

## 愛知県半島部に生息するサンショウウオ類の ミトコンドリアDNAに見られる遺伝的多様性

島田知彦<sup>1)</sup>・吉川 雅<sup>1)</sup>・長谷川道明<sup>2)</sup>・宮川喜伸<sup>3)</sup>・吉川雅己<sup>3)</sup>・高見一利<sup>3)</sup>

Mitochondrial DNA diversity in salamanders inhabiting the peninsula regions of Aichi Prefecture,  
central Japan

Tomohiko Shimada<sup>1)</sup>, Miyabi Yoshikawa<sup>1)</sup>, Michiaki Hasegawa<sup>2)</sup>, Yoshinaka Miyagawa<sup>3)</sup>,  
Masami Yoshikawa<sup>3)</sup> and Kazutoshi Takami<sup>3)</sup>

### (Abstract)

The salamander populations inhabiting the two peninsulas of Aichi Prefecture—Atsumi Peninsula and Chita Peninsula—are geographically restricted and isolated, raising concerns about reduced genetic diversity within populations and decreased gene flow between them. In this study, we analyzed the mitochondrial cytochrome *b* gene region, which has previously been examined in conspecific populations around Nagoya City, to assess the genetic diversity of salamanders on both peninsulas. Our results showed that the *Hynobius vandenburghi* populations on the Atsumi Peninsula are genetically close to those in Gifu and Mie Prefectures, consistent with earlier findings. Although two of the three study sites showed a marked decline in the number of egg clutches, they retained a certain level of genetic diversity—an encouraging result for future conservation efforts. In contrast, all 51 individuals of *H. owariensis* collected from five sites on the Chita Peninsula shared a single haplotype. This haplotype has not been found outside the Chita Peninsula and is genetically distinct from those in the Nagoya area. It remains unclear whether this extremely low level of genetic diversity reflects recent anthropogenic influences or is an inherent feature of the local population. Either way, the genetic foundation of the Chita Peninsula population(s) appears highly vulnerable. Given the ongoing fragmentation and reduction in population size across the peninsula, there is serious concern about the potential for future recovery of genetic diversity in this region.

### はじめに

ヤマトサンショウウオ *Hynobius vandenburghi* Dunn,  
1923 は、近畿地方東部から中部地方南部にかけて分布

する小型サンショウウオ類の1種であり (Matsui et al.,  
2019; 松井・関, 2025), 環境省レッドリストでは絶滅  
危惧Ⅱ類 (環境省, 2020) に、愛知県レッドリストで  
は絶滅危惧 IB 類 (愛知県環境局環境政策部自然環境課,

1) 愛知教育大学教育学部理科教育講座. Aichi University of Education, Faculty of Education, 1 Hirosawa, Igaya, Kariya, Aichi 448-8542, Japan.

2) 豊橋市自然史博物館. Toyohashi Museum of Natural History, 1-238 Oana, Oiwa, Toyohashi, Aichi 441-3147, Japan.

3) 豊橋総合動植物公園. Toyohashi Zoo and Botanical Park, 1-238 Oana, Oiwa, Toyohashi, Aichi 441-3147, Japan.

Corresponding author: Tomohiko Shimada. E-mail: tshimada@aecc.aichi-edu.ac.jp

原稿受付 2025年9月30日. Manuscript received Sep. 30, 2025.

原稿受理 2025年12月14日. Manuscript accepted Dec. 14, 2025.

キーワード: 渥美半島, 知多半島, ヤマトサンショウウオ, オワリサンショウウオ, ハプロタイプ多様性, 遺伝子分化指数, ハプロタイプネットワーク.

Key words: Atsumi Peninsula, Chita Peninsula, *Hynobius vandenburghi*, *Hynobius owariensis*, haplotype diversity, genetic differentiation index, haplotype network.

2025) に指定されている等、各地で減少傾向にある種である。従前この種とされてきたサンショウウオのうち、愛知県名古屋市周辺から知多半島にかけての集団は、最近独立種オワリサンショウウオ *H. owariensis* Sugawara, Fujitani, Seguchi, Sawahata et Nagano, 2022 として分割された (Sugawara et al., 2022; Kimoto et al., 2025)。同地域においては本種のかつての生息地点の多くが消失しており、この種の保全上の重要性については論を待たない (愛知県環境調査センター, 2020; 名古屋市, 2025)。

他方、この種の分割以後も、愛知県渥美半島の集団は従前通りヤマトサンショウウオに含まれる (Sugawara et al., 2022)。この集団はヤマトサンショウウオの東限集団として位置づけられるが、同半島においてもサンショウウオ類は著しく減少しており (愛知県環境調査センター, 2020)、きわめて限定的な地点にしか生息していないため、絶滅が強く懸念される状況にある。

