

原著論文

アズマモグラおよびコウベモグラ（真無盲腸目：モグラ科）の D-loop 領域に基づく遺伝的多様性の評価

世取山結菜・佐々木 剛

Yuina Seshuyama and Takeshi Sasaki: Evaluation of genetic diversity based on the D-loop regions of the lesser Japanese mole and the large Japanese mole (Eulipotyphla: Talpidae)

緒言

アズマモグラ *Mogera imaizumii* (Kuroda, 1957) およびコウベモグラ *Mogera wogura* (Temminck, 1842) は、真無盲腸目モグラ科ニホンモグラ属に属する哺乳類で、湿度が高く、深い土壌をもった平野部を最も好む（阿部, 1964）。主な分布の境界は本州中部にあるが、大型であるコウベモグラが北方に向かってアズマモグラを駆逐しながら分布を拡大しているため、アズマモグラは生息地を追いやられて北方や山地へと分布域を後退させている（阿部, 1964, 1974, 2001, 2010）。また、モグラ類は穴を掘るために前肢が特殊化しているが、岩山や岩でできた山峡は移動の障壁となっている（阿部, 1964）。このように、アズマモグラおよびコウベモグラに関しては、地理的分布や生息環境などがよく研究されてきたが、近年では地史学と分子系統学を組み合わせた研究も行われている。ミトコンドリア DNA (mtDNA) のシトクロム b 遺伝子 (Cyt b 遺伝子) を用いた分子系統解析の結果から、日本列島内にはそれぞれの種で地理的に細分化された系統群が見つかり、地理的な種内分化が起きていることが明らかとなった（Tsuchiya *et al.*, 2000; Iwasa *et al.*, 2006; Kirihara *et al.*, 2013; Nakamoto *et al.*, 2021）。また、Satoh *et al.* (2019) は、開発したマイクロサテライトマーカーを用いて、山形県内 3 地点の狭い範囲に生息するアズマモグラの集団構造を調査した。その結果、地域集団内において遺伝的変異が検出され、マイクロサテライトマーカーが集団間の遺伝的分化のレベルを評価するのに有用であることが明らかになった（Satoh *et al.*, 2019）。

しかしながら、Satoh *et al.* (2019) に続く日本に生息するモグラ類での地域集団の遺伝的背景を調査した研究はいまだ報告されておらず、集団遺伝学的観点からモグラ類の局所的な生態を明らかにするさらなる研究が求められている。モグラ類のような森林から耕作地まで

生息する小型哺乳類の局所的生態を集団遺伝学的に調査した研究として、Hirota *et al.* (2004) は、mtDNA の調節領域である D-loop 領域を用いて、東京都西部の森林や緑地につながる生息地と、団地やアスファルト道路によって多摩川沿いの緑地から隔離された生息地のアカネズミ *Apodemus speciosus* (Temminck, 1844) の地域集団構造を明らかにした。森林や緑地につながる地域集団ではいくつかのハプロタイプが共有されていたが、隔離された生息地ではそれぞれ固有のハプロタイプが占有しており、地域集団ごとの遺伝的差異が認められた（Hirota *et al.*, 2004）。また、Okano *et al.* (2015) では、沖縄本島北部のケナガネズミ *Diplothrix legata* (Thomas, 1906) の mtDNA の D-loop 領域を調べ、北部に生息する集団の遺伝的多様性を評価した。調査した集団には 3 つのハプロタイプが存在し、ハプロタイプ多様性と塩基多様度は、日本本土に生息するアカネズミよりも低いことが明らかとなった（Okano *et al.*, 2015）。このように、先行研究では mtDNA の中でも他の遺伝子に比べて進化速度が特に速いとされる D-loop 領域（Brown *et al.*, 1986）を用いることで、森林から耕作地まで生息する小型哺乳類の地域集団ごとの遺伝的差異や遺伝的多様性を評価するのに有用であることが示された。つまり、地中性ではあるが同様に森林から耕作地まで生息する小型哺乳類のアズマモグラおよびコウベモグラにおいても、mtDNA の D-loop 領域を用いた集団遺伝学的解析を行うことで、いまだに不明な点の多いモグラ類の局所的集団構造を明らかにすることができると思われる。

そこで、本研究は東京農業大学厚木キャンパスに生息するアズマモグラと東京農業大学富士農場に生息するコウベモグラを用い、mtDNA の D-loop 領域の配列に基づいて、アズマモグラおよびコウベモグラの地域集団の構造および遺伝的多様性を評価する。

