

研究成果報告書

(国立情報学研究所の民間助成研究成果概要データベース・登録原稿)

研究テーマ (和文) AB		瀬戸内海島嶼のアカネズミ集団をモデルとした遺伝的多様性の創出・維持機構の解明			
研究テーマ (欧文) AZ		Genetic diversity of the small-island populations of the large Japanese field mice in the Seto-Inland Sea			
研究氏 代表 者	カタカナ CC	姓) サトウ	名) ジュン	研究期間 B	2012 ~ 2014 年
	漢字 CB	佐藤	淳	報告年度 YR	2014 年
	ローマ字 CZ	Sato	Jun	研究機関名	福山大学
研究代表者 CD 所属機関・職名		福山大学 生命工学部 生物工学科・准教授			
概要 EA (600 字~800 字程度にまとめてください。)					
<p>アカネズミの捕獲を目的として、瀬戸内海島嶼においてシャーメントラップを用いた採集調査を行った。研究期間内に、向島 28 個体、因島 16 個体、生口島 23 個体、大三島 20 個体、伯方島 17 個体、大島 24 個体、大崎上島 5 個体、上蒲刈島 5 個体、下蒲刈島 3 個体の計 141 個体の試料を収集することが出来た。ミトコンドリア DNA の Dloop 領域約 300bp の塩基配列を決定し、それぞれの島嶼集団における遺伝的多様性と本州集団（福山大学）と四国集団（今治）との比較解析を行った。その結果、島嶼集団の遺伝的多様性は本州や四国の集団と比較して低いこと、そして、それぞれの島で観察されたハプロタイプは別の島には存在しない固有のものであることが明らかとなった。このことは、瀬戸内海島嶼の隔離は遺伝的多様性の低下を引き起こしたことを意味し、過去に島嶼集団の個体数が減少したことを示唆する。また、島嶼集団間では遺伝的分化が生じており、それぞれの島で独自の進化が起きつつあることが明らかとなった。島嶼集団の Dloop の多様性の低下とは対照的に、味覚受容体遺伝子は島固有の多様性を示した。旨味受容体遺伝子 <i>Tas1r1</i> 約 400bp の塩基配列を決定し、島嶼集団と本州集団（福山大学）との間で遺伝的多様性の比較解析を行った。その結果、Dloop の結果とは対照的に本州集団よりも多型的な集団（向島）や、本州と同等の多型性が維持されている集団（因島、伯方島、大島）、Dloop と同様に遺伝的多様性が低下している集団（生口島、大三島）といった島固有の多様性が明らかとなった。このことは、島固有の餌環境に合わせて、味覚受容体遺伝子に自然選択が働いたことを示唆する。本研究では、約 6,000 年という地質学的には短い時間の隔離でも、遺伝的多様性の低下を介して絶滅リスクが高まることが明らかとなった。また、そのような小集団化の圧力の中でも、各島では食に関する固有な自然選択が起きていることが示唆された。</p>					
キーワード FA	瀬戸内海島嶼	アカネズミ	ミトコンドリア DNA	味覚受容体遺伝子	

(以下は記入しないでください。)

助成財団コード TA					研究課題番号 AA								
研究機関番号 AC					シート番号								

発表文献（この研究を発表した雑誌・図書について記入してください。）									
雑誌	論文標題 <sup>GB</sup>	A few decades of habitat fragmentation has reduced population genetic diversity: A case study of landscape genetics of the large Japanese field mouse, <i>Apodemus speciosus</i> .							
	著者名 <sup>GA</sup>	Sato JJ, Kawakami T, Tasaka Y, Tamenishi M, Yamaguchi Y	雑誌名 <sup>GC</sup>	Mammal Study					
	ページ <sup>GF</sup>	1~10	発行年 <sup>GE</sup>	2	0	1	4	巻号 <sup>GD</sup>	39 巻 1号
雑誌	論文標題 <sup>GB</sup>								
	著者名 <sup>GA</sup>		雑誌名 <sup>GC</sup>						
	ページ <sup>GF</sup>	~	発行年 <sup>GE</sup>					巻号 <sup>GD</sup>	
雑誌	論文標題 <sup>GB</sup>								
	著者名 <sup>GA</sup>		雑誌名 <sup>GC</sup>						
	ページ <sup>GF</sup>	~	発行年 <sup>GE</sup>					巻号 <sup>GD</sup>	
図書	著者名 <sup>HA</sup>								
	書名 <sup>HC</sup>								
	出版者 <sup>HB</sup>		発行年 <sup>HD</sup>					総ページ <sup>HE</sup>	
図書	著者名 <sup>HA</sup>								
	書名 <sup>HC</sup>								
	出版者 <sup>HB</sup>		発行年 <sup>HD</sup>					総ページ <sup>HE</sup>	

欧文概要<sup>EZ</sup>

I collected the large Japanese field mice, *Apodemus speciosus*, from islands of the Seto-Inland Sea, determined the nucleotide sequences (ca. 300bp) of the mitochondrial Dloop region for in total 141 individuals (Mukaishima, 28 individuals; Innoshima, 16; Ikuchijima, 23; Ohmishima, 20; Hakatajima, 17; Ohshima, 24; Ohsakikamijima, 5; Kamikamagarijima, 5; Shimokamagarijima, 3), and compared the genetic diversity of the isolated island populations to Honshu and Shikoku (I call Hondo hereafter) populations which are not affected by the population isolation or fragmentation. The results indicates that the genetic diversity of the island population are markedly smaller than that of the Hondo populations, and each island population has specific Dloop haplotypes which are not observed in other islands. It suggests that 6,000 years of the isolation by island is enough for the genetic differentiation among island populations and the genetic homogenization within the island population (the latter would lead to higher extinction risk). The lower level of genetic diversity of the island population further implies the population size reduction within each island. In order to evaluate the natural selection for unique food resources in such a small island population, I also determined the partial nucleotide sequences (ca. 400bp) of the umami taste receptor gene, *Tas1r1*, for island and Hondo individuals. In contrast to the results of the Dloop region, the analysis of *Tas1r1* showed diverse trends of genetic diversity. For instance, the genetic diversity of the Mukaishima population is larger than the Hondo population. The Innoshima, Hakatajiam, and Ohshima populations have comparable amounts of genetic diversity to the Hondo population (Honshu). On the other hand, the Ikuchijima and Ohmishima populations have less variable genetic components. These results indicate that the evolution of *Tas1r1* is unique in each island, suggesting natural selection for food resources in each island. This study provides an interesting suggestion of the natural selection on the small isolated islands which are usually affected by the effect of genetic drift rather than natural selection.