

### ＜事例＞ ウサギ類の系統関係—遺存固有状態のアマミノクロウサギ

アマミノクロウサギ (*Pentalagus furnessi*) は、奄美大島及び徳之島にのみ生息する。ウサギ科 (Leporidae) に属し、系統的分化が早期に起きたと考えられ、近縁種 (属) は存在せず、1属1種である。アマミノクロウサギはその起源とともに、ウサギ科の進化や大陸と琉球列島との関係の生物地理学、希少種の保全を考える上で、極めて貴重な存在である。

アマミノクロウサギを含むウサギ亜科は世界で 11 属が知られる (図 1)。Yamada et al. (2002) は、ミトコンドリア DNA (12SrRNA) を用いたウサギ亜科の分子系統の解析を行った結果 (図 2)、アマミノクロウサギと他属との分岐年代を 1600 万年～1200 万年前と推定し、また、Matthee et al. (2004) は核 DNA とミトコンドリア DNA の分子系統の分析に生物地理学的情報を加味した解析から、アマミノクロウサギ属と他属との分岐年代は約 944 万年前 (±115 万年前) と推定されるとし (図 3)、両者とも、中新世中期から後期にはユーラシア大陸の一部であった奄美大島と徳之島が、鮮新世には大陸から隔離されていたとする古地理にも対応すると考察している。

古生物学的に見ると、本種の祖先は化石種 (属) *Pliopentalagus* と考えられ、化石は東欧で発見されていたが、近年、ユーラシア大陸の揚子江流域で発見され、また、沖縄島でも発見されている (Tomida and Jin, 2002)。さらに、沖縄島において前期更新世 (約 170 万年前から約 130 万年前) の地層と更新世中期 (約 40 万年前) の地層からアマミノクロウサギ属 (*Pentalagus*) の化石が発見された (小澤, 2009)。