材料と方法

供試検体および DNA 抽出

2014年6月から2022年6月にかけて神奈川県厚木市の東京農業大学厚木キャンパスでサンプリングされた15個体のアズマモグラの肝臓と、2016年10月から2023年7月にかけて静岡県富士宮市の東京農業大学富士農場でサンプリングされた5個体のコウベモグラの肝臓を検体として用いた(図1および表1)。99.5%エタノールで保存された組織からDNeasy Blood & Tissue Kit(QIAGEN)を用いてDNAを抽出した。捕獲には生け捕り用の小西式モルトトラップを用いたが、AZM8は地上を歩いていたところを直接捕獲した個体である。また、AZM1は検体として用いた肝臓のみが東京農業大学野生動物学研究室に保管されていたため、捕獲方法は不明である。なお、動物の捕獲については、神奈川県(第14-1号、第14-2号、第10-1号および第10-2号)並びに静岡県(第28-133-1号、第3-57-1号、第4-87-4号および第5-96-2号)から許可を得た。また、すべての実験手順は、東京農業大学動物実験委員会の承認を受けた(21123、2022122および2023038)。

プライマーの設計

D-loop領域の増幅用プライマーは、National Center for Biotechnology Information (NCBI) が提供する GenBank に登録されているアズマモグラおよびコウベモグラの Cyt b 遺伝子と 12S rRNA 遺伝子の塩基配列情報をもとに設計した。Cyt b 遺伝子に Moger Cytb F、12S rRNA 遺伝子に Moger 12S R を設計した(表2および図2)。また、シーケンス用のインナープライマーとして、Moger D-loop F、Moger D-loop R、Moger D-loop F2、Moger D-loop R2、Moger D-loop F3、Moger D-loop R3、Moger D-loop F4 のプライマーも設計した(表2および図2)。

D-loop 領域の増幅および塩基配列の決定

Moger Cytb F および Moger 12S R を用いて PCR 法で D-loop 領域を増幅した。PCR 反応液は、テンプレート DNA を 300 ng、2 × MightyAmp Buffer Ver.3 (TaKaRa) を 12.5 μl、10 × Additive for High Specificity (TaKaRa) を 2.5 μl、5 μM の各プライマーを 1.5 μl、MightyAmp DNA Polymerase Ver.3 (1.25 U/μl TaKaRa) を 0.5 μl、総量が 25.0 μl になるように滅菌水を加えた。PCR 反応は 98 °C で 2 分間熱変性させた後、98 °C で 10 秒、65 °C で 15 秒、68 °C で 2 分のステップを 30 サイクル繰り返し、最後に 68 °C で 5 分間の伸長反応を行った。目的領域の増幅が確認できたサンプルは、シーケンス用のインナープライマーと合わせてサイクルシーケンス反応を行った。精製した PCR 産物を 3.5 μl、5 μM の各プライマーを 0.5 μl、BigDye Terminator v3.1 (Applied Biosystems) を 1.0 μl ずつ加えて計 5.0 μl に調整した。反応条件は、96 °C で 1 分間熱変性させた後、96 °C で 15 秒、50 °C で 15 秒、60 °C

で 2 分のステップを 25 サイクル繰り返し行った。両種で使用したプライマーは Moger Cytb F、Moger 12S R、Moger D-loop R2 の 3 種類である。アズマモグラのみで使用したプライマーは、Moger D-loop F、Moger D-loop R、Moger D-loop F2 の 3 種類、コウベモグラのみで使用したプライマーは、Moger D-loop F3、Moger D-loop R3、Moger D-loop F4 の 3 種類である。その後、3500 Series Genetic Analyzer (Applied Biosystems) により塩基配列を決定した。アズマモグラおよびコウベモグラの得られた塩基配列は、ハプロタイプごとに国際塩基配列データベース DDBJ に登録した(表3および表5)。

ハプロタイプ分析

得られた配列データは MEGA 7 (Kumar *et al.*, 2016) を用いてアライメントし、8 塩基 (GTATACAC) の繰り返し配列を除いた領域を比較してハプロタイプを決定した。また、本研究で検出したハプロタイプの多様性を評価するために、Arlequin Ver 3.5.2.2 (Excoffier & Lischer, 2010) を用いて、ハプロタイプ多様度と塩基多様度を求めた。

系統解析

Tamura - Nei model (Tamura & Nei, 1993) を使用し、近隣結合法 (Saitou & Nei, 1987) に基づく系統樹は MEGA 7 (Kumar *et al.*, 2016) を用いて作成した。系統樹の作成には GenBank に登録されているコウベモグラの NC005035 の配列 (Nikaido *et al.*, 2003) と、外群としてハイナンモグラ *Moger hainana* (Thomas, 1910) の NC063097 の配列 (Tu *et al.*, 2021) を加えた。また、統計学的有意性を検証するためにブートストラップ法 (1000 回繰り返し) を用いた。

