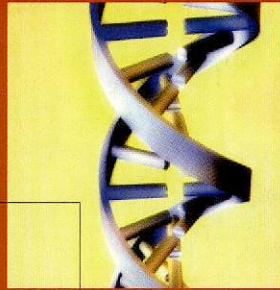


遺傳的  
多様性  
とは



**GENETIC  
DIVERSITY**

## はじめに

地球上には、さまざまな環境があります。砂漠には砂漠の、熱帯には熱帯の環境に応じた、多様な生物種が生息し、互いに関わり合いながら、生態系といわれる大きなシステムをつくっています。地球の環境は、この生態系システムにより支えられ、維持されてきました。つまり、私たちを含め多くの生物たちの生存を支えている地球の環境は、一方で多様な生物の存在そのもの(生物多様性)により、保たれているといえるでしょう。我々にとって、生物多様性はかけがえのないものであり、さらに、こうした生物多様性を未来に引き継ぐ責任を持っていることも忘れてはなりません。

「生物多様性」は、「生態系」、「種」、および「遺伝子」の3つのレベルからなる生物要素およびそれらの関わりを示す概念とされています。遺伝子の多様性が種の成り立ちを支え、種の多様性が生態系の多様性を構成する上での基礎となっています。しかし今日、わが国の動物では約670種、植物でも約2000種が絶滅の危機に瀕しているなど、3つのレベルの多様性が、危機的な状況を迎えています。生物多様性は、3つのレベルのうちどれかひとつでも不十分だと成り立たず、その保全は、今、緊急に取り組むべき課題ですが、この問題に対する私たちの理解はまだ十分とは言えません。

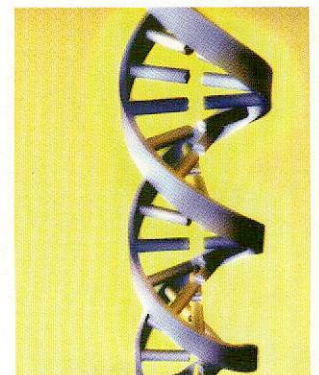
例えば最近、メダカが少なくなり、絶滅のおそれのある種として取り上げられました。それでは、メダカを守らなければならないとしても、A川のメダカとB川のメダカのどちら(あるいはその両方)を守るべきなのでしょうか。一方で、メダカはペットショップにいけばどこでも見ることができます。それぞれの川のメダカを守らなくても、ペットショップのメダカを増やして放流すればよいのでしょうか。川にすむメダカとペットショップにいるメダカは、何が違うのでしょうか。

今、生物多様性の保全のため、世界各国が取り組んでいます。ここでいうメダカの問題は「遺伝的多様性」保全に関係があるといえます。

この冊子は、環境省が平成8(1996)年度から5年間にわたり多くの研究者や試料提供者の協力を得て実施した「生物多様性調査 遺伝的多様性調査」の成果を中心に、「遺伝的多様性」という考え方をご理解いただけるよう、構成しました。生物多様性の保全のために必要なものは何か、皆様とともに考えていきたいと思えます。

## 目次

はじめに	2
生物多様性調査 遺伝的多様性調査 調査対象種	3
遺伝的多様性とは何か	4
似て非なる3つの島のネズミたち トゲネズミ	6
尾の長さの違いは種の違いなのか イタチとチョウセンイタチ	8
遺伝的多様性からみた絶滅のおそれ ライチョウ	10
単為生殖種の遺伝的多様性 オガサワラヤモリ	12
絶滅危惧種との境界 ハクバサンショウオとヤマサンショウオ	14
モツゴ3種の遺伝子からみた関係 モツゴの仲間	16
蛍の光の「方言」と遺伝子の違い ゲンジボタル	18
見た目からはわからない植物の雑種 バイカイカリソウとトキワイカリソウ	20
遺伝的多様性を守るために	22



## 【生物多様性調査 遺伝的多様性調査 調査対象種】

### ◇ 哺乳類

**ヒメヒズメ** *Dymecodon pilosiris* 本州、四国、九州に分布。体長約7cm。日本のモグラのなかでもっとも原始的な種類です。

**ヒミズ** *Urotrichus talpoides* 北海道を除く日本列島に広く分布。モグラより小さく、体長約10cm。

**テン** *Martes melampus* 本州、四国、九州に分布。体長約50cm。現在、北海道と愛媛県では捕獲禁止となっています。

**クロテン** *Martes zibellina* シベリア、中国北部、および日本(北海道)に分布。体長約50cm。純黒に近い毛皮は珍重されたため、北ヨーロッパでは絶滅を招きました。日本では、法規上テンと区別せず狩猟獣扱っていますが、北海道ではイタチとともに捕獲を禁止しています。

**イタチ** *Mustela itatsi* ●8ページ参照。

**チョウセンイタチ** *Mustela sibirica* ●8ページ参照。

**イイズナ** *Mustela nivalis* 北海道、東北および中部の高山に分布。体長15~20cm。北海道と本州のイイズナでは染色体の構造が違い、明確な遺伝的分化がみられます。北海道と本州のイイズナでは染色体の構造が違い、明確な遺伝的分化がみられます。

**オコジロ** *Mustela erminea* 北海道、東北、関東および中部地方の山岳地帯に分布。体長18cm(オス)。日本では狩猟獣に指定されておらず、捕獲禁止になっています。

**トゲネズミ** *Tokudaia osimensis* ●6ページ参照。

**ケナガネズミ** *Diplothrix legata* 奄美大島、徳之島、沖縄本島に分布。体長25~28cm。5~6cmほどの長い剛毛(差し毛)が背中に生えています。国指定天然記念物。レッドデータブック:絶滅危惧ⅠB類、沖縄県版レッドデータブック:絶滅危惧種

**ヤマネ** *Glirulus japonicus* 本州、四国、九州に分布。体長約7cm。これまで一属一種の動物と考えられてきましたが、体毛の色と目周辺の黒毛が地域によって異なることから、近年日本各地のヤマネのDNA研究が行われました。その結果、例えば和歌山産と山梨産とは、別種と捉えているほどの大きな変異があることがわかってきました。国指定天然記念物。レッドデータブック:準絶滅危惧

### ◇ 鳥類

**ライチョウ** *Lagopus mutus japonicus* ●10ページ参照。

**エゾライチョウ** *Tetrastes bonasia vicinilis* ほぼ北海道全域に分布。全長約36cm。捕獲数は次第に減少しつつあり、生息数の減少が懸念されています。レッドデータブック:情報不足

**ナベヅル** *Grus monacha* 日本(鹿児島県・山口県)、朝鮮半島、中国で越冬。全長約97cm。頭頂は赤色の皮膚に黒毛が生えています。レッドデータブック:絶滅危惧Ⅱ類

**マナヅル** *Grus vipio* 日本(鹿児島県)、朝鮮半島、中国北部で越冬。全長約127cm。顔の部分の皮膚が赤く露出しています。レッドデータブック:絶滅危惧Ⅱ類

**ウミスズメ** *Synthliboramphus antiquus* 北海道天売島や岩手県三貫島などで繁殖例が知られているのですが、冬季の北海道では普通に見られます。全長25.5cm。レッドデータブック:絶滅危惧ⅠA類、水産庁データブック(日本の希少な野生水生生物に関するデータブック):絶滅危惧種

**カムリウミスズメ** *Synthliboramphus wumizusume* 暖海域で繁殖する唯一のウミスズメ類です。全長24cm。頭の上に冠羽(かんう)があることが特徴です。冬羽は、ウミスズメと酷似していることが示唆されています。生息数は1000~2000羽と推測されます。レッドデータブック:絶滅危惧Ⅱ類、水産庁データブック:絶滅危惧種

### ◇ 爬虫類

**タワヤモリ** *Gekko tawaensis* 大阪府、兵庫県、岡山県、広島県、四国、大分県に分布。全長10~14cm。ニホンヤモリと区別がつきにくいですが、尾の模様が違い、背面に大型の顆粒状の鱗を持ちません。

**オガサワラヤモリ** *Lepidodactylus lugubris* ●12ページ参照。

**クロイトカゲモドキ** *Goniurosaurus kuroiwae kuroiwae* 沖縄本島に分布。全長14~19cm。模様には変異があります。沖縄県指定天然記念物。レッドデータブック:絶滅危惧Ⅱ類

**マダラカゲモドキ** *Goniurosaurus kuroiwae orientalis* 伊江島、渡嘉敷島、波名喜島、阿嘉島に分布。全長14~19cm。4つのブロックに区切られたような模様をもっています。沖縄県指定天然記念物。レッドデータブック:絶滅危惧ⅠB類

**オビトカゲモドキ** *Goniurosaurus kuroiwae splendens* 鹿児島県の徳之島に分布。全長14~19cm。トカゲモドキのうち、沖縄県に分布する他亜種が沖縄県指定天然記念物なのに対し、オビトカゲモドキだけは鹿児島県に分布しており、保護の規制がありません。レッドデータブック:絶滅危惧ⅠB類

**ヒメハブ** *Trimeresurus okinavensis* 奄美諸島、沖縄諸島に分布。体長30~80cm。体色は褐色で、太短い体形です。

**サキシマハブ** *Trimeresurus elegans* 八重山諸島に分布。体長60~120cm。背面は褐色で黒っぽい斑紋があります。沖縄本島に人為的に持ち込まれ、逃げ出した個体と在来のハブとの交雑種が確認されています。

**ハブ** *Trimeresurus flavoviridis* 奄美諸島、沖縄諸島に分布。体長100~220cm。生息している島により模様が異なります。

**トカラハブ** *Trimeresurus tokarensis* トカラ列島の宝島、子宝島に分布。体長60~120cm。明るい灰褐色で小さい斑紋があります。

### ◇ 両生類

**カスミンショウウオ** *Hynobius nebulosus nebulosus* 鈴鹿山脈以西の西日本、四国北東部、九州北西部に分布。全長7~15cm。レッドデータブック:京都・大阪地域の個体群・絶滅のおそれのある地域個体群(付属資料)、水産庁データブック:京阪個体群・危急種

**愛知県産トウキョウサンショウウオ** *Hynobius nebulosus tokyoensis* トウキョウサンショウウオ自体は東日本に分布。全長8~13cm。「保護活動の一環として移植が行われているが、遺伝子交流の面から注意を要する」(レッドデータブックより)必要があります。レッドデータブック:絶滅のおそれのある地域個体群(付属資料)、水産庁データブック:愛知個体群・絶滅危惧種

**ハウバサンショウウオ** *Hynobius hidamontanus* ●14ページ参照。

**ヤマサンショウウオ** *Hynobius tenuis* ●14ページ参照。

**ヒダサンショウウオ** *Hynobius kimurae* 関東西部、中部、近畿中部、北部、山陰に分布。全長8~17cm。

**オオダイガハラサンショウウオ** *Hynobius boulengeri* 近畿南部、四国、九州の一部に分布。全長16~21cm。体色は黒褐色で斑紋がありません。奈良、大分、三重県で県指定天然記念物。レッドデータブック:本州・九州地域の個体群・絶滅のおそれのある地域個体群(付属資料)、水産庁データブック:希少種