一般的に、ある生物種の生息環境が悪化すれば、各個体群の集団サイズが小さくなり、それが各集団の遺伝的多様性の低下を引き起こし、ひいては適応度の低下がもたらされるおそれがある (Frankham et al., 2007)。また、そのような個体群では、集団間の遺伝的交流の停止に伴い、個体群間の遺伝的分化が促進されると考えられる。実際、ヤマトサンショウウオ・オワリサンショウウオにおいては、滋賀県内や名古屋市周辺の個体群について mtDNA の多様性を調べた知見があり、遺伝的多様度が低下している地点が少なからず存在することが示された (Mito et al., 2018; 藤谷ほか, 2016)。しかし、愛知県内で特に生息域や個体数の減少が懸念されている半島部集団の遺伝的特性については、ごく断片的にしか調べられていない (Matsui et al., 2019; Sugawara et al., 2022)。そこで本研究では、愛知県半島部のサンショウウオ個体群について、(1) 遺伝的多様性が特に低い個体群の明確化、及び (2) 個体群間における遺伝的交流の状態の検討、の2点を目的として、藤谷ほか (2016) や Mito et al. (2018) に従って mtDNA をマーカーとして用い、遺伝的多様性を調査した。

## 材料と方法

2024年3月に愛知県内半島部の8地点で採集した標本を解析した。この調査は愛知県絶滅危惧種等調査検討会 (レッドデータブックあいち) の調査の一部として位置づけられている。採集地点のうちの1か所は県指定天然記念物の範囲に相当するため、愛知県文化財保護条例に基づく現状変更に関する許可を取得した。各地点の産卵状況や環境の概略については第1表に示した。採集地点は市町名のみ提示することとし、渥美半島の3地点を田原A、田原B、田原C、知多半島の5地点を知多A、美浜A、美浜B、美浜C、南知多Aとした。解析した標本はほとんどが卵囊中で発生中の胚であるが、田原Bにおいては卵囊が5対しか発見できなかったため、幼生1個体を加えた<sup>脚注1</sup>。採集した胚は無水エタノール中で固定・保存した。サンプルには、発見時の状況により、野外でそのまま固定したもの、いったん持ち帰って発生を進めてから固定したものを含んでいるが、いずれにしても1卵囊対から1サンプルのみを使用するよう留意した。また、複数年度にまたがるサンプリングでは同一親からの重複採取をしてしまう懸念があるため、過去のサンプルがある地点においても、すべて2023年のサンプルのみを使用した。なお、1個体の雌が産卵する卵はヤマトサンショウウオで65–116 (平均82) 個、オワリサンショウウオで41–88 (平均66) 個ほど (松井・関, 2025) であり、1腹卵から1個体程度のサンプリングを行っても個体群に与える影響はごく軽微であると判断した。得られた固定標本から尾の筋肉部分を切り出し、フェノール・クロロホルム法に従ってDNA抽出を行い、PCRによりミトコンドリアDNAのシトクロム*b* 遺伝子塩基配列を増幅した。増幅に用いるプライマーには当初藤谷ほか (2016) の Hneb-4L と Hneb-1H を試みたが、予備実験に用いた個体では藤谷ほか (2016) の記述 (1.2 kb) とは異なり、1.4 kb 程度が増幅された<sup>脚注2</sup>。本研究で利用した配列決定サービスの委託先では、1回の解析でこの長さの配列を信頼性高く決定することができない。そこで本研究では、tRNAThr に新たなプライマー Hneb-simH (5'-AATCTTCGGTTTACAAGAC-3') を設計し、このプライマーと Hneb-4L とを用いて 1.2 kb 程度の配

脚注1：発見された卵囊中の胚はいずれも神経胚程度までしか発生が進んでいなかったため、同日に採集した幼生は確実に別卵囊に由来すると考えられる。

脚注2：配列を検討すると、この箇所ではシトクロム*b* の後に tRNAThr と tRNAPro が配置されているが、この2つの tRNA 領域の間にはジャンク配列と思われる 150 bp 程度の配列が存在した。藤谷ほか (2016) の Hneb-1H は tRNAPro に設計されているため、増幅する領域にこのジャンク配列を含んでしまい、これが配列の長大化をもたらしていた。

列を増幅した。PCRは、94℃ 30秒、55℃ 30秒、72℃ 1分30秒を1サイクルとして33サイクル行った。増幅反応後に1%アガロースゲル電気泳動を行って増幅の有無を確認した。増幅が確認できたものはinnuPREP (analytikjena)を用いて精製を行い、得られた産物をMacroGen JAPAN社に外注して塩基配列決定を行った。