結果

D-loop 領域の増幅および塩基配列の決定

アズマモグラおよびコウベモグラにおいて、本研究で設計したプライマー(表2および図2)の Moger Cytb F および Moger 12S R により Cyt b 遺伝子後半から 12S rRNA 遺伝子前半までの領域約 1700–1800 bp の PCR 増幅が認められた。この増幅産物を鋳型として塩基配列決定を行なったところ、アズマモグラ 15 個体すべてで繰り返し配列を除いた全 D-loop 領域 1121 bp の塩基配列を決定することができた。アズマモグラの D-loop 配列はこれまで報告されておらず、本研究ではじめてその特徴を明らかにした。同様に、コウベモグラでも 5 個体すべてで、繰り返し配列を除いた全 D-loop 領域 1118 bp の塩基配列を決定することができた。

ハプロタイプ分析

本研究で得られたアズマモグラの配列を比較したところ、表3に示した 31 か所で変異がみられ、3 つのハプロタイプが認められた。HapA1 は 13 個体、HapA2 と



図1. 東京農業大学厚木キャンパスおよび東京農業大学富士農場周辺の様子と調査地点の場所. QGIS ver.3.28.11 を用いて作成した. 網掛けの範囲と黒点は調査地点で, 表1に対応する. 矢頭は方角を示す.

表1. 解析に用いたアズマモグラおよびコウベモグラの試料情報

種	標本番号	個体 ID	採集日 (MM/DD/YYYY)	採集地	採集地点	ハプロタイプ		
アズマモグラ	TUA3226	AZM1	6/20/2014	東京農業大学 厚木キャンパス	地点 4	HapA1		
	TUA3232	AZM8	11/18/2020		地点 2	HapA3		
	TUA3233	AZM9	12/18/2020		地点 5	HapA2		
	TUA3234	AZM10	6/4/2021		地点 3	HapA1		
	TUA3235	AZM11	8/4/2021		地点 3	HapA1		
	TUA3236	AZM12	9/16/2021		地点 3	HapA1		
	TUA3237	AZM13	10/8/2021		地点 3	HapA1		
	TUA3238	AZM14	10/8/2021		地点 3	HapA1		
	TUA3239	AZM15	5/11/2022		地点 1	HapA1		
	TUA3240	AZM16	5/19/2022		地点 1	HapA1		
	TUA3241	AZM17	5/20/2022		地点 1	HapA1		
	TUA3242	AZM18	5/25/2022		地点 1	HapA1		
	TUA3243	AZM19	6/8/2022		地点 6	HapA1		
	TUA3244	AZM20	6/9/2022		地点 6	HapA1		
	TUA3245	AZM21	6/10/2022		地点 6	HapA1		
	コウベモグラ	TUA3248	KOB5		10/8/2016	東京農業大学 富士農場	地点不明	HapK1
		TUA3250	KOB7		6/16/2021		地点 1	HapK1
		TUA3251	KOB8		6/17/2021		地点 2	HapK2
		TUA3252	KOB9		3/16/2022		地点 2	HapK3
		TUA3254	KOB11		7/4/2023		地点 2	HapK3

HapA3はそれぞれ1個体ずつであった(表1および表3)。また、HapA1とHapA2の塩基置換は1か所、HapA2とHapA3の塩基置換は30か所、HapA1とHapA3の塩基置換は31か所であった(表3)。HapA1は図1に示す地点1、3、4、6で捕獲された個体で見られた。これら4地点は最大で約500m離れていた(地点1と地点6)。HapA2は地点5で捕獲された個体で、HapA1が見られた地点4から約50mの距離で比較的近い位置であったが、その間には幅4mほどのアスファルト道路があった。また、HapA3は地点2で捕獲された1個体で、HapA1が見られた最も近い地点3までの距離は約30mであった。遺伝的多様性の指標として、ハプロタイプ多様度と塩基多様度を求めた結果、本研究で用いたアズマモグラ全15個体で算出したハプロタイプ多様度は 0.2571 ± 0.1416 、塩基多様度は 0.003789 ± 0.002232 であった(表4)。一方で、非常に多くの塩基置換が確認されたHapA3を除いて算出したハプロタイプ多様度は 0.1429 ± 0.1188 、塩基多様度は 0.000127 ± 0.000219 となり、さらに低い値を示した(表4)。