**静岡産未同定サンショウウオ** *Hynobius sp.*

### ◇ 魚類

**スナヤツメ** *Lethenteron reissneri* 北海道・本州・四国および九州の一部に分布。全長約20cm。土砂の堆積や水質の悪化など水の汚れに弱い。レッドデータブック:絶滅危惧Ⅱ類

**モツゴ** *Pseudorasbora parva* ●16ページ参照。

**ウシモツゴ** *Pseudorasbora pumila subsp.* ●16ページ参照。

**シナイモツゴ** *Pseudorasbora pumila pumila* ●16ページ参照。

**ギンブナ** *Carassius auratus langsdorffii* 日本各地に分布。全長約30cm。背面は緑褐色で、側面から腹面は淡銀白色をしています。

**キンブナ** *Carassius auratus subsp.1* 日本海側では山形県以北、太平洋側では本州の関東以北の池沼に分布。全長15~20cm。

**ナガブナ** *Carassius auratus subsp.2* 諏訪湖を中心とした地域に分布。全長約25cm。近年、長野市でも生息が確認されました。

**ニゴロブナ** *Carassius auratus grandoculis* 琵琶湖固有亜種。全長35~40cm。体高が低く、体は筒形に近くなっています。

**ゲンゴロウブナ** *Carassius cuvieri* 琵琶湖水系の特産種でしたが、移植されて各地に広がりました。全長約40cm。

### ◇ 昆虫類

**ゲンジボタル** *Luciola crucata* ●18ページ参照。

**ニホントガリシタハバチ** *Hemilaxonus japonicus* 北海道から九州に分布。自然環境下ではジュウモンジシタとイノデの2種のシタを寄主(寄生をする相手)としていますが、地域によっては一方の植物のみに寄生します。この寄主植物の好みは遺伝的に分化した結果と考えられ、生態的に区別できるという意味で「生態種」とよべます。

### ◇ 植物

**ナンビノデ** *Polystichum otomasui* 宮崎県、熊本県に分布するシダ植物です。常緑性で、山林の林床に生息します。染色体数はn=41の2倍体。和名は熊本県南部(南肥)にちなみます。

**トキワイカリソウ** *Epimedium diphyllyum* ●20ページ参照。

**バイカイカリソウ** *Epimedium sempervires* ●20ページ参照。

## 《コラム》 レッドデータブック

絶滅のおそれのある動植物をリスト化し(レッドリスト)、それぞれの絶滅の危険度や状況を解説した報告書です。もともとIUCN(国際自然保護連合)から刊行された全世界レベルの報告書を指しますが、IUCNに準じて各国で国内版、地方版が作成されています。わが国で普通にレッドデータブックという場合は、環境省(旧環境庁)より刊行された「日本の絶滅のおそれのある野生動物」を指します。この(国内版)レッドデータブックは1991年より動物について刊行されていましたが、より定量的な評価基準による新たなカテゴリー(野生動物のなかで保護の緊急性の高いものから順に、「絶滅危惧Ⅰ(A、B)類」、「絶滅危惧Ⅱ類」、「準絶滅危惧」)に基づき、ランクの見直しなどをした改訂版が作成されています。2000年には「爬虫類・両生類」(改訂版)、「植物Ⅰ」、2001年に「植物Ⅱ」についてレッドデータブックが刊行されました。

なお、本冊子内で単に「レッドデータブック」と示したものは、すべて「環境省(旧環境庁)版レッドデータブック」のことを指しています。



# 遺伝的多様性とは何か



どんな生物も、細胞から構成されています。ヒトは、約60兆個もの細胞から構成されているといわれており、その細胞それぞれの核のなかに、決まった数の染色体のセット(=ゲノム)を持っています。染色体の上には遺伝子が存在し、遺伝子は普通DNAとよばれる高分子からできています。DNA(および遺伝子、染色体)はその個体の全ての細胞で基本的に同一です。一方、クローンでない限り、他の個体と同一であることはまずありません。さらに、種が違えば、細胞あたりのDNAの長さ、遺伝子の数、染色体の形などさまざまな違いが現れます。

ある特定の遺伝子をたくさんの個体や集団で比べたとき、バリエーションが豊富であれば、その遺伝子の多様性が高いということになります。「遺伝子」に注目したとき、個々の遺伝子のバリエーション全体を「遺伝子(レベル)の多様性」といいます。遺伝子に限らず、ひとつの種のなかで、集団や個体が示す遺伝的な違いを「遺伝的多様性」といい、種のなかで、個体ごとの遺伝的な違いが多くみられることを「遺伝的に多様である」といいます。

## 遺伝的多様性を調べること

はじめにふれたとおり、遺伝子レベルの多様性は種内に存在する遺伝的違いを意味し、地理的に隔たった集団間の変異と単一の集団内にみられる変異の2つの面が含まれます。

遺伝子レベルの第一の面、「地理的に隔たった集団間の変異」とは、たとえるなら「遺伝子の方言」のようなものだと思います。同じ日本語のなかで、地方ごとに特有の方言があるように、目には見えなくても、生物の遺伝子にも地方ごとの違いがあります。

同じひとつの「種」とされていても、別の地域に生息している集団を遺伝的なレベルで比較したとき、互いに大きく異なっていることは少なくありません。特に島嶼に取り残された種の場合、その傾向は顕著です(6~7ページ参照)。これはそれぞれの島の集団が、海を隔てて互いに行き来できなくなり、その後の長い時間を経て、島ごとに独自の「方言」ができあがっていったことを示しています。

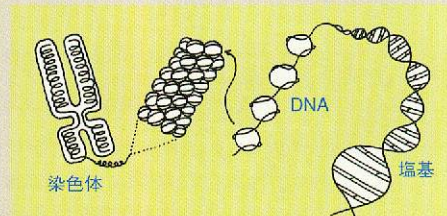
しかし、そういった遺伝的な違いは、必ずしも外見(形態)に現れるわけではありません。例えば、この調査で調べられているトゲネズミは、異なる島にすんでいるもの同士を比べても外見上顕著な違いはありません。トゲネズミは種として絶滅のおそれがあり、保全の対策が必要ですが、仮に外見だけで判断し、遺伝的に違いがあることを理解していないと、「同じトゲネズミだから」と、保全対策として、ある島のトゲネズミを他の島に移すようなことをしてしまうかもしれません。しかし、遺伝子からみれば、それは「同じ」ではありません。新しく持ち込まれたトゲネズミが増えたとしても、そのこと自体が、もともとその島にすんでいたトゲネズミの住みかや繁殖の機会を奪うことになる

## 《コラム》染色体・遺伝子・DNA

DNA(デオキシリボ核酸)は核酸とよばれる物質の一種で、遺伝子の正体です。アデニン(A)、グアニン(G)、シトシン(C)、チミン(T)という4種の単位(=塩基)が一列につながった2本の鎖が水素結合で対になった二重らせん構造をしています。ヒトでは全てのDNA塩基対を数えると、30億にもなり、引き延ばすと、細胞あたり2m弱の長さになります。

遺伝子とは、DNAの塩基によって書かれた生物の設計図です。遺伝子の数は例えばヒトではおよそ3万個というのが、最近の研究で明らかになりました。ヒトのような高等生物では、遺伝子はDNAの上に散らばって存在し、遺伝子書き込まれている場所はDNA全体の数%です。

DNAは普段は細胞の核にコンパクトにまとめられていて、細胞分裂の際、染色体という形をとります。





**ト**ゲネズミは奄美大島、徳之島、沖縄本島の原生林内に生息するネズミです。背中に柔らかい毛に混じって硬い針状の毛を持つことから「トゲネズミ」とよばれています。

奄美大島産の亜種アマミトゲネズミ *Tokudaia osimensis osimensis* の体長は12～15cm、体色は黒褐色です。沖縄本島産のものはオキナワトゲネズミ *Tokudaia osimensis*



●オキナワトゲネズミ(写真提供：宮崎医科大学 土屋公幸氏)

## 似て非なる3つの島のネズミたち

# トゲネズミ

**トゲネズミは現在、種としては一種ですが今回の遺伝的多様性調査により、生息する島ごとに遺伝的に大きく異なり、種の保全をする上では、島ごとの保全対策が必要になりそうなことがわかってきました。**

*muenninki*という別亜種に分類され、アマミトゲネズミより一回り体が大きく、体色も赤色味が強いとされています。マングースやネコなどによって頻繁に捕食されており、特に沖縄の集団は絶滅が心配されています。トゲネズミ全体として国の天然記念物に指定されているほか、オキナワトゲネズミは、絶滅危惧IA類(環境省(旧環境庁)版レッドデータブック)、絶滅危惧種(沖縄県版レッドデータブック)とされています。また、アマミトゲネズミは環境省(旧環境庁)版レッドデータブックでは絶滅危惧IB類にランクされています。

### 特殊な絶滅危惧種

今回の調査で同時に実施したオキナワトゲネズミの生息地調査では、はっきりとした生息の痕跡はみつきませんでした。聞き取り調査からは、オキナワトゲネズミは現在も沖縄に生息するものの、その個体数は少なくなっており、生息地もクマネズミなどによってせばめられつつあると思われます。

トゲネズミは種として希少な動物だというだけでなく、遺伝子レベルでも非常に特殊なネズミです。今のところ亜種の関係にある奄美と沖縄のトゲネズミですが、細胞レベルでみるとまったく違う種ではないかと思われるほどの差がみつかっています。3つの島それぞれのトゲネズミの染色体数を比較すると、奄美大島産は $2n=25$ でY染色体が

みつからないXO型、徳之島産は $2n=45$ でこれもXO型、沖縄本島産は $2n=44$ でXY型です(右ページ写真・コラム参照)。

### 一千万年以上前に分岐した系統

トゲネズミの系統と起源を把握するために、他のネズミの仲間(*Mus*属(マウスの仲間)、*Rattus*属(ラットの仲間)など)とともに、核の遺伝子、さらには細胞内小器官であるミトコンドリアのチトクロームb遺伝子の塩基配列を調べました。その結果、トゲネズミの先祖はかなり古い時代に他のネズミの仲間と分岐したことがわかりました。その年代を推定すると、マウスの先祖がラットの先祖と分岐したのとはほぼ同じ時期であり、最低の見積もりでも1200万年前ごろとなります。Mouse(マウス)もRat(ラット)も日本語では同じ「ネズミ」なので、それほど違いを感じないかもしれませんが、例えばこれは、ヒトとチンパンジーの先祖が分岐したとされる推定時期(490万年前)よりずっと古いということになります。

つぎに、奄美大島産と徳之島産のトゲネズミについて、核の遺伝子をRFLP法(19ページコラム参照)で解析したところ、2つの島嶼集団間で大きな違いが認められました。これらの結果は徳之島、奄美大島の集団は進化的に

長い時間、遺伝的交流がなかったことを示しています。その違いは別種といってもよいほど異なっていました。

遺伝的多様性調査の結果、トゲネズミは古くから独自の進化の道を行ってきた、遺伝的にも貴重な動物であることが改めてわかりました。また、今回は沖縄本島産トゲネズミの遺伝的調査はできなかったものの、トゲネズミはそれぞれの島の間で独自に進化してきたことが考えられ、島ごとに保全を行う必要性が高いことがこの調査で裏付けられました。

島ごとの遺伝的違いが別種に匹敵するほどのものであることが示されたことから、同じ種だからといって、安易に徳之島産のトゲネズミを奄美大島産のトゲネズミとかけ合わせたりすることはトゲネズミの遺伝的多様性を保持する上で好ましくないことであると推測されました。



●トゲネズミの分布

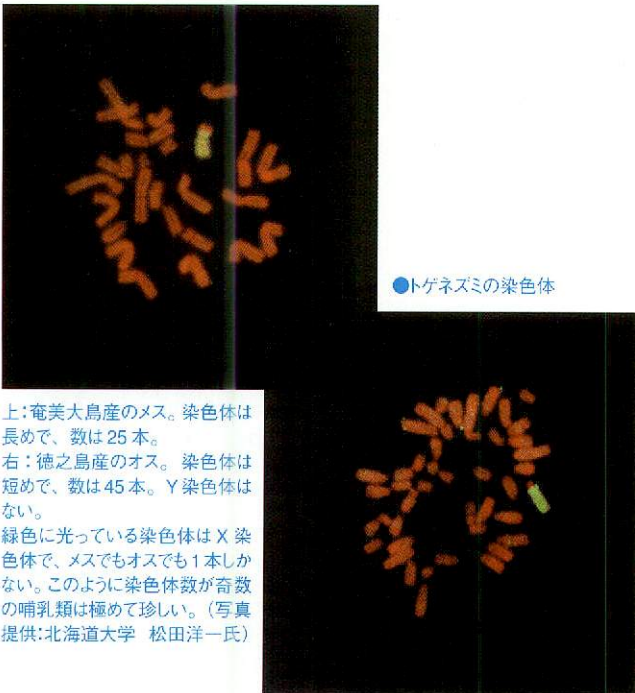
### その他の種の遺伝的多様性調査結果 (小型哺乳類)

