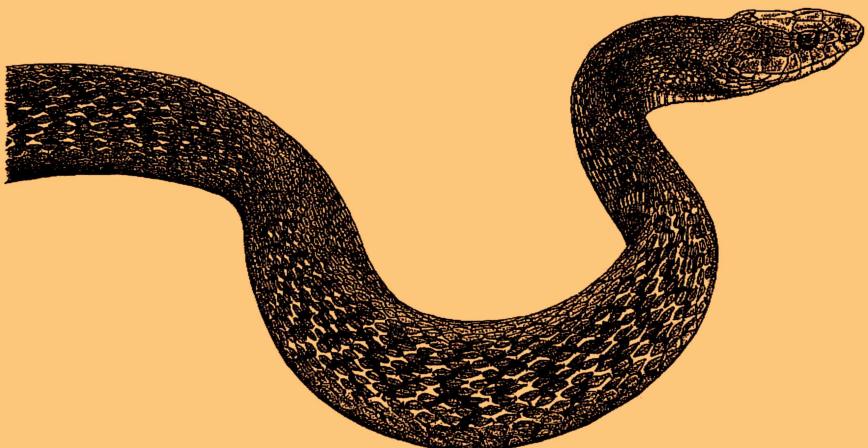


ISSN 1345-5826

第2020卷 第1号

# 爬虫両棲類学会報

BULLETIN OF  
THE HERPETOLOGICAL SOCIETY OF JAPAN



ンダトゥガラ

日本爬虫両棲類学会

SINCE  
1962 HERPETOLOGICAL  
SOCIETY OF JAPAN

## 97. ロシアウラル地方におけるヨーロッパトノサマガエルのゲノム排除機構と集団構造

三浦郁夫（広島大学・両生類研究センター）・  
ウラジミール・ファーシニン（ウラル連邦大学・自然科学研）・スペトラーナ・ファーシニーナ（ロシア科学アカデミー・ウラル分科）・アンドレイ・レベディンスキー（ラボ チェフスキイ大・動植物研）・イワン・シトニコフ（ウラル連邦大学・自然科学研）

The genome elimination mechanisms and population structures in the water frog *Pelophylax esculentus* from Ural region, Russia

Ikuro Miura, Vladimir Vershinin, Svetlana Vershinina,  
Andrey Lebedinsky, and Ivan Sitnikov

種間雑種では、まれに一方の種のゲノムが他方の種のゲノムを認識して完全に排除し、残ったゲノムが倍加することで正常な配偶子が形成されることがある。これを雑種生成（hybridogenesis）と呼ぶ。欧州およびロシアに生息するヨーロッパトノサマガエル (*Pelophylax esculentus*, Eとする) は、ワライガエル (*P. ridibundus*, Rとする) とコガタトノサマガエル (*P. lessonae*, Lとする) の種間雑種であり、雑種生成を行うことが古くから知られている。EがLゲノムを排除してRの配偶子を形成するL-Eシステムと、RあるいはLゲノムを排除するR-Eシステムの2つの典型的なタイプが存在する。今回、雑種生成の分子機構の解明を目的として、ロシア西部のウラル地方の2地点 (Dzerzhinsk, Dz と Rustai, Ru) を調査した。それぞれ43個体と44個体を採集し、集団の構造と雑種生成の仕組みを調べた結果、以下のことが明らかになった：1) 2集団はいずれもLが優勢で少数のEとRを含むL-E-Rシステムであった、2) ミトコンドリアゲノムはDzのEがR由来、RuのEがL由来であるが、生殖腺ではいずれもLの核ゲノムを排除した、3) ただし、DzのE1個体だけがL由来のミトコンドリアを持ち、しかもRとLの配偶子を形成した。以上から、ロシアの2集団は基本、L-EシステムにRが新たに侵入したL-E-Rシステムであり、Lゲノム排除型からRないしLゲノム排除型への移行系であることが推測された。