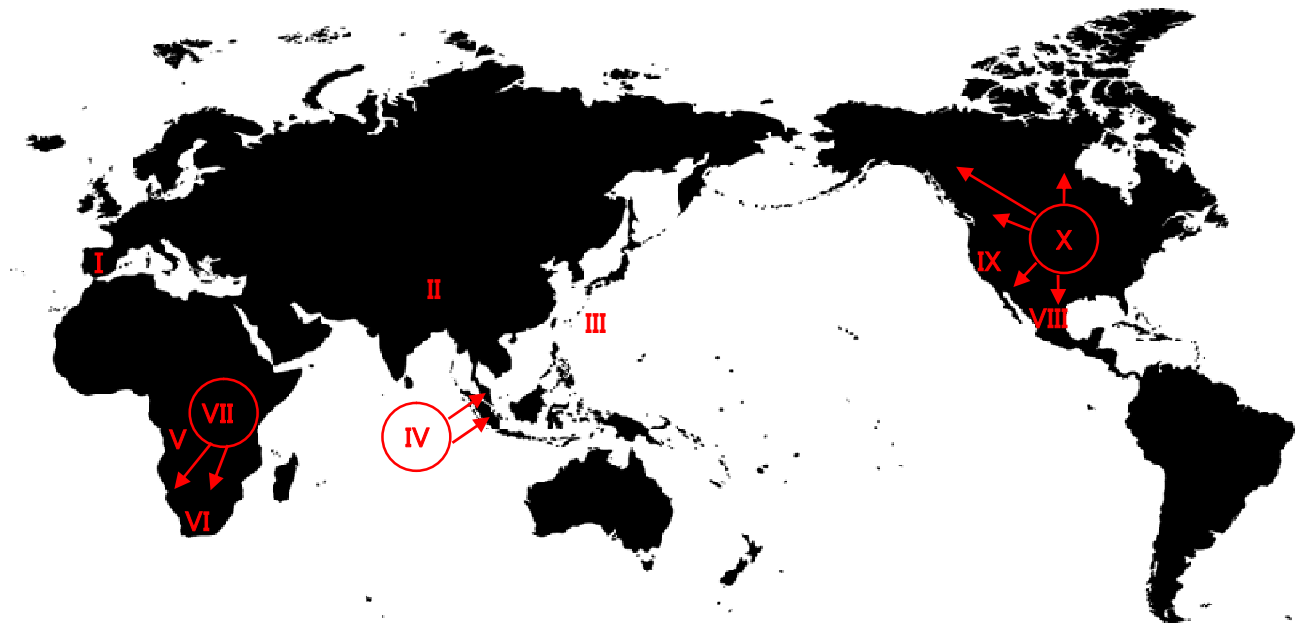


図 1 ウサギ亜科に含まれる 10 属の分布図。

I : アノウサギ属 (*Oryctolagus*), II : アラゲウサギ属 (*Caprolagus*), III : アマミノクロウサギ属 (*Pentalagus*), IV : スマトラウサギ属 (*Nesolagus*), V : ウガンダクサウサギ属 (*Poelagus*), VI : ブッシュマンウサギ属 (*Bunolagus*), VII : アカウサギ属 (*Pronolagus*), VIII : メキシコウサギ属 (*Romarolagus*), IX : ビグミーウサギ属 (*Brachylagus*), X : ワタオウサギ属 (*Sylvilagus*)。なお、ノウサギ属 (*Lepus*) は南米とオーストラリアを除きほぼ全世界的に分布するため図示していない。