ケナガネズミはラットの仲間と遺伝的に近く、トゲネズミほど、著しい地理的変異性は生じてはいないことがわかりました。

ヤマネはいくつかの遺伝的に分化した集団が全国で少なくとも4つは存在することがわかりました。

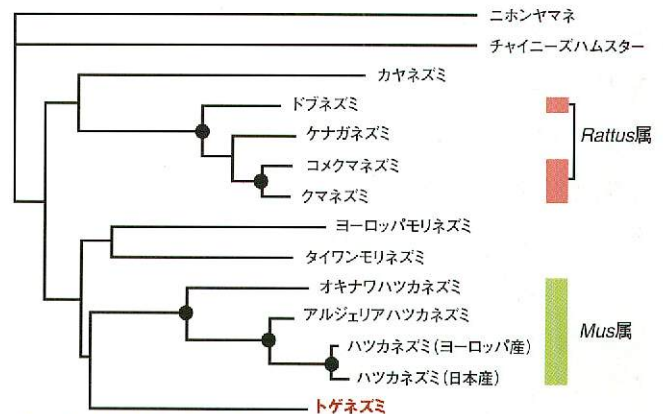
ヒミズは東日本と西日本のグループに分かれ、モグラ類の種間レベル(アズマモグラ・コウベモグラ間)と匹敵するほどの非常に大きな遺伝的違いがありました。

ヒメヒミズの2つのグループ(四国・九州グループと本州グループ)間の違いはヒミズーヒメヒミズ間の違いと匹敵するほど大きく、九州、四国、紀伊半島、信州、東北それぞれを極めて特異性の高い地域集団として保全しなければならない必要性が示唆されました。



●トゲネズミの染色体

上:奄美大島産のメス。染色体は長めで、数は25本。  
右:徳之島産のオス。染色体は短めで、数は45本。Y染色体はない。  
緑色に光っている染色体はX染色体で、メスでもオスでも1本しかない。このように染色体数が奇数の哺乳類は極めて珍しい。(写真提供:北海道大学 松田洋一氏)



●トゲネズミと近縁種の系統関係

## 《コラム》哺乳類の性決定

哺乳類では、性染色体の組み合わせにより性は決定されます。哺乳類の性染色体はX染色体とY染色体で、XY型と呼ばれています。同じ性染色体Xを2本持つ場合(XX)がメスで、X染色体とY染色体を一本ずつ持つ場合(XY)がオスです。Y染色体がないと必ずメスになることから、哺乳類の性決定をしている遺伝子はY染色体上にあると考えられてきました。その探求は多くの研究者によって行われ、その結果、Y染色体上にあるSRYという遺伝子が性決定因子の正体であることが明らかになりつつあります。哺乳類ではSRY遺伝子があればオス、なければメスになります。しかしながらSRYがどのような働きをしているのかは正確には分かっていません。

さて、奄美大島産と徳之島産のトゲネズミですが、大変不思議な性染色体の構成です。オスもメスも性染色体はX染色体の1本のみ(写真)で、オスはY染色体を持ちません。つまり性差に関わらず、同一の性染色体構成となっています。なお、このトゲネズミのような性の決定様式をXO型と呼んでいます。エックスオーと読みますが、Oはゼロという意味です。トゲネズミはこれまでの研究からSRYを持たないことが明らかになっています。つまり、SRYがなくとも性決定がなされているということです。したがって、トゲネズミは哺乳類の性決定機構のシステムを探るためにも、学術上大変貴重な種であるといえます。

**イ**タチはニホンイタチともよばれ、本州、四国、九州および近隣の島に分布します。体長(頭胴長)は27~37cm、尾長は12~16cm(オス)で体色は山吹色をしています。かつてはごく普通に見られましたが、生息環境の悪化と、移入種であるチョウセンイタチの分布拡大によって、生息数は減少しつつあります。一方、伊豆諸

尾の長さの違いは種の違いなのか

# イタチとチョウセンイタチ

イタチとチョウセンイタチは同じ種とされることもあるほどよく似た動物です。

この調査では、遺伝子レベルでは、これら両イタチがはっきり区別できることがわかりました。生物相の調査を行う場合には、前提として種の区別について共通の理解を持つことが重要です。外見上似た生物の遺伝子レベルの調査をあらかじめ行うことは、今後の生物相調査では重要な役割を果たすかもしれません。

島などにはネズミ駆除などの目的で持ち込まれ、その島固有の種を補食するなど、害獣になっています。

チョウセンイタチ(シベリアイタチ)は世界的にはヨーロッパ東部からアジアまで広く分布する種で、日本では対馬のみに自然分布します。1949年ごろに海外から持ち込まれた個体が西日本を中心に野生化し、徐々にイタチを駆逐し、生息域を広めつつあります。体長(頭胴長)は28~39cm、尾長は16~21cm(オス)、イタチよりやや大型で尾が長く、褐色がかかった山吹色の体色をしています。

## 同種か別種か

イタチはよく知られている哺乳類ですが、よく似ているチョウセンイタチと同種か別種か、という問題が現在まで完全決着していません。

イタチとチョウセンイタチの外見を比較すると、頭胴長と尾長の比(=尾率)が相対的にチョウセンイタチのほうが大きいとされます(イタチ約40%、チョウセンイタチ50%以上・写真参照)。しかし、この違いが両者は別種だといえるほどなのかは異なる見解があります。同種としている場合でも、イタチはチョウセンイタチの亜種とする見解もありますし、海外などではイタチとチョウセンイタチはまったくの同種としている場合もあります。

形態のみから両種を区別することは困難ですが、遺伝子レベルで比較をすることで、外見だけでははっきりしなかった違いが見つかる可能性があります。

## 遺伝子の違い

今回の調査では、遺伝子の調査と染色体の形状の調査を行い、イタチとチョウセンイタチがどれだけ近縁かを調査しました。

まず、日本各地の博物館・動物園および生態調査時の協力を得て、交通事故死体、捕獲個体を集め、尾率からイタチとチョウセンイタチに分けました。つぎに、それぞれの個体からDNAを抽出し、ミトコンドリアDNAの塩基配列を調べました。



その結果、イタチとチョウセンイタチは、調べた塩基配列の約4～6%で違いがみられました。それに対し、日本各地のイタチ同士の遺伝的違いは、チョウセンイタチとの違いより小さく、イタチ同士のほうが遺伝的に近いこと、チョウセンイタチ同士での遺伝的違いはほとんどないことがはっきりしました。ここでの調査の結果は、イタチとチョウセンイタチは遺伝子の上からは、はっきりと区別できることを示しています。

つぎに、イタチとチョウセンイタチの間で染色体を比較しました。両種の染色体数はともに38本(2n=38, XY)でしたが、染色体の形を比較すると、イタチとチョウセンイタチで大きく異なっていました。写真で見ると、13番染色体などは形も大きさもはっきり異なることがわかります。

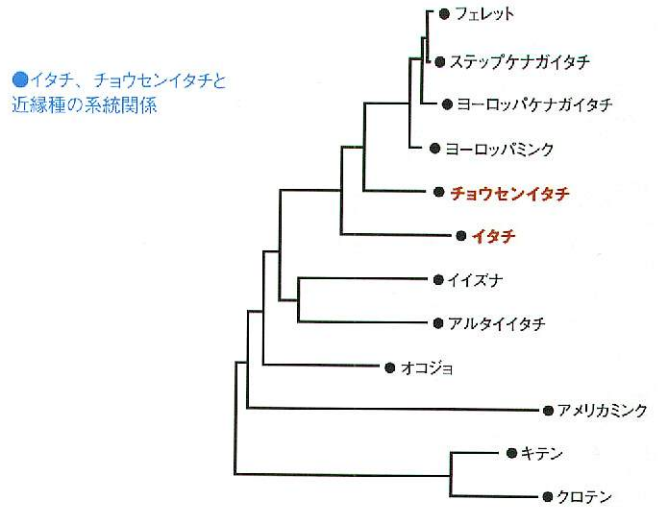
## チョウセンイタチはどこからきたのか

チョウセンイタチが過去に韓国から日本へ移入されたものであるという説について、今回の解析から遺伝子レベルの証拠を得ることができました。現在の日本のチョウセンイタチは韓国産と遺伝的に近く、さらに西日本全域から広く採取されたチョウセンイタチの間では、遺伝的な違いがほとんど検出されず、遺伝的に均一性が高いという結果がでました。これらのことは、現在西日本一帯に生息しているチョウセンイタチが韓国起源であり、短期間のうちに生息域を拡大したことを示唆しています。

## ふたたび、同種か別種か

この調査では、イタチとチョウセンイタチの遺伝子の違い、染色体の違いから、2種は遺伝的なレベルで区別できることがわかりました。「種の問題」は1冊の本が書けるほど複雑なので、両者が種と種の関係にあるのかどうかは総合的に判断されるべきですが、この調査での結果だけから判断すると、両者は別種としてもよいように思われます。

また、今回の調査結果は、将来遺伝子レベルの調査が広く行われるようになれば、分布調査などにおいてもイタチとチョウセンイタチをもっと簡単に区別できるようになる可能性を示しています。今後の生物調査において、外見上よく似た生物の遺伝子レベルでの相違の把握は、ますます必要性が高まるのではないのでしょうか。



## その他の種の遺伝的多様性調査結果(中型哺乳類)

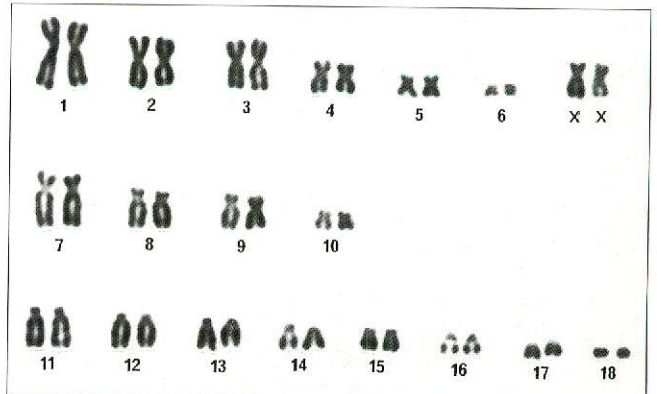
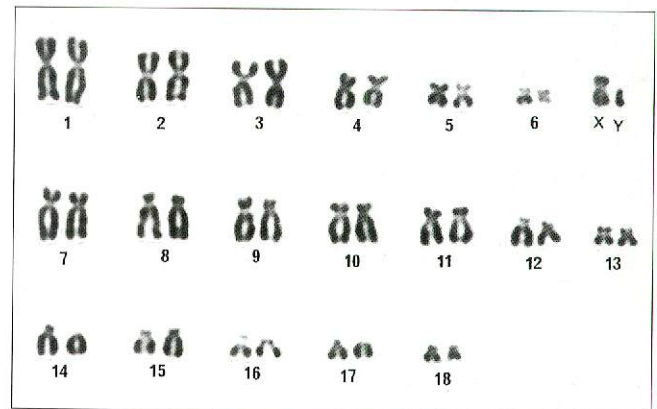
テンは、本州・九州・四国地域の明瞭な遺伝的違いがないことが示されました。対馬産テンの本州産との遺伝的な違いは、本州内の地域間の違いに比べて大きいものではありませんでした。クロテンは、遺伝的に近い集団が、必ずしも近くに分布しているとは限らないことが示されました。今後、北海道におけるクロテンとテンの雑種化についても検討が必要と思われます。

イズナの北海道集団と本州集団を比較したところ、津軽海峡をはさんで大きな遺伝的違いがあることが認められました。オゴジョの北海道集団と本州集団との遺伝的な違いは、イズナのそれと比較して小さいことがわかりました。ユーラシアにおいて極めて短期間に分布を拡大したためと考えられます。