コウベモグラで得られた配列を比較したところ、表5に示した6か所で変異がみられ、3つのハプロタイプが認められた。HapK1は2個体、HapK2は1個体、HapK3は2個体で見られ、HapK1とHapK2の塩基置換は5か所、HapK2とHapK3の塩基置換は1か所、HapK1とHapK3の塩基置換は6か所であった(表1および表5)。HapK1は図1に示す地点1(KOB5は地点不明)で捕獲された個体で、HapK2とHapK3は地点2で捕獲された個体で見られた(表1)。図1に示すように地点1と地点2の間の距離はおよそ500mである。また、本研究で用いたコウベモグラ全5個体のハプロタイプ多様度は 0.8000 ± 0.1640 、塩基多様度は 0.003220 ± 0.002290 であった(表4)。

系統解析

本研究で得られた配列とGenBankに登録されているコウベモグラの配列(NC005035)を用いて近隣結合法による系統樹を作成した結果、アズマモグラの3ハプロタイプは99%のブートストラップ値(BP値)で単系統性が支持された(図3)。AZM8は非常に多くの塩基置換が見られたにもかかわらず、アズマモグラクレードに含まれ、HapA1とHapA2で構成されるサブクレードと姉妹群を形成した。このことからAZM8の個体はアズマモグラの一系統であると考えられる(図3)。さらに、アズマモグラクレードでHapA1とHapA2で構成される単系統群は99%のBP値で支持された(図3)。

本研究のコウベモグラの3ハプロタイプとGenBankのNC005035個体は、99%のBP値で単系統性が支持され、コウベモグラクレードを形成した(図3)。このクレードにおいて東京農業大学富士農場個体による単系統群(99%BP値)とNC005035は姉妹群を形成した(図3)。富士農場単系統群ではHapK1が最初に分岐し、HapK2とHapK3が99%のBP値で単系統群を形成した(図3)。

加えて、比較的多くの塩基置換が確認されたハプロタイプ間(地点間)で遺伝的距離を求めたところ、アズマモグラのHapA3とHapA1+HapA2の間は平均で0.030、コウベモグラのHapK1とHapK2+HapK3の間は平均で0.005となった。アズマモグラのHapA3とHapA1+HapA2で見られた遺伝的距離は、富士農場の2地点間(HapK1とHapK2+HapK3)で見られた遺伝的距離よりも6倍大きい結果となった。一方、GenBankから入手したNC005035と富士農場のコウベモグラ間で見出された遺伝的距離の平均は0.046であった。

考察

東京農業大学厚木キャンパスで捕獲したアズマモグラAZM8のHapA3は他の2ハプロタイプ(HapA1とHapA2)との間に大きな遺伝的差異を示した(表3)。AZM8は図1の地点2で地上に出てコンクリート上を歩いていたところを直接捕獲された個体である。モグラが地上に出てくるほとんどの理由は、子が成長して親元を追い出されたときであることが知られている(川田, 2009)。田代(1958)は、6月のアズマモグラの巣内で発育中の幼獣を目撃している。幼獣の体毛は完全に生え揃い、成獣よりもわずかに小さい程度にまで成長したもので、生後1ヶ月余り経たものと報告している(田代, 1958)。また、Hoslett & Imaizumi (1966)では、日本のモグラの個体群構造を調べ、出産期が4月下旬から6月初旬までと述べている。しかし、Sagara & Abe (1993)は、10月にコウベモグラの巣で分散期直前の幼獣を発見し、この種の繁殖活動の一部が秋に行われる場合があることを示した。AZM8は11月に捕獲した個体であり、この個体も親元を追い出されて地上を歩いていた可能性が考えられる。今後、東京農業大学厚木キャンパスの地点2周辺に生息する個体を解析に用いることで、AZM8の遺伝的な由来が明らかになるだろう。

また、東京農業大学富士農場で捕獲したコウベモグラでは、3つのハプロタイプが確認され、HapK1は他の2ハプロタイプと比較して多くの塩基置換を有しており、東京農業大学富士農場の地点1と地点2の間の距離はおよそ500mであった。HapK1のKOB5の捕獲地点は不明であるためこの個体を除いて、コウベモグラの3ハプロタイプ間で見出された塩基置換の程度と地点間距離を考慮すると、この2地点間である程度遺伝的に分化していることが示唆された。加えて、個体数は5個体と多くはなかったが、採集地点それぞれで異なるハプロタイプが確認されたことから、個体数を増やすことで別のハプロタイプを持つ個体が見られる可能性がある。そこで、地点1と地点2に加えて、その周辺に生息する個体を今後解析に用いていくことで、東京農業大学富士農場の集団構造がより詳細になると考えられる。そして、コウベモグラのD-loop配列はこれまでに、Nikaido *et al.* (2003)が決定したmtDNAゲノムの領域の一部として報告がさ