集団遺伝学的解析にはシトクロム *b* 遺伝子のほぼ全長 (1,085塩基対) を利用した。得られた波形データからChromas Pro 2.1.2 (Technelysium) を用いて塩基配列を決定した。得られた塩基配列は、GenBankに登録した (アクセシオン番号: LC892042–LC892048)。その後BioEdit 7.2.5 (Hall, 1999) を用いて各個体の塩基配列をアラインメントした。続いてハプロタイプ間の関係を調べるため、Network 10.2.0.0. (Bandelt et al., 1999) を用いてハプロタイプネットワーク樹を作成した。ネットワーク樹の作成にあたっては、GenBank上に公開されている同種の塩基配列のうち、今回の解析領域全域と相同な塩基配列を持つものを加えた。この解析に用いた配列データはFigshareにて公開している (<https://dx.doi.org/10.6084/m9.figshare.30188260>)。また、DnaSP 5.10.1 (Rozas and Rozas, 1995) を用いて、集団ごとにハプロタイプ数、塩基多様度及びハプロタイプ多様度などの指標 (Nei, 1987) を算出し、集団内の遺伝的多様度を比較した。

さらに、集団間の遺伝的分化の程度を表す遺伝子分化指数を各集団間で算出した。先行研究でオワリサンショウウオの遺伝的多様性を検証した藤谷ほか (2016) ではBalloux and Lugon-Moulin (2002) やHartl and Clark (2007) に基づいて、遺伝子分化指数 ( $F_{ST}$ ) 0.50以上の組み合わせを「極めて高い」分化と解釈しており、本研究でも基本的に彼らの区分に従って、任意の2集団間の分化の程度を評価した。比較対象として、藤谷ほか (2016) の岐阜市、米原市、甲賀市、彦根市のデータをヤマトサンショウウオの解析に、名古屋市内4地点、瀬戸市、豊田市のデータをオワリサンショウウオの解析に用いた。ただし、藤谷ほか (2016) が名

古屋市内で発見した移入集団と見られるハプロタイプ (ha32, 33, 34, 39) については、由来が不明なサンプルであるため解析からは除外した。

## 結果

シトクロム *b* 遺伝子の塩基配列に基づく分子系統解析の結果、本研究で新たに配列決定したサンプルからは7つのハプロタイプが得られた。まずハプロタイプの構成を見ると、渥美半島のヤマトサンショウウオでは3地点から6つのハプロタイプが認められ、うち4つが複数の地点から検出された (第1図)。これらのハプロタイプはいずれも岐阜県産の個体ときわめて近縁なクラスターをなし、それにやや近いのは三重県の集団であった。滋賀県内の集団はMito et al. (2018) や藤谷ほか (2016) の指摘通り、遺伝的に比較的よく離れた複数のクラスターを構成した。近畿地方のその他のサンプル (京都府・大阪府・奈良県) はそれとは異なる単一のクラスターを構成した。

一方、知多半島のオワリサンショウウオでは5地点とも調べた全個体が単一のハプロタイプのみを持っていた (第2図)。ヤマトサンショウウオのネットワーク樹で見られたような大きなクラスターの分化は観察できなかったが、その中であって知多半島産のハプロタイプは、名古屋市・瀬戸市・豊田市のハプロタイプから8塩基置換数以上離れた位置にあり、遺伝的に明確に異なることが示された (第2図)。

次にハプロタイプ多様度においては、渥美半島のヤマトサンショウウオでは、田原Cで突出して低い値が見られた (ハプロタイプ多様度0.13) もの、田原A、田原Bでは比較的高い値が示された (ハプロタイプ多様度0.80–0.82) (第2表)。一方、知多半島のオワリサンショウウオ5地点についてはすべて単一のハプロタイプしか得られなかったため、多様度は0であった。塩基多様度で最も高い値を示したのは田原Bで、

第1表. 本研究で解析した各地点の産卵数、生息環境、アメリカザリガニの有無。

Table 1. Number of egg clutches, habitat characteristics, and presence or absence of *Procambarus clarkii* at each study site.

| 種名   | 地点名   | 2023年～2025年の最大産卵数 | 生息環境       | ザリガニ |
|--|-------|-------------------|------------|------|
| ヤマトサンショウウオ<br><i>Hynobius vandenburghi</i> | 田原 A  | 26 対              | 竹林に隣接した水路  | 多い   |
|  | 田原 B  | 5 対               | 保全地域内の湿地   | 多い   |
|  | 田原 C  | 21 対              | ため池に隣接した湿地 | 少ない  |
| オワリサンショウウオ<br><i>H. owariensis</i>         | 知多 A  | 22 対              | 休耕田の水路     | 多い   |
|  | 美浜 A  | 4 対               | 休耕田        | 多い   |
|  | 美浜 B  | 25 対              | 休耕田        | 多い   |
|  | 美浜 C  | 約 100 対           | 休耕田の水路     | 未確認  |
|  | 南知多 A | 4 対               | 休耕地のため池跡   | 未確認  |