### ●染色体の比較

上：イタチの染色体／下：チョウセンイタチの染色体

本数は同じ38本だが、一本一本の形が大きく異なる(写真協力:北海道大学 黒瀬奈緒子氏)。



**ラ**イチョウは中部山岳の高山帯に分布していますが、駒ヶ岳、南駒ヶ岳、八ヶ岳、蓼科山、白山の個体群はすでに絶滅しています。体長37cm。生息数は北アルプスに約2000羽、南アルプスに約700羽と少なく、レッドデータブックでは、絶滅危惧Ⅱ類にランクされているほか、特別天然記念物に指定されています。また、「絶滅のおそれのある野生動植物の種の保存に関する法律」における国内希少野生動植物種です。人工増殖が試みられていましたが、完全には成功していません。



●ライチョウの羽毛／調査のためのDNAは羽毛からでも採取できる。

## 氷河期の生き残り

ライチョウの生息場所は高山帯なので、分析のためのサンプルも高山帯に登って収集しなければなりません。絶滅危惧種であるライチョウにできるだけストレスを与えないように、捕獲せず、換羽<sup>かんう</sup>によって脱落した羽毛をサンプル

として用いました。北アルプスの4地域のサンプル、南アルプスのサンプルのほか、国外のサンプルとして、ロシア、アラスカなどのサンプルの分析も行いました。

塩基配列の違いから、ライチョウが海外のライチョウと

## 遺伝的多様性からみた絶滅のおそれ

# ライチョウ

この調査では、ライチョウの遺伝的多様性は極めて低く、レッドデータブックで絶滅危惧ⅠA類にランクされた種に匹敵するほどであることがわかりました。これは3000羽という生息数からふつうに推定されるランクより、ずっと絶滅のおそれが高いことを示しています。生息数は絶滅のおそれのある種の重要な指標ですが、それとともに、絶滅危惧種の遺伝的多様性を調べることも必要です。



●ライチョウ(写真提供：九州大学 馬場芳之氏)

分岐した年代を推定しました。ライチョウは、海外のライチョウとは最終氷期のさなか(1.5~3.5万年前)に分かれたと推測されます。国内両アルプスのライチョウは、最終氷期終わりのころに分かれたと思われ、別々の個体群と考えたほうがよいように思われます。

## 遺伝的多様性はとても低かった

ライチョウと、他の絶滅危惧種の遺伝的多様性を比較しました。エゾライチョウや、中国のタンチョウは高い多様性を示しましたが、絶滅危惧種のライチョウ・日本のタンチョウ・シマフクロウはいずれも非常に低い多様性でした。ライチョウの多様性は、日本のタンチョウよりも低く、シマフクロウに匹敵すると推定されました。

タンチョウは現在約700羽ですが、人間活動による環境変化で25羽まで減少したことがあります。わずか100羽が北海道に生息するのみとされるシマフクロウは、絶滅危惧IA類というもっとも絶滅のおそれの高い種のひとつです。ライチョウがこれらの種にならぶほど遺伝的多様性が低いということは、個体数から推定される以上に絶滅のおそれが高いと考えられます。計算上のライチョウの遺伝的多様性は、実際の生息数約3000羽の5%である150羽と同程度以下にしかならず、絶滅危惧IA類に相当するものでした。このようなライチョウの極端な遺伝的多様性の低さは、約9000~6000年前の急激な地球の温暖化の影響で個体数が現在より非常に少ない時期があった結果、生じたと考えられます。

ライチョウのように、限られた地域にしか生息できない種の遺伝的多様性を調べることは、遺伝的な交流からみた地域分類や、(個体数ではなく)DNAから絶滅のおそれの評価をする基礎資料としても、今後の保全対策を考える上でも重要です。今回の調査では、ライチョウは遺伝的多様性が極端に低く、絶滅のおそれが予想以上に高いのではないかと、ということが示唆されました。今後はこのような遺伝子レベルの情報を取り入れつつ、保全対策を考えていく必要があります。

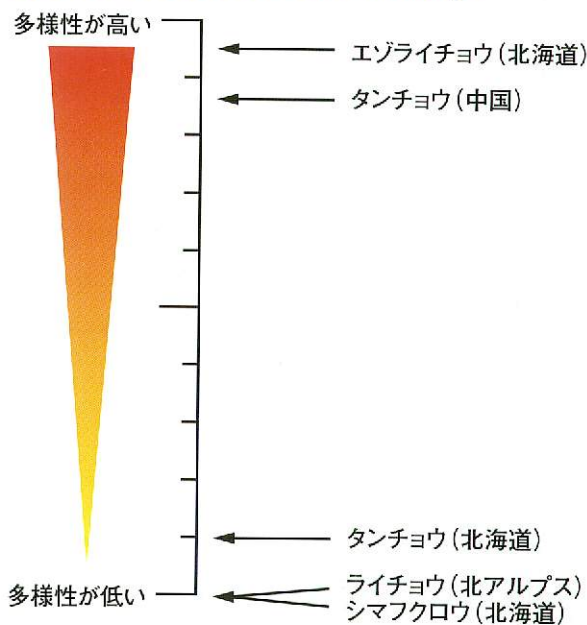
## その他の種の遺伝的多様性調査結果(鳥類)

ウミスズメとカムリウミスズメは重油流出などの人間の環境破壊による影響を受けやすい種で、外見から種の判別がつきにくいことから、遺伝子による調査が種判別に有効な種でもあります。この調査では、ナホトカ号油汚染事故の被害にあったウミスズメ類を調べ、遺伝子レベルの調査が、種判別のための、より正確な情報を集める助けになることを示しました。

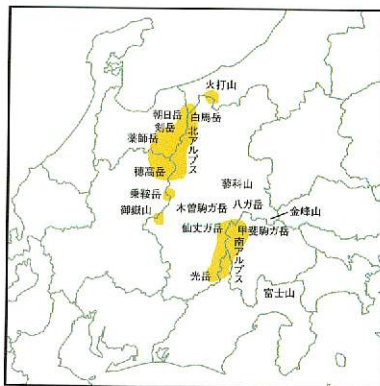
エゾライチョウは北海道全体として、现阶段では遺伝的多様性が高いことがわかりました。人間の開発行為により北海道の森林は減少、分断されているため、長期的には現在のような遺伝的なつながりを保持することは困難と思われ、今後の生息動向に注意が必要です。

ナベヅルとマナヅルでは個体を傷つけず、脱落羽毛から抽出されたDNAを用いて調査を行いました。非常に高い遺伝的多様性を示し、アデリーペンギンやキョウジョシギとならんで、もっとも遺伝的多様性が高いグループに位置することがわかりました。

●ニホンライチョウ・タンチョウ・シマフクロウの遺伝的多様性



●ライチョウの分布



## 単為生殖種の遺伝的多様性

# オガサワラヤモリ

オガサワラヤモリには普通メスしか見られません。  
クローン繁殖のひとつである単為生殖(たんいせいしよく)によって子孫をつくるのです。  
一般にクローン繁殖をする動物の遺伝的多様性は低いのですが、  
オガサワラヤモリには多くの遺伝的に異なるクローンが知られています。

**オ**ガサワラヤモリは太平洋やインド洋の島々に広く分布する小型のヤモリです。分布の北限にあたる日本国内では、琉球列島の南部、大東諸島、および小笠原諸島に分布しています。

### 単為生殖：オスのいない生物

人間を含む多くの動物は、両親から遺伝子を受け継ぎ子孫をつくります(両性生殖といわれます)。しかし、オガサワラヤモリはメスだけで子孫をつくります。このような生物を単為生殖種といいます。オスは繁殖に必要なく、ほとんど見つかりません。単為生殖種の特徴は、多くの場合、子が親と遺伝的にまったく同一のクローンであるということです。

最近、本種に2倍体(ばいたい) ( $2n=2x=44$ )と3倍体 ( $2n=3x=66$ )のものが含まれること(右ページコラム参照)、さらにそれぞれの中に遺伝的に異なる複数のクローンが存在すること、背面の斑紋(はんもん)が各クローンにより特徴的であることが明らかになってきました。そこで、日本各地のオガサワラヤモリの遺伝的多様性を調査しました。

小笠原諸島のオガサワラヤモリはすべて2倍体で、背面のV字型の模様で特徴づけられるクローンAと同定されました。このクローンAは太平洋熱帯域に広く分布しますが、第2次世界大戦中やその後の物資の輸送に伴い、急速に分布を広げたと考えられます。小笠原にも同様に

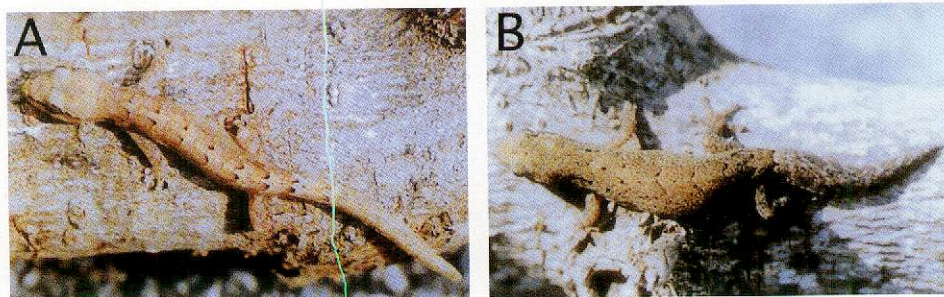
持ち込まれたのでしょう。

琉球列島のクローンは、すべてが太平洋の島々でもみられる3倍体のクローンCでした。琉球列島で初めて記録されたのは1971年とかなり新しいのですが、その後20年ほどの間に列島の南側半分のほとんどの島で記録されました。比較的最近、外部から少数の個体の侵入があり、その後他の島々へ広がっていったと思われます。オガサワラヤモリはたとえ1匹からでも集団を立ち上げることができるので、このような形で分布を広げることはさほど難しくないのでしょう。

大東諸島では、2倍体と3倍体の両方のクローンがみられます。このうち2倍体のクローンは、独特な斑紋パターンからクローンDaと名付けました。一方、3倍体クローンのうち北大東島の4個体は、背面の模様からマイクロネシアなどに分布するクローンBと同定されました。他の3倍体の個体は、1個体を除きクローンBと似ていましたが、遺伝的には9タイプのクローン(クローンB'、クローンBI-1～BI-8)に分けられました。残りの1個体の斑紋は独特で、首の側面と尾の基部にしか黒色斑がありません(クローンN)。遺伝子を調べると、この個体はGlydhと呼ばれる遺伝子座(その遺伝子の存在している染色体上の場所)を除いてはクローンBI-5と同じでした。

### 高い遺伝的多様性の不思議

遺伝的な調査の結果、国内のオガサワラヤモリの遺伝的多様性は、特に大東諸島では驚くほど高いことが確認されました。しかも、大東諸島のクローンは、クローンBを除き、島固有のタイプであるらしいこともわかりました。今いる沖縄や小笠原のク



● A：小笠原諸島の母島産のクローンA / B：沖縄諸島の座間味島産のクローンC

●大東諸島のクローン  
 > 南大東島のクローンDa / > 北大東島のクローンC  
 > 南大東島のクローンB / > 南大東島のクローンD / > 南大東島のクローンE / > 南大東島のクローンF / > 南大東島のクローンG / > 南大東島のクローンH / > 南大東島のクローンI / > 南大東島のクローンJ / > 南大東島のクローンK / > 南大東島のクローンL / > 南大東島のクローンM / > 南大東島のクローンN / > 南大東島のクローンO / > 南大東島のクローンP / > 南大東島のクローンQ / > 南大東島のクローンR / > 南大東島のクローンS / > 南大東島のクローンT / > 南大東島のクローンU / > 南大東島のクローンV / > 南大東島のクローンW / > 南大東島のクローンX / > 南大東島のクローンY / > 南大東島のクローンZ