表 2. 配列決定に用いたプライマー

プライマー番号	プライマー名	プライマー配列 (5' -3')
1	Mogera Cytb F	CATCGGACAAC TAGCATCAATC
2	Mogera 12S R	ACTCTAAGGGTATTCTCACTGG
3	Mogera D-loop F	CCTAAGTCCACCAGATAATG
4	Mogera D-loop R	TGCTTATGTAGTTTGTGGC
5	Mogera D-loop F2	GCCACAAACTACATAAGC
6	Mogera D-loop R2	TCCCGTTACCATTGACTG
7	Mogera D-loop F3	CTCCACATAAGTACAGTCTCC
8	Mogera D-loop R3	CGTGTAGTTGTTTAGTACTTGG
9	Mogera D-loop F4	CGCGTCATCGACCAATAAAC

プライマー番号は図 2 の数字に対応する .

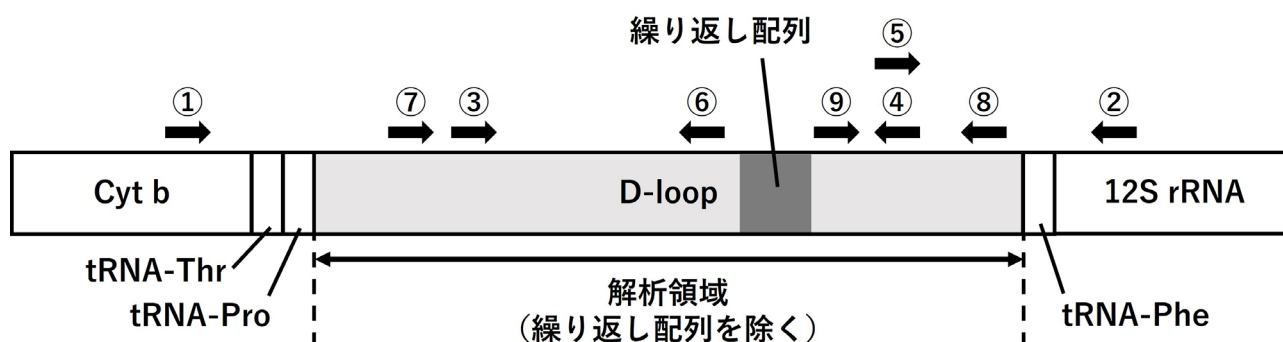


図 2. mtDNA の D-loop 領域周辺の各プライマー部位 . 矢印はプライマーを示し, 上の数字は表 2 のプライマー番号に対応する .

表 3. 本研究で使用したアズマモグラの塩基配列データ上の変異箇所

ハプロタイプ	個体数	塩基座位																	アクセッション番号														
		3	159	171	190	198	212	215	217	218	219	221	234	251	255	269	275	282		286	287	303	305	306	336	412	569	693	697	698	870	959	997
HapA1	13	T	A	C	A	T	T	A	C	T	C	T	C	T	A	A	C	C	T	T	T	C	T	T	T	G	T	C	T	C	T	LC790669	
HapA2	1	•	•	•	•	•	•	•	•	•	•	•	•	•	•	•	•	•	•	•	•	•	•	•	•	A	•	•	•	•	•	LC790670	
HapA3	1	C	G	T	T	C	C	G	T	C	T	C	T	C	G	G	T	T	C	C	A	C	T	C	C	C	A	C	T	C	T	A	LC790671

「•」は HapA1 の塩基配列と同一であることを示す .

表 4. ハプロタイプ多様度と塩基多様度

種	個体数	ハプロタイプ数	ハプロタイプ多様度	塩基多様度	備考
アズマモグラ	15	3	0.2571 ± 0.1416	0.003789 ± 0.002232	
アズマモグラ	14	2	0.1429 ± 0.1188	0.000127 ± 0.000219	HapA3 を除く
コウベモグラ	5	3	0.8000 ± 0.1640	0.003220 ± 0.002290	

表 5. 本研究で使用したコウベモグラの塩基配列データ上の変異箇所

ハプロタイプ	個体数	塩基座位					アクセッション番号	
		147	160	214	229	510		756
HapK1	2	C	G	C	A	C	G	LC791479
HapK2	1	T	A	T	•	T	A	LC791480
HapK3	2	T	A	T	G	T	A	LC791481

「•」は HapK1 の塩基配列と同一であることを示す .