0.00203 と他の個体群に比べて高い値であった。田原 A がそれに続き (0.00149), 田原 C が最も低い値を呈した (0.00012)。

続いて遺伝的分化指数を第 3 表, 第 4 表に示す。ヤマトサンショウウオでは, 渥美半島の 3 地点 (田原 A, 田原 B, 田原 C) の間では低い値 (-0.02-0.22) を示し, それらと岐阜集団の間ではやや高い値 (0.43-0.66) が見られた。一方, それらと滋賀県内の集団の間では, きわめて高い分化 (0.79-0.94) が認められた。オワリサンショウウオでは, 上で述べたように知多半島 5 地点ではすべて単一のハプロタイプしか見られないため, 分化指数も 0 となった。一方, これらの集団と, 藤谷ほか (2016) が調べた名古屋周辺の集団の間の遺伝的分化指数は, 0.75-1.00 と, 概して値が大きくなった。

## 考 察

本研究では, 愛知県半島部を中心にヤマトサンショウウオとオワリサンショウウオの個体群について, mtDNA を用いて集団遺伝学的解析を行った。mtDNA は真核生物の細胞内に共生した原核生物に由来するミトコンドリアの持つゲノムであり, 核ゲノムとは異なる遺伝様式を持っている。そのため, 当該種の進化史

全体を正確に反映しないことがあり, 遺伝的多様性の指標としても不適な場合のあることが知られている (Galtier et al., 2009)。とはいえ, 比較的安価かつ簡便に野外生物の遺伝的多様性を量る指標として, このツールには既に知見の蓄積があり, 本研究で対象としているサンショウウオ類についても先行研究が存在する (藤谷ほか, 2016; Mito et al., 2018)。結果解釈上のリスクを踏まえつつ, 遺伝的多様性の概要を把握するには, 一定の有用性は残されていると著者らは考えており, 以下には本研究で明らかになった両半島のサンショウウオ類の遺伝的特性について議論する。

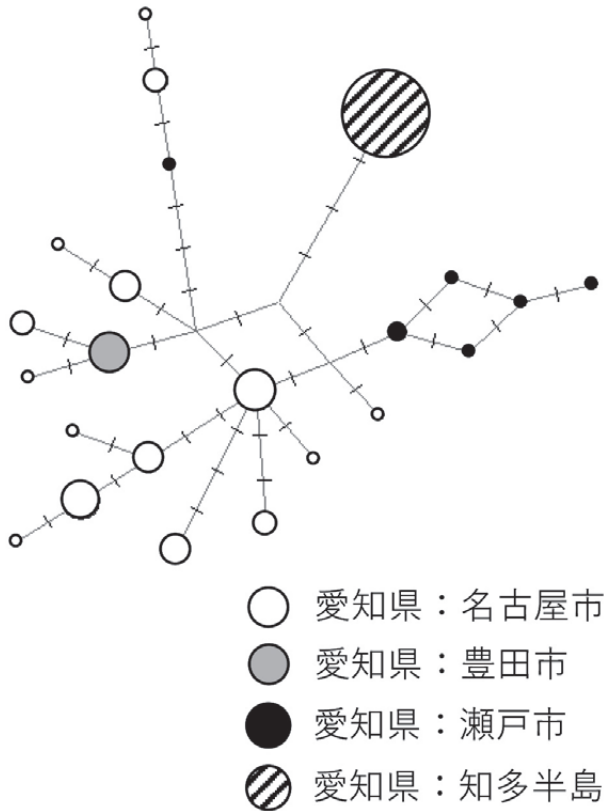
この両種のサンショウウオは主に丘陵地の湿地環境に生息するが, 愛知県内では人間活動により生息地が著しく分断されており, 個体群の集団サイズは過去の状況に比べるときわめて小さくなっていると考えられる。ただ, 実際に検討を行ってみると, 渥美半島のヤマトサンショウウオと知多半島のオワリサンショウウオでは, 集団遺伝学的な状況は大きく異なっていることが明らかになった。今回のデータセットは, 個体数の少なさのために十分なサンプリング数を確保できなかった集団 (田原 A, 美浜 A, 南知多 A) も含んでいるため, 解析の結果に注意を要する部分もあるが, それを踏まえても, 得られた結果は本県の止水性サンショ

第 2 表. 各地点でのサンプル数, ハプロタイプ数とその内訳, ハプロタイプ多様度, 塩基多様度。

Table 2. Sample size, number and composition of haplotypes, haplotype diversity, and nucleotide diversity at each study site.