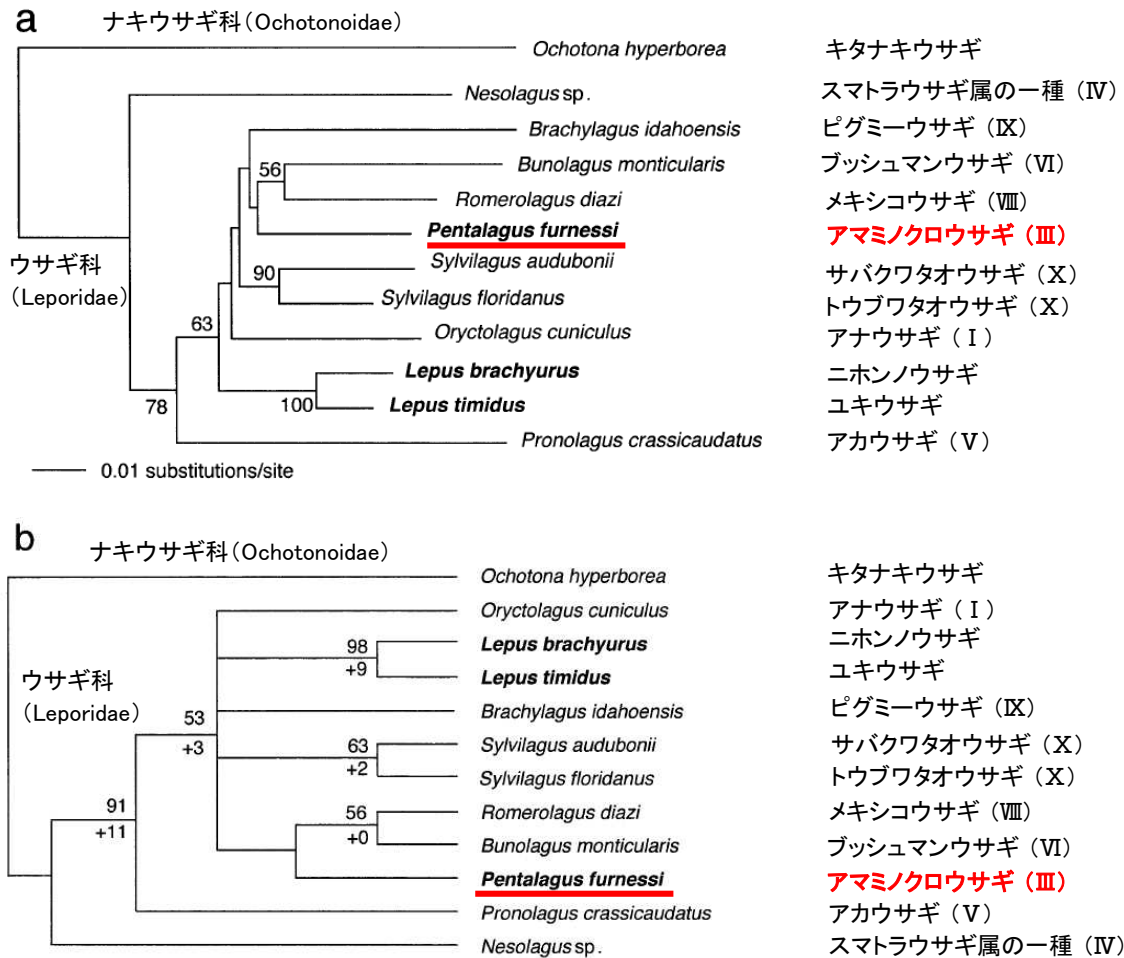


Fig. 2. Phylogenetic trees inferred from the 12S rRNA sequences of nine genera of Leporidae. (a) Neighbor-joining tree based on genetic distances computed by Kimura's (1980) two-parameter method; (b) 50% majority-rule consensus tree from six equally parsimonious trees ( $L = 597$ ;  $CI = 0.55$ ) recovered in weighted (2.1) maximum parsimony analysis. Sequences other than those of Japanese taxa were obtained from databases. The sequences of the 12S rRNA gene were aligned manually, introducing gaps to maximize homology. Excluding such regions, 710 selected sites were used. Only bootstrap values (based on 500 replicates) >50% are shown beside the relevant node. Numbers below nodes in the MP tree are Bremer support index values.

図 2 12SrRNA 配列から推定したウサギ類 9 属の分子系統樹。(a)近隣結合法による。(b)最節約法による。Yamada et al. 2002.より作成。和名横の I ~ X は、図 1 に対応。

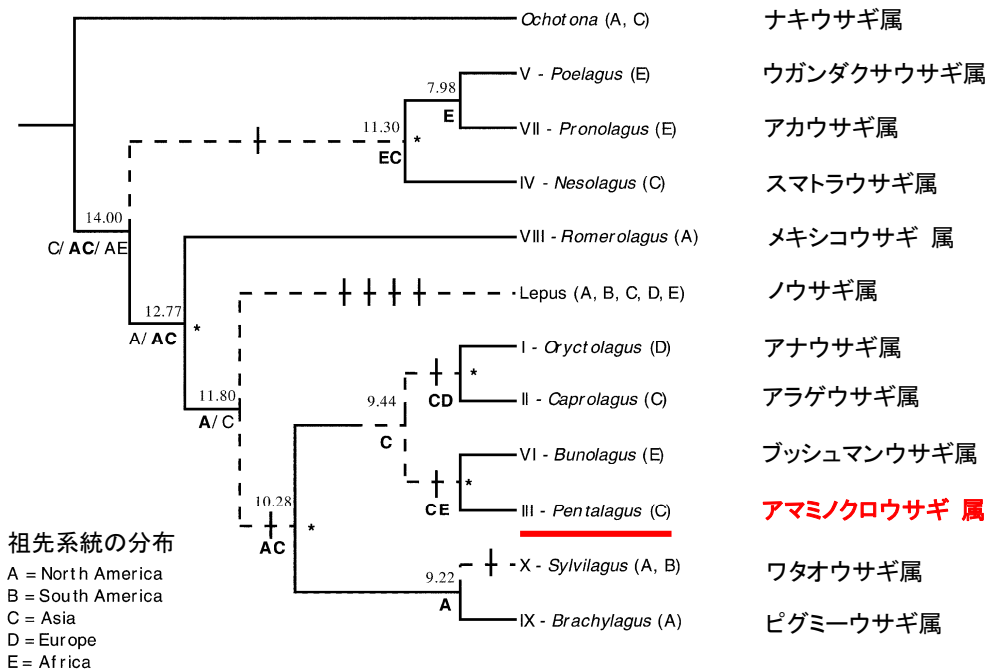


図 3 DNA の分子系統の分析に生物地理学的情報を加味した解析 (DIVA 解析) によるウサギ類の系統樹。Matthee et al. 2004.より作成。図中の A ~ E は祖先系統の分布、I ~ X は図 1 に対応。

## 引用文献

- Yamada, F., M. Takaki and H. Suzuki. 2002. Molecular phylogeny of Japanese Leporidae, the Amami rabbit *Pentalagus furnessi*, the Japanese hare *Lepus brachyurus*, and the mountain hare *Lepus timidus*, inferred from mitochondrial DNA sequences. *Genes & Genetic Systems*. 77 : 107-116.
- Matthee, C.A., B. J. Vuuren, D. Bell, & T. J. Robinson. 2004. A Molecular supermatrix of the rabbits and hares (Leporidae) allows for the identification of five international exchange during the Miocene. *Sytematic Biology*. 53 : 433-447.
- Tomida, Y. and C., Jin. 2002. Morphological evolution of the genus *Pliopentalagus* based on the fossil material from Anhui Province, China: A preliminary study. *National Science Musium monographs*. 22: 227-234.
- 小澤智生. 2009. 古脊椎動物の変遷からみた琉球諸島の固有動物相の起源と成立プロセス. 日本古生物学会第 158 例会学会講演予稿集.