HOKKAIDO UNIVERSITY

Title	Biogeographical studies on the least weasel (Mustela nivalis) and the feral Japanese marten (Martes melampus) [an abstract of entire text]
Author(s)	佐藤, 拓真
Description	この博士論文全文の閲覧方法については、以下のサイトをご参照ください。 https://www.lib.hokudai.ac.jp/dissertations/copy-guides/
Degree Grantor	北海道大学
Degree Name	博士(理学)
Dissertation Number	甲第14200号
Issue Date	2020-09-25
Doc URL	https://hdl.handle.net/2115/82910
Type	doctoral thesis
File Information	Takuma_Sato_summary.pdf

Hokkaido University Collection of Scholarly and Academic Papers : HUSCAP

学 位 論 文 内 容 の 要 約

博士の専攻分野の名称　博士（理　学）　氏　名　　佐藤　拓真

学 位 論 文 題 名

Biogeographical studies on
the least weasel (*Mustela nivalis*) and the feral Japanese marten (*Martes melampus*)
（イイズナと移入種ニホンテンの生物地理学的研究）

生物の分布とその分散の歴史を明らかにすることは生物地理学において根源的な課題である。生態系において捕食者としての役割を担う食肉目の中で、イタチ科は、最も種数が多く多様なニッチを持つ適応放散した分類群である。しかしながら、イタチ科各種がどのように進化し、その分布と生態的なニッチを獲得したかは未だ明らかになっていない。そこで本研究では、北半球に広く分布するイイズナを対象に、大陸レベルでのイイズナの分布変遷史を系統地理学的に調べた。さらに、移入種ニホンテンの局所集団を対象に、各個体の移動パターンを生態遺伝学的に調べることとした。

イイズナは、イタチ科の中で最も広い分布域を持つ種の一つで、げっ歯類を主に捕食するスペシャリストである。先行研究により、ユーラシア大陸西部において、東部と西部で異なるミトコンドリア DNA(mtDNA)の系統が存在することがわかっている。しかし、ユーラシア大陸全体にわたるこれらの系統の分布は不明であり、イイズナがどのような分布変遷を経て、現在の分布域を獲得したのかという動物地理は未だ不明瞭であった。そこで本研究では、より広範囲のイイズナを対象に、mtDNA の *D-loop* 領域と cytochrome *b* 遺伝子、*ZFY* 遺伝子、*ASIP* 遺伝子を用いて系統地理学的解析を行った。その結果、先行研究と同様に黒海カスピ海周辺の集団が最も祖先的な系統であること、北方に広く分布する系統と地中海付近に限定的に分布する南方の系統があることが判明し、黒海カスピ海周辺から北と南に分かれて分布を広げたことが示唆された。北方系統の中ではウラル山脈の集団の遺伝的多様性が高く、その系統が祖先的であったことから、ウラル山脈が北方における退避地であった可能性が示唆された。また、過去の集団サイズ変動の推定から、北方系統の方が南方系統より早くに集団サイズを拡大していたことが示された。これは、北方集団の多くが小型で冬季において白色の毛色に換毛するといった寒冷地に適応した特性に起因すると考えられた。北方における急速な分布拡大は、近縁種のオコジョ、アカギツネ、リンクス、ヒグマでも報告されており、本種においても同様の傾向がみられた。その一方で、日本への渡来は、先行研究と同様に本州集団と北海道集団とで異なることが示唆された。この傾向は、アカギツネと同様であったが、アカギツネの北海道への渡来は 3 回とされているのに対し、イイズナの渡来は 1 回である可能性が示唆された。このように、イイズナの分布変遷史は、大まかな部

分においては他種と同様の傾向がみられる一方で、詳細な移動の歴史は異なっていた。

ニホンテンは、本州に固有であり、雑食性に富んだ種である。近年北海道において、太平洋戦争時に毛皮目的の為に養殖されていたニホンテンが放たれ、その後分布を広げたことで、在来種クロテンと競合関係にあるとされている。しかし、その生物学的情報は少なく、ニホンテンがどのように北海道に適応しているのかについては不明である。そこで本研究では、糞 DNA 分析を用いて、北海道札幌市の局所集団を対象に生態遺伝学的解析を行った。マイクロサテライト解析による個体識別の結果、36 個体のニホンテンを確認することができた。札幌集団の遺伝的多様性は高い傾向にあり、北海道のニホンテン集団が複数の起源を持つという先行研究の結果を支持する結果となった。さらに、4 つの血縁関係の存在が明らかとなり、そのうちの一個体がその場に残り、そのほかのオス個体が分散していることが示唆された。この傾向は、多くのイタチ科が示すオスに偏った分散を示唆する結果であった。また、糞の採取地点をもとに移入種ニホンテンの環境選好性を調べた結果、在来集団と同様に河畔林を好む傾向が見られた。その一方で、在来集団には忌避される針葉樹林への選好傾向もみられた。他のテン属において、針葉樹林は頭上のカバーや餌資源を供給する資源として重要であることから、北海道のニホンテンにおいても重要な役割を果たしていると考えられた。これらのことから、移入種ニホンテンは、本来の生態的特徴を維持している一方で、北海道においてなんらかの習性を変化させている可能性が考えられた。

以上のように、イタチ科 2 種において地史的時間スケールと生態学的時間スケールから動物の移動の歴史や分布の特徴を明らかにすることができた。これらの結果は、イタチ科の複雑な進化史を解明することに寄与すると考えられる。