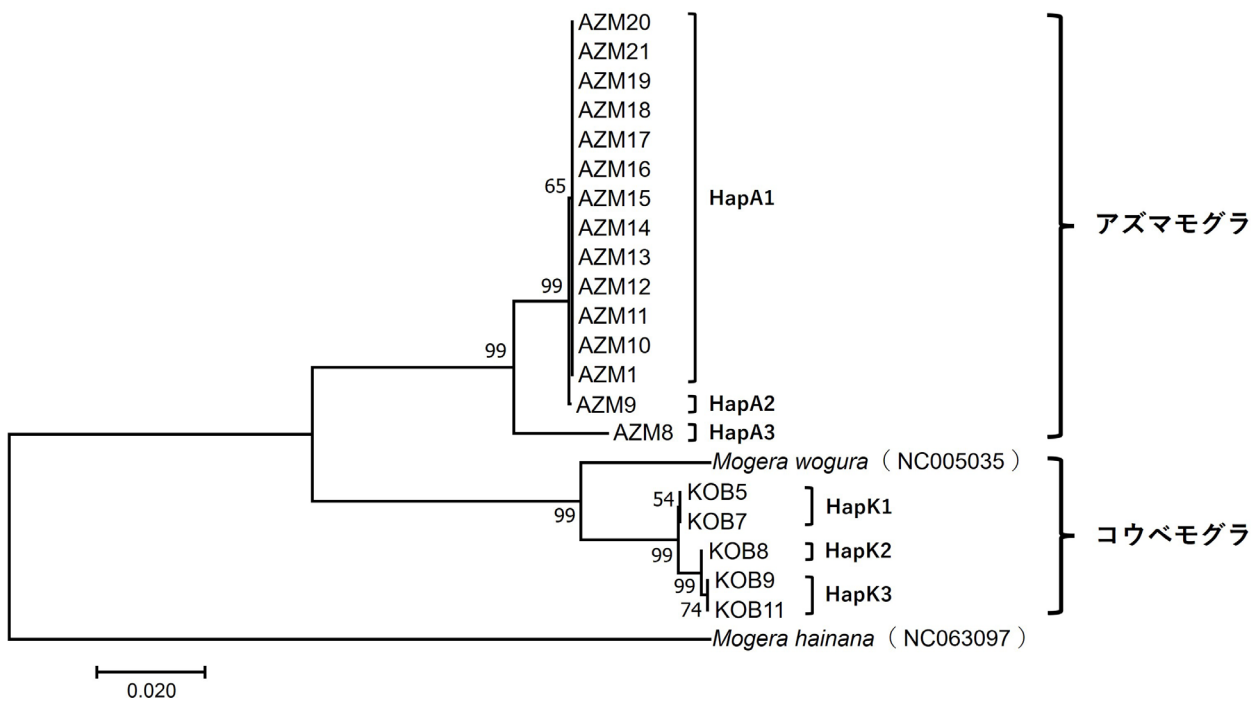


図3. アズマモグラおよびコウベモグラの mtDNA の D-loop 領域の配列情報を用いた NJ 系統樹. 枝上の数字はブートストラップ値 (%) を示す. カッコ内には GenBank のアクセッション番号を示した.

れているため、本研究が二例目となる。

Hirota *et al.* (2004) では東京都西部のアカネズミで集団構造を調査するため、多摩川沿いの森林や緑地につながる生息地と、団地やアスファルト道路によって多摩川沿いの緑地から隔離された生息地からサンプルを収集した。その結果、森林や緑地につながる生息地では、ハプロタイプ多様度が 0.70–0.86、塩基多様度は 0.013–0.029 で、隔離された生息地では、ハプロタイプ多様度が 0.00–0.45、塩基多様度は 0.000–0.004 の値を取り、隔離された生息地で採集されたアカネズミのハプロタイプ多様度と塩基多様度は非常に低かった (Hirota *et al.*, 2004)。種は異なるがアカネズミと同様に森林や緑地を利用するアズマモグラのそれらと比較すると、アズマモグラのハプロタイプ多様度は HapA3 データのあるなしに関わらず比較的低い値を示し、どちらかという隔離された生息地のアカネズミ集団に近い値であった (表 4)。一方、塩基多様度は HapA3 を入れた場合で 0.003789、除いた場合で 0.000127 と値に大きな差が見られたが、いずれも広い生息地を持つアカネズミ集団のそれよりも低く、隔離されたアカネズミ集団の塩基多様度の範囲に収まっていた (表 4)。本研究のアズマモグラの調査地である東京農業大学厚木キャンパス周辺は宅地開発された土地であり、この住宅地により周囲の緑地から隔離された都市緑地が形成されている (図 1)。そのため、この地に生息するアズマモグラはアカネズミと同様に隔離された結果、ハプロタイプ多様度が低くなった可能性がある (図 1 および表 4)。一方、コウベモグラの調査地である東京