| 種名   | 県名  | 地点名       | 解析<br>個体数  | ハプロ<br>タイプ数 | ハプロタイプ<br>多様度 | 塩基<br>多様度 | 引用元                |                    |
|--|-----|-----------|------------|-------------|---------------|-----------|--------------------|--------------------|
| ヤマトサンショウウオ<br><i>Hynobius vandenburghi</i> | 愛知県 | 田原 A      | 15         | 5           | 0.822         | 0.00149   | 本研究                |                    |
|  |     | 田原 B      | 6          | 4           | 0.800         | 0.00203   | 本研究                |                    |
|  |     | 田原 C      | 15         | 2           | 0.133         | 0.00012   | 本研究                |                    |
|  | 岐阜県 | 岐阜市       | 10         | 3           | 0.622         | 0.00176   | 藤谷ほか (2016)        |                    |
|  |     | 滋賀県       | 米原市        | 13          | 5             | 0.756     | 0.00289            | 藤谷ほか (2016)        |
|  |     |           | 米原市 (MBb1) | 17          | 4             | 0.625     | 0.00374            | Mito et al. (2018) |
|  |     |           | 米原市 (MIs)  | 39          | 9             | 0.772     | 0.01615            | Mito et al. (2018) |
|  |     |           | 米原市 (MNs)  | 28          | 6             | 0.437     | 0.00193            | Mito et al. (2018) |
|  |     |           | 米原市 (MOs)  | 11          | 4             | 0.745     | 0.00525            | Mito et al. (2018) |
|  |     |           | 米原市 (MSe)  | 11          | 2             | 0.436     | 0.00086            | Mito et al. (2018) |
|  |     |           | 甲賀市 (KKI1) | 14          | 3             | 0.473     | 0.00409            | Mito et al. (2018) |
|  |     |           | 甲賀市 (KKI2) | 11          | 2             | 0.545     | 0.00161            | Mito et al. (2018) |
|  |     |           | 甲賀市 (KMN)  | 11          | 5             | 0.855     | 0.00697            | Mito et al. (2018) |
|  |     |           | 長浜市 (NTd)  | 64          | 6             | 0.602     | 0.00125            | Mito et al. (2018) |
|  |     | 大津市 (OMn) | 13         | 3           | 0.667         | 0.00078   | Mito et al. (2018) |                    |
| オワリサンショウウオ<br><i>H. owariensis</i>         | 愛知県 | 知多 A      | 15         | 1           | 0             | 0         | 本研究                |                    |
|  |     | 美浜 A      | 4          | 1           | 0             | 0         | 本研究                |                    |
|  |     | 美浜 B      | 15         | 1           | 0             | 0         | 本研究                |                    |
|  |     | 美浜 C      | 15         | 1           | 0             | 0         | 本研究                |                    |
|  |     | 南知多 A     | 4          | 1           | 0             | 0         | 本研究                |                    |
|  |     | 名古屋市 A    | 16         | 5           | 0.767         | 0.00246   | 藤谷ほか (2016)        |                    |
|  |     | 名古屋市 E    | 14         | 2           | 0.143         | 0.00014   | 藤谷ほか (2016)        |                    |
|  |     | 名古屋市 F    | 12         | 6           | 0.818         | 0.00304   | 藤谷ほか (2016)        |                    |
|  |     | 豊田市       | 10         | 1           | 0             | 0         | 藤谷ほか (2016)        |                    |





第2図. 本研究および先行研究でオワリサンショウウオから得られたハプロタイプ間の関係性を示すハプロタイプネットワーク。図の見方については第1図の説明を参照のこと。

Fig. 2. Haplotype network showing the relationships among haplotypes obtained from *Hynobius owariensis* in this study and previous studies. See the caption of Fig. 1 for details.

な集団の動きを十分検討することができないが、今後より詳細な解析を進めることで、核ゲノムの遺伝情報から、ミトコンドリア DNA から推定されるものとは異なる進化史が推定される可能性は十分あり、この点についてはさらなる解析が必要である。

今回調べた渥美半島の3集団のうち、田原 A、田原 B では調査中に常にアメリカザリガニ *Procambarus clarkii* (Girard, 1852) を見かける状態で捕食圧が高いことが推測され、おそらくその影響で個体数は少ない状態にあった。このうち田原 A では豊橋総合動植物公園の保全事業が2021年から行われ、卵囊、幼生の保護活動やアメリカザリガニの駆除の結果、もともと10対程度の産卵しかなかったものが、本研究のサンプリングを行った2024年には26対の卵囊を数えるまでに増加した経緯がある。一方、田原 B は保全のため立ち入りが制限された地点にあり、長らく調査が行われて来なかったが、2023年に行われた立ち入り調査の結果、5~6対程度の産卵が確認されている。この集団についても2023年から卵囊の保全活動が開始されているが、現時点ではまだ目に見えた成果が上がっている段階にはない。このように、この2集団はいずれも近い過去に極端な個体数減少を経ているため、遺伝的多様性の低下や近親交配が懸念された。しかし本研究では、この予想に反し、両集団には現在でも比較的高い遺伝的多様性が残っていることが示唆された。今後、田原 A、田原 B 集団の保全活動を継続するうえで、その基盤と