クローンは、人間によって持ち込まれたものと思われませんが、大東諸島の集団については、多様性、固有性が高いことから、人間による外部からの持ち込みではなく、島内でクローンが多様化したと思われま。しかし、ただ単為生殖を繰り返すだけではクローンは多様化しません。クローンが多様化するプロセスとしては、①あるクローンからの突然変異による別のクローンの出現、②両性生殖種(親種・コラム参照)との交雑によるさまざまな遺伝子の組み合わせを持ったクローンの創出、の2つが考えられます。大東諸島の集団の場合、遺伝子を調べた結果からは、②の可能性が高いことが示されました。

コラムで触れているように、オガサワラヤモリはミクロネシアにいるヤモリ2種の交雑による雑種がその起源と考えられています。しかし、大東諸島の3倍体クローンの場合、その多様性、固有性をみる限り、クローンDa、もしくは絶滅した他の2倍体のクローンが、近縁の両性生殖種のオスと、大東諸島内で複数回交雑したことに由来する可能性が考えられます。ただ、現在の大東諸島には、こうした両性生殖種は見られません。なぜでしょうか。大東諸島に人が住み始めたのはほんの100年ほど前ですが、その後は急速に開拓が進みました。こうした開拓の結果、親種が絶滅してしまったのかも知れません。

オガサワラヤモリは従来から移入種だとされ、保全の対象になることはありませんでした。しかし、遺伝的多様性の調査から明らかになった大東諸島クローンの多様性の高さからは、単なる人為的な移入とは考えられません。さらに、その遺伝的、地理的独自性、そしてその生息密度の低さを考えるならば、大東諸島のオガサワラヤモリは保全の必要性が高いといえるでしょう。

## 《コラム》 倍数化による種形成

高等生物は、一般に両親から染色体を1組ずつ受け取ります。遺伝学用語では2倍体とよばれます。これに対し、3倍体とは、この2倍体より、もう1組多く遺伝子を持つことから名付けられた名称です。同じように4組持てば4倍体、6組持てば6倍体です。3倍体以上の生物を(高次)倍数体といえます。動物では比較的まれなものです。植物では倍数体が普通にみられるものもあります。

オガサワラヤモリのような単為生殖種は、もともといた両性生殖の種が雑種をつくること(種間交雑)で、誕生したと考えられています。3倍体クローンは、2倍体のクローンがさらに両性生殖種のオスと交雑し、それぞれ2組と1組の染色体を出すことで生じたと考えられています(交雑によって単為生殖種を産み出した両性生殖種を親種といえます)。これまで調べられた国外のオガサワラヤモリは、ミクロネシアにいる2つの両性生殖種の遺伝子を持っており、この2種の交雑によって生じ、その後急速に分布を広げたというのが通説になっています。上記の大東諸島の集団に関する研究結果は、この通説に一石を投じることになったのです(※)。

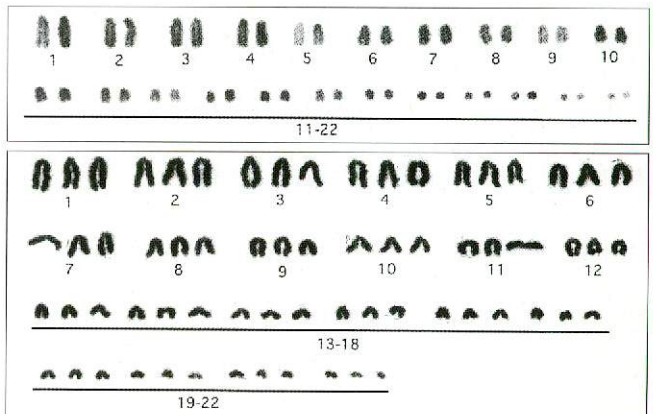
(※)参考:日本動物大百科5両生類・爬虫類・硬骨魚類,平凡社,東京, p. 63.

## その他の種の遺伝的多様性調査結果(爬虫類)

日本の固有種であるタワヤモリにおける集団内の遺伝的多様性のレベルは、他種と比較して著しく低いことがわかりました。このことから、タワヤモリの環境の変化に対する適応性は、著しく低いことも考えられ、開発などで環境が急変する場所では生息密度の変化に注意する必要があると思われま。

ハブでは、沖縄諸島・奄美諸島をはじめ、生息する島嶼の間で少なからず遺伝的分化が生じていることがわかりました。よって、島嶼間でハブ類を移動させることは、産地ではない場所で放逐される可能性もあり、ハブの遺伝的多様性を保持するためには好ましくないと考えられます。

クロイトカゲモドキに関する研究では、沖縄本島南部と北部の基亜種集団の間に遺伝的分化が生じており、前者は後者よりもむしろ別亜種マダラカゲモドキとされる伊江島の集団により近い、という従来の分類に合わない結果がでました。なお、徳之島のオビトカゲモドキは、沖縄諸島のトカゲモドキとは大きく異なっていました。



●オガサワラヤモリの染色体  
 上/小笠原諸島のクローンA(2倍体) 下/西表島のクローンC(3倍体) 同じオガサワラヤモリでも染色体の数が異なる。

## 絶滅危惧種との境界

# ハクバサンショウオと ヤマサンショウオ

遺伝子レベルの情報があつて当たり前のように思われるレッドデータ種でも、  
実は十分に調べられていないものがほとんどです。  
基本的な点で未解決な問題があるため、希少な種の保全や  
絶滅のおそれのある種の選定を行うためには、  
遺伝子レベルの情報が重要な意味を持っています。

**ハ**クバサンショウオは分布域が極めて狭い山地に限られていて、一般に知られている確実な生息地は世界中で長野県白馬村のみです。しかし近年、その地域をとり囲む地域にも分布することが分かってきました。全長は約8～10cm。観光開発や、1995年の豪雨による災害およびその復旧工事によって、生息地が危機的状況になっています。絶滅危惧IB類(環境省(旧環境庁)版レッドデータブック)、危急種(水産庁データブック)にランクされるほか、白馬村レッドデータブックでは絶滅危惧種、白馬村指定天然記念物です。

ヤマサンショウオは飛騨山脈(北アルプス)のみで確認されています。全長は約9～10cm。ハクバサンショウオと比べ、富山、岐阜のより広い地域に分布していますが、両種の産地は飛騨山脈によって地理的に隔離されて

います。特に保全の対象とはされていません。

## 限られた生息地と 絶滅のおそれ

ハクバサンショウオとヤマサンショウオは、ともに生息地が山地に限られたサンショウオです。ハクバサンショウオはレッドデータブックに絶滅危惧IB類として掲載されていますが、その主な理由は分布範囲が長野県白馬村付近に限られ、極めて狭いことにあります。ハクバサンショウオほどではありませんがヤマサンショウオも富山県、岐阜県のごく限られた地域にのみ生息し、分布域が極めて狭いという点にかわりはありません。いずれも、現在の生息地に変化があれば、絶滅の危機に陥る可能性が高いと考えられます。



●ハクバサンショウオ



●ヤマサンシヨウウオ

## 遺伝的な調査

2種のサンシヨウウオは外見がよく似ており、同じ種ではないかという意見があります。この調査では、長野県産のハクバサンシヨウウオ、富山県、岐阜県産のヤマサンシヨウウオを用いて、それぞれの遺伝的関係をアロザイム分析という方法により調査し、遺伝的にどの程度に近縁か、調査しました。

まず、比較のために調査したトウホクサンシヨウウオ、ついで、カシミサンシヨウウオがハクバサンシヨウウオらと遠縁に当たることがわかります。比較するとハクバサンシヨウウオとヤマサンシヨウウオはずっと遺伝的に近いようです。しかも、岐阜県産のヤマサンシヨウウオよりも、富山県産ヤマサンシヨウウオとハクバサンシヨウウオが遺伝的には近縁であるということもわかりました。

今回の結果は、ハクバサンシヨウウオとヤマサンシヨウウオが、遺伝子の面から大変近縁で、同種である可能性を示すものとなっています。

●分布図



## その他の種の遺伝的多様性調査結果(両生類)

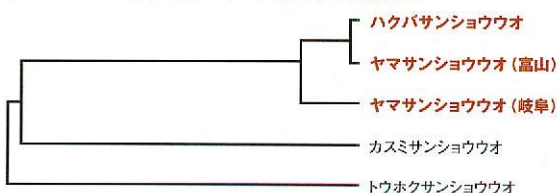
オオダイガハラサンシヨウウオでは、本州グループと四国・九州グループとの遺伝的な差は極めて大きく、別種として考えるのに十分でした。四国と九州との差も、種内変異としては非常に大きいものでした。オオダイガハラサンシヨウウオは部分的な地域保護しか受けておらず、四国地域の個体群は産地や個体数が多いという理由で、レッドデータブックには掲載されていません。この調査では、現在オオダイガハラサンシヨウウオとされている種が、別の種を含んでいる可能性が示されました。今後さらに調査するとともに、分布域全体にわたる早急な保護体制の検討が必要です。

現在カシミサンシヨウウオおよびトウキョウサンシヨウウオとされている小型サンシヨウウオ類は、遺伝的に各地で分化しており、岐阜および三重産サンシヨウウオが、長崎産カシミサンシヨウウオと別種である可能性が示されました。愛知県産トウキョウサンシヨウウオは、横須賀産とは明らかに別種であり、岐阜および三重産サンシヨウウオと極めて近縁でした。

ヒダサンシヨウウオには、本州東部とそれ以外の2グループが認められ、本州中部以西の地域内でもかなりの違いがありました。現在、ヒダサンシヨウウオとされている種が、分類学的に細分される可能性が強く示されました。

静岡産の新種と思われるサンシヨウウオは、比較に用いたトウキョウサンシヨウウオ、ヒダサンシヨウウオ、ブチサンシヨウウオのいずれとも遺伝的に大きく異なることがわかりました。遺伝子の面からは、独立種であることが示唆されました。早急に分類上の検討を含め、保全を要する種かどうかの検討を行う必要があると思われます。

●ハクバサンシヨウウオとヤマサンシヨウウオの系統関係



## モツゴ3種の遺伝子からみた関係

# モツゴの仲間

ウシモツゴは絶滅のおそれが高いとされていますが、  
正式な学名を持たない「未記載種(コラム参照)」です。  
この調査からは、遺伝的にかなり独立性が高いことがわかりました。  
この結果は学名をつける上でも、有用な情報となり得ます。  
学名をつけることは種の保全上大切なことなので、  
遺伝子レベルの調査と学名をつけるための調査を連携して行うことは、  
今後必要性が高まるでしょう。

尾市では天然記念物に指定されており、日本動物園水族館協会の日本産希少淡水魚繁殖検討委員会では種保存事業を行っています。

## モツゴ類の分布と学名

モツゴ類はコイの仲間で、日本には2種が分布しています。1種は東アジア地域に広くみられるモツゴであり、関東から西日本にかけて自然分布します。もう1種は日本固有種の *Pseudorasbora pumila* で、本州北東部に分布する亜種シナイモツゴと濃尾平野に分布する亜種ウシモツゴの2亜種からなります。これらの間には遺伝的に違いがあることが知られていますが、いまだ不明な点もあります。なお、ウシモツゴは正式な学名がつけられていません(未記載亜種)。将来保全施策を講じる場合、学名がないことにより適切な保全施策をとれない可能性があります(右ページコラム参照)。正式な学名をつけるためにも、遺伝子レベルの情報は有用であると考えられます。

## 遺伝的な調査

モツゴは茨城県、長野県、愛知県、滋賀県、福岡県、沖縄県とシベリア東部(アムール河)と中国中部(長江)の計8地点、シナイモツゴは宮城県、長野県、またウシモツゴは愛知県、三重県のサンプルの調査をしました。ミトコンドリアDNAの16S rRNA 遺伝子の塩基配列を調べた結果、塩基配列パターンのタイプ(=ハプロタイプ)が計16検出されました。