農業大学富士農場周辺は図 1 に示すように土地開発が進んでいないため、ここに生息するコウベモグラは広く連続した生息地を有し、個体の分散もあって物理的に大きな集団を形成していると思われる。そのため、コウベモグラではハプロタイプ多様度が高い結果になったと考えられる (図 1 および表 4)。

さらに、沖縄本島北部に生息するケナガネズミの遺伝的多様性を評価した研究では、ハプロタイプ多様度は 0.606、塩基多様度は 0.00238 であり (Okano *et al.*, 2015)、中国の夾金山とその隣接地域に生息するモグラ科のミミヒミズ *Uropsilus soricipes* (Milne-Edwards, 1871) のハプロタイプ多様度は 0.805、塩基多様度は 0.01922 と報告されている (Tu *et al.*, 2014)。これら小型哺乳類のハプロタイプ多様度をアズマモグラおよびコウベモグラの結果と比較すると、高い順にミミヒミズ、コウベモグラ、ケナガネズミ、アズマモグラであった。一方で、塩基多様度を比較すると高い順にミミヒミズ、アズマモグラ、コウベモグラ、ケナガネズミとなった。今回比較した中でハプロタイプ多様度と塩基多様度が一番高い値を示したのはミミヒミズで、アズマモグラおよびコウベモグラはミミヒミズよりも低い値であった。しかし、調査に用いた集団の大きさが異なるため、ハプロタイプ多様度と塩基多様度は変化すると考えられる。また、塩基多様度はケナガネズミよりも高い値を示したが、これは、島に生息するケナガネズミよりも移動の制限が厳しくないため、塩基多様度が高い値であったと考えられる。

GenBank から入手した NC005035 と富士農場のコウベ

モグラ間で見出された遺伝的距離の平均は 0.046 であったが、GenBank のコウベモグラ個体の採集地は不明である。この個体が富士農場集団と異なる集団に由来していると仮定すると、0.046 はコウベモグラの D-loop 領域における集団間の遺伝的距離に相当すると考えることができる。そのため、AZM8 の HapA3 と HapA1+HapA2 間で見出された遺伝的距離 0.030 は、コウベモグラで想定した集団間の遺伝的距離に比較的近いと考えられる。この比較はアズマモグラとコウベモグラという異なる種間での比較であるが、生態も形態も似た極めて近縁な 2 種であることから同等に比較することに大きな問題はないと考えられる。以上より、東京農業大学厚木キャンパスに生息するアズマモグラは宅地開発により都市緑地となった地域に隔離され、遺伝的多様性を低下させながら現在も存続している集団と考えられる。

謝辞

本研究を行うにあたり、捕獲に協力していただいた平戸智也氏、野口晃輝氏、松島知佳氏、尋木ひかる氏をはじめとする野生動物学研究室の学生の皆様、並びに有益なご助言をいただいた宇野友貴氏、河野啓太氏に深く感謝し、厚く御礼申し上げます。

