種の動物地理学的歴史や自然史の解明に貢献するに留まらず、生物学の大きな課題である種分化の仕組みを議論するための重要な生物学的情報をもたらすものである。よって、著者は北海道大学博士（理学）の学位を授与される資格を有すると認められる。