第3表. ヤマトサンショウウオの地点間に見られる遺伝子分化指数 ( $F_{ST}$ )。

Table 3. Pairwise genetic differentiation ( $F_{ST}$ ) among *Hynobius vandenburghi* populations at different sampling sites.

| 地点   | 田原 A  | 田原 B | 田原 C | 岐阜市  | 彦根市  | 甲賀市  |
|------|-------|------|------|------|------|------|
| 田原 A |       |      |      |      |      |      |
| 田原 B | -0.02 |      |      |      |      |      |
| 田原 C | 0.05  | 0.22 |      |      |      |      |
| 岐阜市  | 0.48  | 0.43 | 0.66 |      |      |      |
| 彦根市  | 0.89  | 0.88 | 0.92 | 0.89 |      |      |
| 米原市  | 0.92  | 0.91 | 0.94 | 0.91 | 0.14 |      |
| 甲賀市  | 0.80  | 0.79 | 0.83 | 0.80 | 0.77 | 0.79 |

第4表. オワリサンショウウオの地点間に見られる遺伝子分化指数 ( $F_{ST}$ )。

Table 4. Pairwise genetic differentiation ( $F_{ST}$ ) among *Hynobius owariensis* populations at different sampling sites.

| 地点     | 知多半島 | 名古屋市 A | 名古屋市 E | 名古屋市 F | 瀬戸市  |
|--------|------|--------|--------|--------|------|
| 知多半島 * |      |        |        |        |      |
| 名古屋市 A | 0.81 |        |        |        |      |
| 名古屋市 E | 0.99 | 0.44   |        |        |      |
| 名古屋市 F | 0.71 | 0.40   | 0.40   |        |      |
| 瀬戸市    | 0.75 | 0.45   | 0.48   | 0.41   |      |
| 豊田市    | 1.00 | 0.69   | 0.97   | 0.38   | 0.68 |

\* 知多半島の各地点から解析に用いた個体ははすべて同一のハプロタイプを共有しており、遺伝子分化指数はすべて同一の値を取ったため、略記した。

なる遺伝的な多型がある程度残存していたことは好材料と言える。他方、田原Cではアメリカザリガニを見かけることが少なく、集団の発見当初から個体数も比較的多いと考えられたが、その遺伝的多様度は、他県産の同種の事例を参照しても際立って低い水準にあった(第2表)。遺伝的多様度は過去の集団の履歴を反映しているため、現在良好な状態に見える集団が、遺伝的にも良好な状態にあるとは限らない。田原Cの状況はそうしたケースの一例として位置づけられる。

これらの地点間の遺伝子分化指数を比較すると、まず田原Aと田原Bの間はきわめて低い値(-0.02)となった。この2地点は直線距離で2 km程度と比較的近距离にあり、その間はゆるやかな傾斜を備えた低平地となっている。このため、その間には、人為的な改変以前は他にも同様な産卵地が多くあったはずで、それらを介した個体の移出入は日常的に生じていたものと考えられる。両地点の間に見られる低い分化指数はそうした過去の状況を反映したものであろう。一方、これらの地点と田原Cの間には、多少高い分化指数(0.05-0.22)が検出された。この地点は田原A、田原Bから6~7 km離れた位置にあり、間には多少の起伏地形もあるが、渥美半島の低平地に多数の産卵地が存在した時代であれば、この程度の距離はさしたる移動障壁ではなかったはずである。しかし、上述のように田原Cにおいては集団内の遺伝的多様度が大きく低下しており、出現するハプロタイプの数も少ない。このことが田原Cとその他2集団の間の分化指数の値を押し上げていることが考えられる。

この地点のように一時的に遺伝的多様度が低下した集団があっても、かつてのように周囲に多数の隣接集団がいる状況であれば、個体の移出入によってすみやかな多様度の回復が期待できた。しかし、これらの3地点の間は現在では大きな道路や住宅地、区画整理された耕作地帯によって隔てられており、かつては存在したであろう個体の移出・移入がほとんど期待できない状態である点にはよく留意する必要がある。

#### 知多半島のオワリサンショウウオ集団の遺伝的特性

知多半島で調べた5地点53サンプル(知多市、美浜町、南知多町)からは、すべて単一のハプロタイプが得られるという驚くべき結果が得られた。知多半島の個体としては、過去にはMatsui et al. (2019)やSugawara et al. (2022)も、知多市、常滑市、武豊町、美浜町、南知多町において解析を行っているが、Matsui et al. (2019)の知多市のサンプルで1塩基のみ異なるハプロタイプ