引用文献

- 阿部 永, 1964. 日本の哺乳類 1. 食虫目 (モグラ属) アズマモグラ. 哺乳類科学, 7: 1–10.
- 阿部 永, 1974. 二種のモグラの分布境界線における 14 年間の変化. 哺乳動物学雑誌, 6(1): 13–23.
- 阿部 永, 2001. モグラ類における遺存個体群とその維持機構. 哺乳類科学, 41(1): 35–52.
- 阿部 永, 2010. 2009 年本州中部におけるコウベモグラ *Mogera wogura* の分布北東端, 特に長野県における北端 50 年間の変化. 哺乳類科学, 50(1): 55–66.
- Brown, G. G., G. Gadaleta, G. Pepe, C. Saccone & E. Sbisà, 1986. Structural conservation and variation in the D-loop-containing region of vertebrate mitochondrial DNA. *Journal of Molecular Biology*, 192(3): 503–511.
- Excoffier, L & H. E. L. Lischer, 2010. Arlequin suite ver 3.5: a new series of programs to perform population genetics analyses under Linux and Windows. *Molecular ecology resources*, 10(3): 564–567.
- Hirota, T., T. Hirohata, H. Mashima, T. Satoh & Y. Obara, 2004. Population structure of the large Japanese field mouse, *Apodemus speciosus* (Rodentia: Muridae), in suburban landscape, based on mitochondrial D-loop sequences. *Molecular Ecology*, 13(11): 3275–3282.
- Hoslett, S. A & Y. H. Imaizumi, 1966. Age structure of a Japanese mole population. *The Journal of the Mammalogical Society of Japan*, 2(6): 151–156.
- Iwasa, M. A., C. Kawakubo, K. Tsuchiya & H. Suzuki, 2006. Intraspecific differentiation in the lesser Japanese mole in eastern Honshu, Japan, indicated by nuclear and mitochondrial gene analyses. *Zoological Science*, 23(11): 955–961.
- 川田伸一郎, 2009. モグラ博士のモグラの話. vii+207+3 pp. 岩波書店, 東京.
- Kirihara, T., A. Shinohara, K. Tsuchiya, M. Harada, A. P. Kryukov & H. Suzuki, 2013. Spatial and temporal aspects of occurrence of *Mogera* species in the Japanese islands inferred from mitochondrial and nuclear gene sequences. *Zoological Science*, 30(4): 267–281.
- Kumar, S., G. Stecher & K. Tamura, 2016. MEGA7: molecular evolutionary genetics analysis version 7.0 for bigger datasets. *Molecular Biology and Evolution*, 33(7): 1870–1874.
- Nakamoto, A., M. Harada, R. Mitsuhashi, K. Tsuchiya, A. P. Kryukov, A. Shinohara & H. Suzuki, 2021. Influence of Quaternary environmental changes on mole populations inferred from mitochondrial sequences and evolutionary rate estimation. *Zoological Letters*, 7(2). DOI: <https://doi.org/10.1186/s40851-021-00169-9>
- Nikaido, M., Y. Cao, M. Harada, N. Okada & M. Hasegawa, 2003. Mitochondrial phylogeny of hedgehogs and monophyly of Eulipotyphla. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 28(2): 276–284.
- Okano, T., M. Onuma & K. Nakata, 2015. Evaluation of the genetic diversity of the Ryukyu long-furred rat (*Diplothrix legata*) on northern Okinawa-jima Island, Japan. *Japanese Journal of Zoo and Wildlife Medicine*, 20(1): 9–14.
- Sagara, N & H. Abe, 1993. A case of late breeding in the mole *Mogera kobeeae* and its nest. *Journal of the Mammalogical Society of Japan*, 18(2): 53–59.
- Saitou, N & M. Nei, 1987. The neighbor-joining method: a new method for reconstructing phylogenetic trees. *Molecular Biology and Evolution*, 4(4): 406–425.
- Satoh, S. S., C. Murata, K. Yoshida, K. Shibata & H. B. Tamate, 2019. Population genetic study of the lesser Japanese mole *Mogera imaizumii* using novel microsatellite markers with special reference to sex-biased dispersal. *Mammal Study*, 44(2): 91–97.
- Tamura, K & M. Nei, 1993. Estimation of the number of nucleotide substitutions in the control region of mitochondrial DNA in humans and chimpanzees. *Molecular Biology and Evolution*, 10(3): 512–526.
- 田代道弥, 1958. *Talpa wogura* の巣の一例. 哺乳動物学雑誌, 1(5): 104.
- Tsuchiya, K., H. Suzuki, A. Shinohara, M. Harada, S. Wakana, M. Sakaizumi, SH. Han, LK. Lin & A. P. Kryukov, 2000. Molecular phylogeny of East Asian moles inferred from the sequence variation of the mitochondrial cytochrome *b* gene. *Genes & Genetic Systems*, 75(1): 17–24.
- Tu, F., S. Liu, Y. Liu, Z. Sun, Y. Yin, C. Yan, L. Lu, B. Yue & X. Zhang, 2014. Complete mitogenome of Chinese shrew mole *Uropsilus soricipes* (Milne-Edwards, 1871) (Mammalia: Talpidae) and genetic structure of the species in the Jiain Mountains (China). *Journal of Natural History*, 48(23–24): 1467–1483.
- Tu, F., X. Zhai, W. Zhao & J. Wang, 2021. New mitogenome of the Hainan mole *Mogera hainana* and taxonomic implications based on molecular data. *Mammal Study*, 47(1): 57–63.

世取山結菜：東京農業大学大学院農学研究所バイオセラピー学専攻；佐々木 剛：東京農業大学大学院農学研究所生物資源開発学専攻

(受領 2023 年 10 月 31 日；受理 2024 年 2 月 24 日)