ウシモツゴとシナイモツゴは、異なる場所に分布し、

**モ**ツゴは全長約8cm、イシモロコ、クチボソともいわれます。新潟県、本州(関東地方以南)、四国、九州に分布しますが、近年は北海道の一部や東北地方まで持ち込まれ繁殖しています。

シナイモツゴは全長約8cmで北海道、東北地方に分布します。近縁種のモツゴと異なり、側線が不完全です。各地でモツゴが移入され、その影響で生息地域が減少している可能性が大きいと思われます。環境省(旧環境庁)版レッドデータブックでは絶滅危惧IB類、水産庁は危急種に位置づけています。

ウシモツゴは全長約7cmで濃尾平野に分布します。ここ30~40年間に激滅しています。側線は不完全で体前方のうろこ数枚にしかないことでモツゴと区別できます。レッドデータブックでは絶滅危惧IA類、水産庁は絶滅危惧種に位置づけています。さらに、愛知県豊田市、西



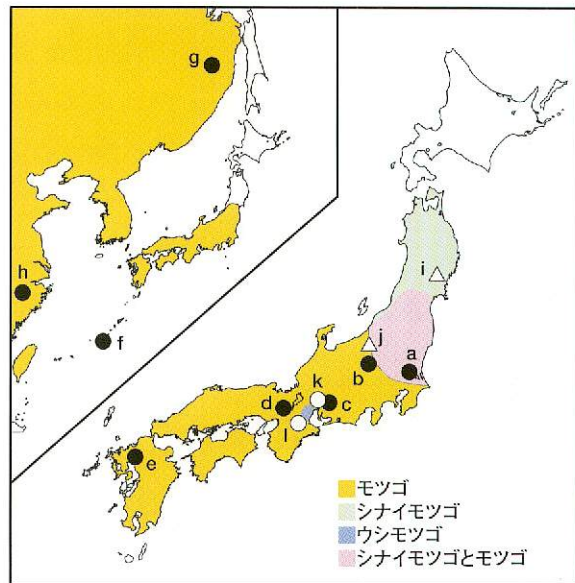
種々の形態的・遺伝的違い(体色パターン、脊椎骨数、アインザウムパターン)を有するとされてきましたが、今回の16S rRNA 遺伝子の塩基配列の分析結果でも、平均4.1%のはっきりとした違いが認められました。この違いの程度は、この両者とモツゴとの間に観察された5.9%という値よりはやや小さいものです。また、分子系統分析から従来亜種とされてきたウシモツゴとシナイモツゴが、互いにもっとも近縁であることがうかがえました。ただし、5.9%という値に比べて4.1%というのはそれほど小さなものではなく、これまでに報告されている形態を含む種々の形質の違いを考えると、両者(ウシモツゴとシナイモツゴ)を別種とみなすのが妥当かもしれません。

## 遺伝的調査が示すモツゴの起源

今回の調査結果から、モツゴは、2つの大きなグループに分かれました。一方は大陸集団(中国、シベリア)、沖縄、長野の3集団から、もう一方は日本の残りの4集団から構成されており、沖縄県と長野県のモツゴは他の日本の集団よりも大陸のモツゴと近縁であることがわかりました。このことから、日本が大陸から分離する前に、すでにモツゴのなかに2つ(以上)の大きく分化した系列が存在したか、日本と大陸のモツゴ集団が少なくとも2回の異なる時期に交流したという2つの可能性が考えられます。

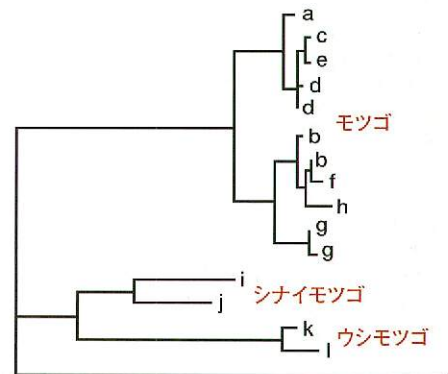
もうひとつ別の可能性は、人為的な持ち込みによる分布域の攪乱です。例えばタイリクバラタナゴは、1940年代にハクレン、コクレンあるいはソウギョ、アオウオなどの食用目的に中国から持ち込まれた魚に混じって移植され、

今日までに日本に広く分布するようになってきました。したがって、中国でも広く分布するモツゴが同様に日本に移植され、分布を広げた可能性も考えられます。沖縄のモツゴも、沖縄にはごく少数の淡水魚が分布するだけなので、それらが人為的に持ち込まれた可能性が十分に高いと考えられます。



●モツゴ属3分類群の地理的分布と採集場所

- : モツゴ(a~h)
- △ : シナイモツゴ(i~j)
- : ウシモツゴ(k~l)



●モツゴ類3分類群の分子系統樹

## 《コラム》未記載種

「新種発見」のニュースが新聞紙面ににぎわすことがありますが、多くの場合は初めてみつかったのはニュースになるずっと前です。なぜなら学名がつけられてから初めて発表されるのが通例だからです。分類学上では、学名がつけられて初めて「新種」となります。その前は「未記載種」とされ、正式な種として認められません。実は、普通に種や亜種と扱われているなかにも、分類学上の正式な「種」や「亜種」と認められていないものも少なからずあります。ウシモツゴに関しては、シナイモツゴとは種ほどの違いはないとして、通常は亜種として扱われています。しかし、和名はあるものの、学名がつけられていませんので、分類学上の「亜種」とはいえません。

レッドデータブックは「種または亜種を対象とする」となっています。(ただし、保護対策検討の基礎資料という性格上、便宜的に未記載種を登載した例もあります)。「絶滅のおそれのある野生動植物の種の保存に関する法律」では、対象となる種は学名を必要とするため、結果的に未記載種を対象とすることはできません。

## その他の種の遺伝的多様性調査結果(淡水魚類)

フナ属魚類(ゲンゴロウブナ、ギンブナ、ニゴロブナ、ナガブナ、キンブナ)をフローサイトメリー法により分析した結果、DNA量の少ない個体(=2倍体)と多い個体(=3倍体)の2タイプが認められました。2倍体フナ属魚類から3倍体ギンブナが複数回発生している可能性が考えられます。

スナヤツメ北方型とスナヤツメ南方型は外見からは区別ができませんが、今回の結果から、スナヤツメ2種が、遺伝子のレベルでも交流がなく、別々に進化してきたらしいことがわかりました。ヤツメウナギのなかでは、カラヤツメ、シベリアヤツメおよびスナヤツメ北方型の3者が近縁な関係にあり、それらに比べてスナヤツメ南方型は遺伝的に大きく分化していると思われます。

**ゲンジボタル**は本州・四国・九州に分布し、体長10～18mm(オス)で日本産ホタル類のなかで最大級です。近年、農薬の使用や水辺の環境の変化によって、急激にその数が減少していますが、一方で放流や保護などの活動も全国的に活発です。

## 発光周期：2秒型と4秒型

ゲンジボタルの生態や光を用いた配偶行動などはよく研究されていて、中部山岳地帯を境として2つの型があることが知られています。中部山岳地帯の西側では、雄が



●ゲンジボタル

# 蛍の光の「方言」と遺伝子の違い ゲンジボタル

ゲンジボタルの発光の周期が地方により2通りあることは「ホタルの方言」として有名ですが、知られるようになったのは最近です。実際に遺伝子レベルで確かめたところ、ホタルはさらに地方ごとに違いがあることがわかりました。ホタルは各地で移植・放流が行われることが盛んな種ですが、地元産でないホタルの移植は、**遺伝的多様性の保全上からは行うべきでないことがこの調査で裏付けられました。**

雌を探するときの発光の周期が2秒で、雌は集団で産卵します。これに対して東側では、雄の発光の周期は4秒で、雌は単独で産卵します。西側のゲンジボタルを東側に移植しても、その集団が本来の習性を維持しているところを見ると、この2つの型にはすでに遺伝的な分化が生じていると思われます。また、幼虫は水生で各水系間の移動は制限されているので、各地域間における遺伝的な分化も進んでいる可能性があります。そこで、この2つの型や各地域のゲンジボタルの遺伝的な変異と多様性を調査して、ゲンジボタル集団間の遺伝的な違いを明らかにし、人為的な移入による遺伝的な攪乱の影響についても調べることにしました。

## ホタルの6つの地理的集団

今回の調査では、予備的にいろいろな解析方法を試みました。その結果、ミトコンドリアDNAのチトクロームオキシターゼII(COII)という遺伝子の領域をRFLP法(コラム参照)により解析する方法が、集団間の遺伝的多

を調査するのに適していることがわかりました。そこで、全国各地のゲンジボタルのCOII領域をRFLP法で調査しました。その結果、全体で19種類の切断パターンのタイプ(=ハプロタイプA～S)が確認され、大きく6つのハプロタイプグループに分けられました。

ハプロタイプは日本全国に一樣に分布しているのではなく、それぞれ地域毎に局在しています。このことから、自然状態での移動はかなり制限されていることがわかります。

また、塩基配列の比較からハプロタイプ間の関係をみると、九州と本州の間で遺伝的に大きな違いがあり、つぎに本州のなかで東日本と西日本、さらに東日本のなかでは東北と関東のグループ、西日本のなかでは中部と西日本グループ、九州のなかでは北九州と南九州グループに分けられるという関係があることがわかりました。

つぎに、このグループ関係と地理的位置関係の対応から、海峡やフォッサ・マグナ、中央構造線のような地理的・地質的な構造に対応して、これらのハプロタイプグループが明確に区別され、自然状態での移動はかなり制限され

ていることがわかりました。これは幼虫が水生であるために水系ごとに移動が制限されているためだと思われます。

また、発光間隔からみた2秒型と4秒型の違いは、ハプロタイプグループ間の関係から東北と関東グループの祖先型において2秒型から4秒型が派生してきたものと考えられます。

## 人為的な移入による遺伝的な攪乱

最近の研究から、2秒型ゲンジボタル(西日本)と4秒型ゲンジボタル(東日本)の分布の境界線上に3秒間隔で明滅するホタルがみつき、2秒型と4秒型の雑種の可能性が考えられています。これは人為的な持ち込みの結果とは考えられませんが、ホタルの遠距離の移動は、このような雑種をつくる可能性がある、ということを示しています。

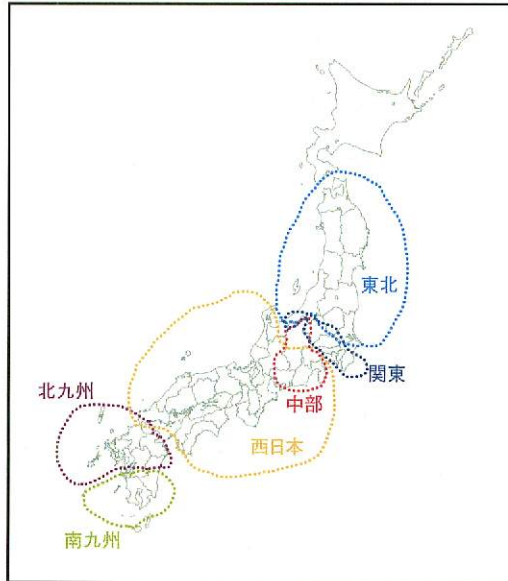
東京都のホタルについて、ミトコンドリアDNAのハプロタ

イブの分布を、全国レベルと比較すると、東京都には本来中部や西日本でみられるハプロタイプがかなりみられることがわかりました。これは人為的に持ち込まれたホタルが定着したことを意味すると考えられます。今後、自然環境の保全・復元においてホタルを移植する場合には、このような遺伝的な背景を考慮していく必要があるのではないのでしょうか。

## その他の種の遺伝的多様性調査結果(昆虫類)

ニホントガリシダハバチは、現在自然環境下で種分化が進行中の貴重な例で、イノデのみを寄主とするイノデ生態種とジウモンジシダのみを寄主とするジウモンジシダ生態種を認識できます。アロザイムによる解析やミトコンドリアDNAのCOII遺伝子領域の塩基配列の比較では、2つの生態種に特徴的な違いはありませんでした。外部形態や染色体にも違いはみられないことが知られています。他の証拠から、ジウモンジシダ生態種からイノデ生態種が進化した、と推定されていますが、その進化の時期が極めて最近で、検出できるような遺伝的な変異が蓄積されるほど時間がたっていないのではないかと考えられます。