が得られた以外は、すべて本研究で得られたものと一致する配列であった。この知多半島固有のハプロタイプは、先行研究ではオワリサンショウウオの他の産地からは見いだされず、知多半島独自のものであると考えられる。このように今回の結果では、知多半島全体としてmtDNAの多様性が著しく低いこと、及び名古屋市周辺の集団とは遺伝的交流が見られないことが、初めて集団遺伝学的に示された。

この結果をもたらした要因の検討については注意が必要である。藤谷ほか(2016)が想定しているような、人為的な環境改変に伴う遺伝的多様度の低下でこの現象を説明する場合、知多半島の各集団において、集団サイズが縮小して遺伝的多様度が低下した結果、各地点で共通して同じハプロタイプのみが生き残った、というシナリオも考えられなくはない。しかし、これだけ広範囲にわたって、平行的に単一のハプロタイプへの収束が起こった、という想定はやや不自然であるようにも思われる。別の仮説として、知多半島集団のmtDNAの多様性が人為的な影響を受ける以前からもともと低かったことを想定することもできよう。たとえば知多半島集団が何らかの理由で近い過去にごく小さな孤立集団になったことがあり、その際にボトルネック効果で低下した遺伝的多様性が、その後の分布拡大を経てもまだ回復していない、等のシナリオが考えられる。

今回の結果は、あくまでmtDNAのみの解析で得られたものであるため、ゲノム全体を俯瞰して遺伝的多様性を検討するためには核ゲノム等の別のアプローチが必要である。しかし、少なくとも現在わかっている範囲では、知多半島のオワリサンショウウオの遺伝的多様性の低さは特筆に値する。それが人為的な影響を受けたものであるかどうかはさておき、この集団が遺伝的に脆弱な集団であることは強く懸念される。また、知多半島集団とそれ以外のオワリサンショウウオとの間である程度の遺伝的分化が見られることを考えると、他地域から安易に個体を導入して遺伝的多様度の回復を図る行為も推奨されない。集団内の遺伝的多型が自然に回復するまでには長い時間が必要であるが、知多半島のオワリサンショウウオは、かつて知られていた産地の多くが既に消失しており、残る産地も、外来種のアメリカザリガニ等の影響を強く受けている地点が多いため、遺伝的多型が回復するほどの世代数にわたって今後も集団を維持することができるか否かについては強い懸念が持たれる(第1表)。この集団を将来に残していくために、慎重かつ着実な保全計画の

実行が求められる。

## 謝 辞

本研究で行ったサンプリングにご協力いただいた足立日向子氏、坂部あい氏、越智慎平氏、榊原正己氏、高木雅紀氏、田中溪登氏、田ノ上綺美氏、渡邊幹男氏、愛知県文化芸術課文化財室、田原市教育委員会等の多くの皆様に深く御礼申し上げます。また、DNA 実験にあたっては上野裕則氏のご協力をいただきました。本調査の一部は、愛知県天然記念物に関する調査許可のもとに行われたことを付記します。本研究の内容の一部は、文部科学省科学研究費 (24K02085) を用いて実施されました。

## 引用文献

- 愛知県環境調査センター (編), 2020. 愛知県の絶滅のおそれのある野生生物 レッドデータブックあいち 2020 動物編. 愛知県環境局環境政策部自然環境課, 名古屋, 768 p.
- 愛知県環境局環境政策部自然環境課, 2025. レッドリストあいち 2025. URL: <https://kankyojoho.pref.aichi.jp/Download/Download/%E3%83%AC%E3%83%83%E3%83%89%E3%83%AA%E3%82%B9%E3%83%88%E3%81%82%E3%81%84%E3%81%A12025%EF%BC%88%E5%8B%95%E7%89%A9%EF%BC%89.pdf> (2025 年 9 月 24 日確認)。
- Balloux, F. and Lugon-Moulin, N., 2002. The estimation of population differentiation with microsatellite markers. *Molecular Ecology*, **11**: 155–165.
- Bandelt, H. J., Forster, P., and Röhl, A., 1999. Median-joining networks for inferring intraspecific phylogenies. *Molecular Biology and Evolution*, **16**: 37–48.
- Frankham, R., Ballou, J. D., and Briscoe, D. A. 2007. 保全遺伝学入門. 西田陸 (監訳), 文一総合出版, 東京, 751p.
- 藤谷武史・能登原盛弘・熊澤慶伯, 2016. ミトコンドリア DNA 塩基配列を用いた名古屋市及び周辺地域におけるカスミサンショウウオの遺伝的多様性の研究. 爬虫両棲類学会報, **2016**: 1–12.
- Galtier, N., Nabholz, B., Glémin, S. and Hurst, G. D. D., 2009. Mitochondrial DNA as a marker of molecular diversity: a reappraisal. *Molecular Ecology*, **18**: 4541–4550.
- Hall, T. A., 1999. BioEdit: a user-friendly biological sequence alignment editor and analysis program for Windows 95/98/NT. *Nucleotide*, **41**:95–98.
- Hartl, D. L. and Clark, A. G., 2007. *Principles of Population Genetics*. 4th