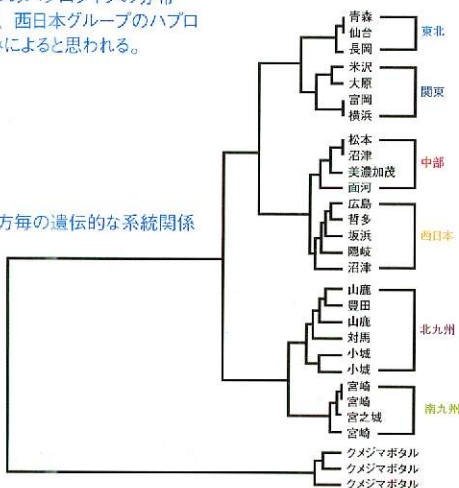
集団	ハプロタイプ(頻度%)		
	関東グループ	中部グループ	西日本グループ
奥多摩町寸庭		10%	90%
檜原村神戸	72%	14%	14%
檜原村千足		10%	90%
青梅市成木	75%		25%
あきる野市入野	100%		
あきる野市横沢	50%		50%
あきる野市菅生	57%		43%
八王子市高月	100%		
八王子市元八王子			100%
八王子市丹木		100%	
八王子市鎌木	10%		90%
八王子市下橋木	100%		
八王子市南大沢			100%
日野市宮草	50%		50%
町田市小野路	100%		
稲城市坂浜	100%		
小平市玉川上水	100%		
小平市小川			100%
調布市小島		56%	44%
杉並区久我山			100%
杉並区久我山	67%		33%



●ハプロタイプグループの地理的な関係

●東京都のゲンジボタルのハプロタイプの分布  
少なくとも中部グループ、西日本グループのハプロタイプは人為的な持ち込みによると思われる。

●地方毎の遺伝的な系統関係



## 《コラム》 遺伝的多様性の調べ方(1): RFLP法

この方法のRFLPとは、Restriction Fragment Length Polymorphismの略で、制限酵素断片長多型と訳します。

DNAのA、C、G、Tという4種類の塩基は、DNA中に一列に並んでいます。制限酵素とは、DNAを特定の塩基の配列で切断する酵素で、例えばEcoRIという酵素はGAATTCという塩基配列の場所だけを切断します。切断される塩基配列は酵素によっていろいろで、MspIという別の酵素はCCGGという配列を切断します。

RFLP法では、調べたいDNAの特定の配列を制限酵素ですべて切断し、切断断片の長さのパターンを調べます。この切断断片の長さは同じDNA、同じ制限酵素であれば常に同じです。違うDNAであれば、断片の長さが違ってきます。つまり、DNAの違いを切断断片の長さのパターンで比較できることになります。RFLP法の原理は、いわゆる「DNA鑑定」などでも用いられることがあり、個人の特定や親子鑑定などにも応用できる方法です。



●バイカイカリソウ



●トキワイカリソウ

## 見た目からはわからない植物の雑種

# バイカイカリソウと トキワイカリソウ

植物は動物に比べると雑種をつくることが多いようです

身近なところで、タンポポにはかなりの割合で雑種が含まれているといわれています。

この調査では、イカリソウにおいて、「外見からはほとんどわからないが、遺伝子からみると雑種」という個体がかかり含まれることがわかりました。

**バ**イカイカリソウは本州の中国地方、四国、九州に分布します。高さ20cm。花の形が梅の花に似ていることから名前がつけられています。花期は4～5月。

トキワイカリソウは本州の中部以西に分布し、高さ30～60cmになります。主に本州の日本海側に多く、多雪地の林内に生える多年草です。「トキワ」とは常緑を意味し、葉は冬でも枯れません。また、花の形が船の碇(いかり)に似ていることからこの名がついています。花期は4～5月。

### 交雑と遺伝子の交流

バイカイカリソウとトキワイカリソウはメギ科の多年草です。これら2種は、花や葉などの複数の形質において違いがみられ、明らかに異なる種として認識できます。少なくとも形態的には非常に異なっているので、遺伝的にも分化しているものと予想されます。しかし、両者の分布域が重なる本州中国地方では、広範囲にわたってさまざま

な形態のイカリソウが見られ、交雑して雑種をつくっていると推定されています。

バイカイカリソウとトキワイカリソウは、中国地方の非常に広い範囲で交雑を起し、交雑によりつくられた雑種が帯状に分布(=交雑帯)していると考えられています。交雑している集団では、両方の種の遺伝的変異を取り込んでいるために、遺伝的変異性が高く、交雑の影響を受けていない集団では、遺伝的変異は低いレベルに維持されていると思われます。

### 雑種指数

今回の調査では、まず、個体ごとの花や葉の形態的な形質をもとに雑種化の程度を数値化しました(雑種指数)。雑種指数により、調査した集団がバイカイカリソウ(雑種指数1)からトキワイカリソウ(雑種指数5)にいたる連続変異の、どのあたりに位置するかを求めました。つぎに、個体からDNAを抽出して、RAPD法(右ページ

コラム参照)により得られたバンドパターンの有無を数値化し、先の雑種指数のデータと対応させました。その結果、交雑帯の中心では遺伝的変異の程度が大きく、そこから離れば、遺伝的変異が小さくなっていることがわかりました。形態的な形質から求めた雑種指数と遺伝的データとの関係から、全体としては、雑種指数が中間的な集団(雑種指数=2~4)では遺伝的多様性が大きいことがわかりました。しかし、形態的には一方の種の典型的な集団であるにもかかわらず、遺伝的変異が大きい集団もみられました。その集団は、交雑帯の中心からあまり離れていない集団でした。

## 交雑による遺伝的変異の増大

今回の調査により、交雑帯の中心に近いほど、交雑によって遺伝的変異が大きいことがわかりました。交雑現象の進化的な意義として、異なる遺伝的組成の2種から、新しい遺伝的組成の個体が生じることが実際に起こりうる可能性を示しています。

形態的にはバイカイカリソウもしくはトキワイカリソウの典型的な形を示している集団でも、遺伝的変異が大きい集団がみられました。これらの集団は交雑帯の中心の近く

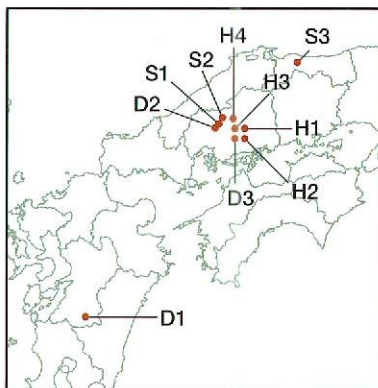
に位置しており、これらの集団で遺伝的変異が大きいのは、交雑による影響を受けているためと考えられます。つまり、遺伝子レベルからみると雑種化していると思われませんが、形態レベルでは、雑種化していることがわかりにくくなっています。

## その他の種の遺伝的多様性調査結果(植物)

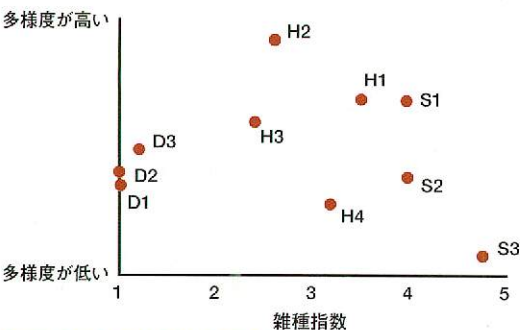
ナンピノデは分布域が極めて限られているにもかかわらず、2倍体のシダ植物としては遺伝的多様性が小さいということはありませんでした。その理由として、①ナンピノデの分布域はつい最近まで非常に大きかったが、急激に狭くなったため、遺伝的浮動による遺伝的多様性の減少を現時点では生じていない、②ナンピノデの分布域は狭いものの、繁殖に参加している個体数が十分に多いため、遺伝的浮動による遺伝的多様性の減少が起きにくくなっている、の2通りの可能性が考えられます。

### 《コラム》 遺伝的多様性の調べ方(2): RAPD法

集団ごとの遺伝的違いを比較するためには、遺伝的に近い個体同士の違いを見分けることが可能な方法を用いることが重要です。そこで今回の調査では、RAPD法を用いました。RAPDとはRandom Amplified Polymorphic DNAの略です。DNA全体の変異を調べることができ、原理的には、個体間のわずかな違いも検出できるなど、遺伝的多様性調査の目的に適した調査手法のひとつです。



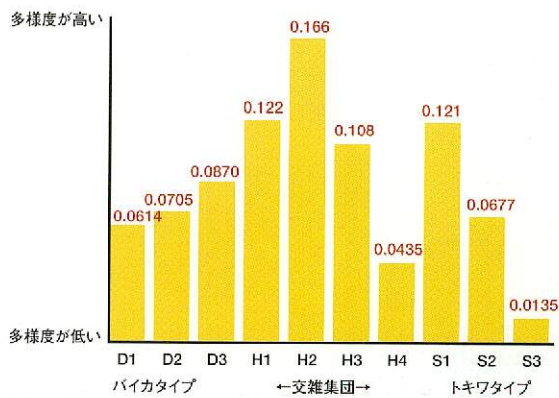
●調査した集団(D: バイカタイプ集団、S: トキワタイプ集団、H: 交雑集団)



●雑種指数と遺伝的多様性の関係

測定形質	雑種指数				
	1	2	3	4	5
花色	白	微帯紅	淡紅紫	紅紫	濃紅紫
距の長さ(mm)	0	1~6	7~12	13~18	19以上
内萼片の長さ(mm)	4~7	8~10	11~13	14~16	17~20
鋸歯数	0~4	5~14	15~29	30~49	50以上
小歯の先端	円頭	鈍頭	鋭頭	鋭尖頭	尾状鋭尖頭
茎葉の分岐	1回2出	2回2出	2出後3出	1回3出	2回3出

●雑種指数の求め方



●各集団の遺伝的多様性

# 遺伝的多様性を守るために

## 日本の生物多様性保全の取り組み

生物多様性保全の重要性が知られるようになったのは、比較的最近のことです。「生物の多様性に関する条約」が採択されたのは平成4(1992)年のことでした。日本は、平成5(1993)年5月にこの条約の18番目の締約国となりました。

生物多様性条約締約国には生物多様性の保全に対する具体的な国家戦略が求められています。日本は平成7(1995)年10月に「生物多様性国家戦略」を策定し、生物多様性の保全とその持続可能な利用を目指していくこととなりました。

日本の生物多様性を知り、その保全をすすめていくためには、日本に生息する全ての種の分布を把握する「全種調査」(種の多様性調査)が必要不可欠です。しかし、種を定義することは、非常に難しい問題です。同種と考えられていても、遺伝子からみると多くの違いがあるため、生物多様性国家戦略のなかでも遺伝的多様性調査の重要性が指摘されています。5年にわたる「生物多様性調査 遺伝的多様性調査」のなかでは、冒頭の調査種リストに示した約40種について、遺伝子レベルの調査を実施しました。

## まだわかっていないこと

本調査の結果から、遺伝的多様性に関するさまざまな情報を得ることができました。保全対策を考える上でもこれらの結果を利用すれば、より有効な対策を考えることが期待できます。

しかし、本調査で遺伝子レベルの調査が行われたのは種にして約40種という、全体を考えると極めてわずかな数です。本調査以外の研究を含めても、日本産の生物約42000種のうち99%についてはまだ遺伝子レベルの調査が手つかずです。レッドデータブックに掲載された種だけでも2400種ですから、実際に保全に役立てるためと考えると、現在の調査では量的に不十分です。現時点では、残念ながら、日本の野生生物に関し、遺伝的な調査が行われた例はあまりにも少なく、生物全体を考えれば、遺伝的多様性については、ほとんど何もわかっていないという状況です。

## 遺伝的多様性調査の今後

遺伝的多様性の保全は国際的にもその必要性が認識され、今後とも調査をすすめていかななくてはならない課題です。では、具体的にどのような調査を行うべきでしょうか。

本調査の結果は、それぞれ簡単に説明しましたが、哺乳類や爬虫類といった別々の分類群で、琉球列島の生物が島ごとに極めて分化していることが確認できました。この傾向は、その他の生物でも同様ではないかと想像され、これは遺伝的多様性の保全上大変重要な点です。今後、島嶼個体群の保全には遺伝的多様性の調査が必須となるかもしれません。

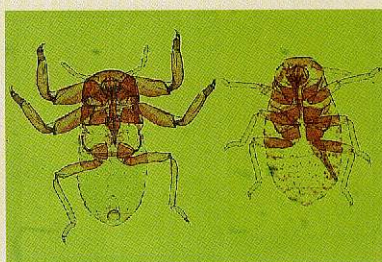
今回、絶滅危惧種も多く調査の対象となりましたが、その多くは、いまだに遺伝的な調査が不十分でした。そういう意味では、絶滅危惧種の保全のための情報を補強できたものといえます。今後この調査の結果を、保護増殖事業などの具体的な保全施策の実施、レッドデータブックの見直しなどに有効に活用できれば、と考えています。

分布が広く、比較的普通に見られる種(普通種)は、絶滅のおそれが少ないとするのが一般的な考えでした。普通種であるヒミズ類(モグラの仲間)を調査してみると、種内の多様性は高く、確かに一見種全体としては絶滅のおそれは少ないように思えます。しかし、ヒミズは地域集団ごとに遺伝的に独自性が高いこともわかり、遺伝的多様性の保全のためには、地方・地域別に保全を考える必要があります。このことは、遺伝的多様性を調べることにより、普通種とされている生物であっても、保全の必要性が高まる場合があることを示しています。絶滅危惧種のような緊急性の高い種の調査はもちろん重要ですが、我々が普通種と思っている種であっても、遺伝的多様性の調査や保全は軽視できない重要な問題です。

### 《コラム》

#### 遺伝子は同じでも…「兵隊」アブラムシ

外見で区別が付かなくとも遺伝子レベルでは全く異なる生物は遺伝的多様性調査の対象として重要ですが、その一方で、同じ遺伝子を持っていても、まったく違った外見を持った生物もまた存在します。クサボタンアブラムシというアブラムシは、繁殖する通常型の幼虫のほかに「兵隊」と呼ばれる外敵からの防衛を役割とする特殊な幼虫が現れます。写真のように「兵隊」アブラムシは戦闘用に特殊化したからだつきをしています。しかし、驚くべきことにこの写真の2タイプのアブラムシはクローン、つまり遺伝的には違いがないと考えられています。



兵隊型

通常型

## 《コラム》 生物多様性国家戦略とは

政府(地球環境保全関係閣僚会議)は、平成7(1995)年10月に「生物多様性国家戦略」を決定しました。私たちの子孫の代になっても、生物多様性の恵みを受けることができるように、基本方針と今後どのように国が施策を行うか(施策の方向)を体系的にとりまとめたものです。また、国家戦略を着実に実行するために、5年を目標に戦略の見直しを行うこととしています。

詳しくは環境省生物多様性センター

HP (<http://www.biodic.go.jp/nbsap.html>) をご覧ください。

遺伝的多様性の調査は始まったばかりで、やるべきことがたくさんあります。本来、生物の遺伝的多様性をすべて明らかにするには、ヒトゲノム計画と同じように(あるいはそれ以上に)、全ての野生生物で、全ての遺伝子配列を明らかにすることが必要なかもしれません。しかし、生物多様性の喪失の速度、種の絶滅の速度を考えると、それは不可能です。ほとんどの種では遺伝的レベルの調査が行われないまま、遺伝的多様性が失われていってしまうことが考えられます。当面の目標として、種と調査内容に優先度をつけて調査することが必要です。具体的には、

- ①絶滅のおそれのある種における保全のための調査
- ②日本にしかない種(固有種)における遺伝的な特徴の調査
- ③別の地域に持ち込まれることのある種(移入種)が具体的にその地域の種に与える遺伝的影響の調査

などは、今実施しなければ、手遅れになるおそれが強く、優先度は高いと思われます。また、それとともに、緊急に現状を把握しなければならぬ種の数に見合った調査体制を確立することが遺伝的多様性の保全上必要です。これらの調査をすすめるためには、遺伝子レベルの標本を保存する博物館などの施設や研究体制の充実なども連動させていくことが大事です。

また、様々な生物多様性保全の試みと連携していくことも重要です。例えば、動物園などで種の保存のための計画(ズーストック計画など)が行われていますが、産地や親子関係の確認、交配の適否などの判定のため、遺伝的多様性の成果を活用するなどの取り組みが考えられます。

遺伝子レベルの多様性をより詳しく知ることにより、日本の生物相の成り立ちを明らかにするとともに、地域個体群の保全など生物多様性保全のため必要な対策の進展にも役立つと考えられます。

## 遺伝的多様性を守るために

遺伝的多様性の減少は、地域集団の多様性の低下、種の絶滅、さらに高次の生態系の縮小や崩壊を引き起こす可能性があり、生物多様性のすべてのレベルに影響が及びます。

遺伝的多様性の保全を行うためには、生物の遺伝子レベルの情報を理解すると同時に、遺伝的多様性を支えている地域集団ごとの保全の努力をすることが大切です。具体的には下の3つのことが特に重要です。

### ① 違う地域の生物を絶対に持ち込まない

メダカがレッドリストに掲載されたとき、「飼っているメダカを近所の川に放したい」といった申し出がありました。遺伝子多様性の保全という見方からすると、飼っているメダカを川に放す行為は、しないほうがよいことです。ある場所で育った生物は、その場所独特の遺伝的多様性を保持していると考えべきです。メダカであれば、仮に同じ県内であっても別の川、別の支流で育ったメダカを混ぜるべきではありません。放流されたメダカが、もともといたメダカを圧迫し、結果的に遺伝的多様性が低下する恐れがあるからです。飼っているメダカは普通、どこの川のメダカかわからないので、自分で最後まで飼うほうがむしろよいのです。

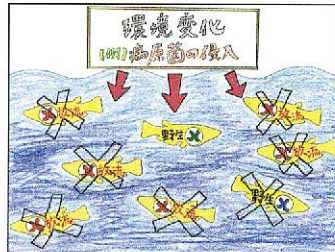
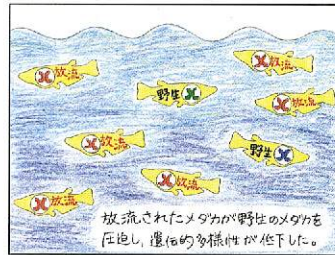
### ② 同じ地域の種でも、同じ親からの子孫ばかりを持ち込まない

自分の飼っているメダカが、川から捕ってきたものであれば、同じ川に放してもよいと思うかもしれませんが、しかし、その場合、飼っていたメダカは少数の親メダカから増やしたものであることを考える必要があります。それらのメダカは野外のメダカに比べ、遺伝的多様性が低いことが普通です。遺伝的多様性の低い集団を大量に放せば、野外のメダカも同じように遺伝的な多様性が低下することが考えられます。そのメダカが、野外では生きられないような遺伝子構成であれば、むしろ、地域集団の絶滅を促すことになることにもなり得ます。

③ 本来いる場所での保全を行う

個人や動物園などでの飼育では、②で述べたようなことから、遺伝的多様性を保全することには限界があります。一方で種が減少しているとき、減少の原因を取り除かないまま、放流などの保全事業をしても、その場所にその種が戻ってくることを期待するのは難しいと思われます。遺伝的多様性の保全のためには、自生地での保全が大変重要です。当たり前のように、そこで集団を減少させた要因を極力取り除き、その場でその集団が生存できる環境を整えることが、まず大事なのです。

メダカも放しすぎだめ



環境省生物多様性センターは、環境省自然環境局のひとつの機関として平成10年(1998年)に設立されました。

生物多様性センターでは、「調査」「情報」「標本資料」「普及啓発」の4つの柱のもとに総合的に業務を行っています。

## 《調査》

### 自然環境保全基礎調査(緑の国勢調査)の実施

わが国の自然環境の現況とその変化を把握するため、植生、動植物の分布、河川・湖沼などの陸水、干潟・サンゴ礁などの海域にいたる全国レベルでの基礎的な調査を企画・実施しています。

## 《情報》

### 生物多様性情報の収集・管理・提供

生物多様性情報システム(J-IBIS)を運用し、自然環境保全基礎調査の成果など収集した自然環境・生物多様性に関する情報のデータベース化を図り、インターネットなどによって広く情報提供しています。

(<http://www.biodic.go.jp/J-IBIS.html>)

## 《標本・資料》

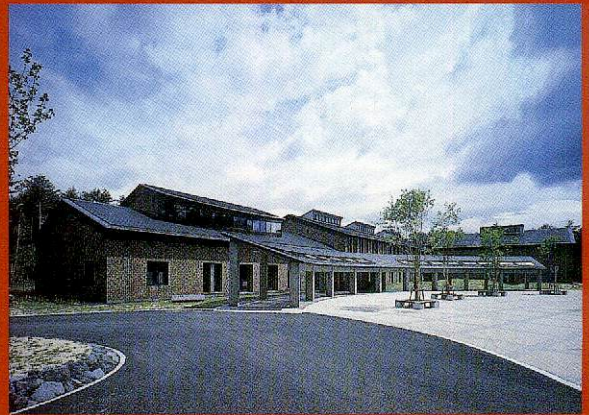
### 文献等資料および動植物標本の収集・保管

生物多様性に関する各種文献等を収集し、保管しています。また、トキなど希少野生動植物をはじめとする重要な動植物標本を保存しています。

## 《普及啓発》

### 生物多様性の保全に関する普及啓発

収集・保管した各種資料を公開しています。また、展示室やホームページで日本の自然環境・生物多様性の現状や、その保全に向けての取り組みなどを紹介しています。



本書は次の方々の協力により作成いたしました。

《監修》

松井正文(京都大学大学院人間・環境学研究所)

《企画・執筆協力》生物多様性調査 遺伝的多様性調査検討会

太田英利(爬虫類担当:琉球大学熱帯生物圏研究センター)

小池裕子(鳥類担当:九州大学大学院比較社会文化研究院)

鈴木和雄(植物担当:山口県立大学生活科学部生活環境学科)

鈴木 仁(哺乳類担当:北海道大学大学院地球環境科学研究科)

内藤親彦(昆虫類担当:神戸大学農学部)

西田 睦(魚類担当:東京大学海洋研究所)

増田隆一(哺乳類担当:北海道大学先端科学技術共同研究センター)

松井正文(両生類担当)

《資料提供》

大場信義・佐藤安志・鈴木浩文・土屋公幸・戸田 守・馬場芳之・本多正尚・牧 雅之・松田洋一・湊 和雄・山崎裕治・山城彩子・山本軍次・渡辺勝敏

《写真協力》

太田英利・黒須詩子・黒瀬奈緒子・鈴木和雄・中島朋成・土屋公幸・馬場芳之・増田隆一・松井正文・松田洋一・山城彩子・(株)エムピージェー・ネイチャープロダクション

《図版・イラスト》山本麻里

《デザイン》小島トシノブ(ノン・デザイン)

《制作》環境省自然環境局生物多様性センター・(財)自然環境研究センター

## 遺伝的多様性とは

平成13(2001)年6月 第1刷発行

《発行》



生物多様性センター  
Biodiversity Center of Japan

環境省自然環境局生物多様性センター

〒403-0005 山梨県富士吉田市上吉田剣丸尾 5597-1

TEL0555-72-6033 FAX0555-72-6035

Web ページ <http://www.biodic.go.jp/>



古紙100%再生紙 このパンフレットは再生紙(古紙含有率100%)を使用しています