- edition. Sinauer Associates, Sunderland, Massachusetts, 545 p.
- 環境省, 2020. 第 4 次レッドリスト .<https://www.env.go.jp/press/107905.html> (2025 年 6 月 20 日確認)。
- Kimoto, A., Matsui, M., Okawa, H., Tanabe, S., Misawa, Y., Takata, K., Nakatsu, G., Kanamori, S., Fujii, S. and Nishikawa, K., 2025. Clarifying genetic relationships and intraspecific variation of lentic breeding Japanese salamanders (Amphibia, Caudata, Hynobiidae) based on mitochondrial DNA and genome-wide SNP. *Systematics and Biodiversity*, **23**(1):2524452.
- Matsui, M., Nishikawa, K., Tanabe, S. and Misawa, Y., 2001. Systematic status of *Hynobius tokyoensis* (Amphibia: Urodela) from Aichi Prefecture, Japan: a biochemical survey. *Comparative Biochemistry and Physiology Part B*, **130**: 181–189.
- Matsui, M., Okawa, H., Nishikawa, K., Aoki, G., Eto, K., Yoshikawa, N., Tanabe, S., Misawa, Y. and Tominaga, A., 2019. Systematics of the widely distributed Japanese clouded salamander, *Hynobius nebulosus* (Amphibia: Caudata: Hynobiidae), and its closest relatives. *Current Herpetology*, **38**: 32–90.
- 松井正文・関懐太郎, 2025. 日本産サンショウウオ図譜. 技術評論社, 東京, 312 p.
- Mito, N., Ohshima, K. and Saitoh, O., 2018. Genetic diversity among clouded salamanders (*Hynobius nebulosus*) in Shiga Prefecture. *Zoological Science*, **35**: 427–435.
- 名古屋市, 2025. レッドデータブックなごや 2025 動物編. 名古屋市環境局環境企画部環境企画課, 名古屋, 545p.
- Nei, M., 1987. *Molecular Evolutionary Genetics*. Columbia University Press, New York, 512 p.
- Rozas, J. and Rozas, R., 1995. DnaSP, DNA sequence polymorphism: an interactive program for estimating population genetics parameters from DNA sequence data. *Computer Applications in the Biosciences*, **11**: 621–625.
- Sugawara, H., Fujitani, T., Seguchi, S., Sawahata, T. and Nagano, M., 2022. Taxonomic re-examination of the Yamato salamander *Hynobius vandenburghi*: Description of a new species from central Honshu, Japan. *Bulletin of the Kanagawa Prefectural Museum (Natural Science)*, (51): 47–59.

## (要 旨)

島田知彦・吉川 雅・長谷川道明・宮川喜仲・吉川雅己・高見一利：愛知県半島部に生息するサンショウウオ類のミトコンドリア DNA に見られる遺伝的多様性

愛知県の2つの半島である渥美半島、知多半島に生息するサンショウウオ類は、それぞれ生息地が限定され、かつそれぞれ孤立した状況にあるため、集団内の遺伝的な多様性や、集団間の遺伝子流動の低下が懸念される。そこで本研究では、既と同県名古屋周辺集団で知見の蓄積があるミトコンドリア DNA のシトクロム *b* 領域を用いて、両半島集団の遺伝的多様性の把握を試みた。その結果、まず渥美半島のヤマトサンショウウオ集団は、先行研究で指摘されていた通り岐阜県の集団と近縁であることが示された。調べた3地点の中には、産卵数がきわめて減少している地点も含まれていたが、それらにおいてもある程度の遺伝的多様性が残されていることがわかり、これは今後保全活動を推進するうえで好材料と言える。他方、知多半島のオワリサンショウウオ集団においては調べた5地点51個体ですべて同じハプロタイプが得られた。また、このハプロタイプは知多半島以外では確認されず、同種の名古屋周辺集団との間には遺伝的な分化が認められた。こうした極端に低い遺伝的多様性が、人為的な活動によってもたらされた現象なのか、それとも同半島の集団がもともと持っていた特性なのかは判断しにくい。いずれにしても同半島集団の遺伝的な基盤がきわめて脆弱な状態にあることは疑いなく、半島全域で本種の小集団化・分断化が進んでいる現状において、将来的に遺伝的な多様性の回復が見込めるのかどうか、強い懸念が持たれる。