

# イタチ科の起源と進化

Molecular phylogenetic study on the origin and evolution of Mustelidae  
Gene, 396:1-12 (2007)

米澤隆弘<sup>1,2</sup>、二階堂雅人<sup>2</sup>、甲能直樹<sup>3</sup>、福本幸夫<sup>4</sup>、岡田典弘<sup>2</sup>、長谷川政美<sup>1,5</sup>

1.総合研究大学院大学先導科学研究科、2.東京工業大学大学院生命理工学研究科、3.国立科学博物館地学研究部、4.広島市安佐動物公園、5.統計数理研究所

イタチ科は23属54種から構成され、食肉目全体(7科93属231種)の中でも最大の科である。その分布域も南極や一部の島嶼部を除く全陸域に分布しているほかラッコなどのように海洋に進出したものなどもある。

生態学的にも、地上生活者(イタチ、イズナ)、半樹上生活者(テン)、半水生生活者(カワウソ)や地中に穴を掘るアナグマなどがいる。

このように多様なイタチ科だが、どのような生物から、いつ、どのように進化してきたのか分かっていなかった。そこで我々はミトコンドリアゲノムと複数の核遺伝子データを用いて、イタチ科の系統進化、とくに初期の分岐パターンを推定した。

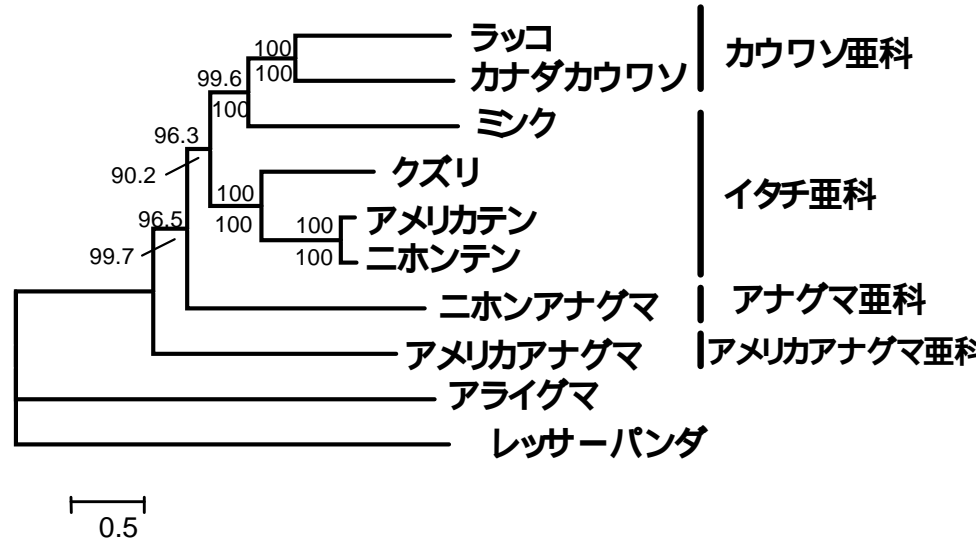


図1 本研究で推定された最尤系統樹。

ミトコンドリアゲノム(全タンパク質コード領域)及び複数の核遺伝(TTR, IRBP, RAG1, APOB, type I STSマーカー)で推定した系統樹はいずれも同じ樹形を支持した。系統樹の枝の長さにはミトコンドリア全タンパク質コード領域のコドン置換数の推定値に比例して描いている。ノードの数値はブートストラップ確率(上:ミトコンドリアゲノム、下:ミトコンドリアゲノム+複数の核遺伝子のトータルブートストラップ確率)

その結果、最初にアメリカアナグマ亜科、次いでアナグマ亜科、そしてテン類(イタチ亜科)が分岐したのちに、イタチ類(イタチ亜科)とカワウソ亜科が最後に分岐したという系統仮説を提唱した。

また我々は、イタチ上科(イタチ科、アライグマ科、レッサーパンダ科、スカンク科)の系統関係を推定した。その結果、イタチ科とアライグマ科の単系統性は強固に支持されたが、残念ながらレッサーパンダとスカンクの系統的な位置づけを解明することはできなかった。

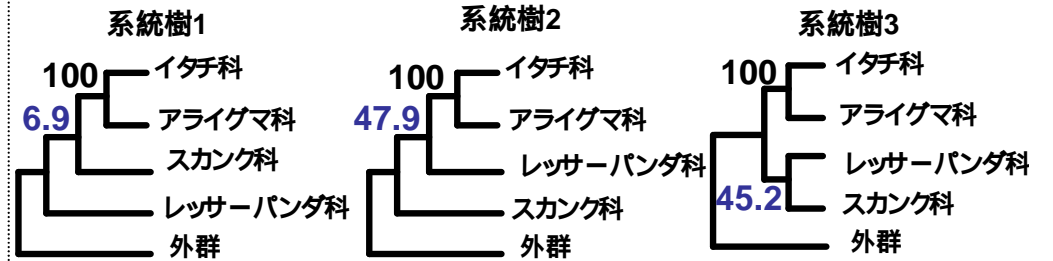


図2:イタチ上科内部の3つの系統仮説

ミトコンドリアゲノムと複数の核遺伝子を用いて系統関係を推定したが、系統樹2と系統樹3の間には尤度の差がほとんどみられなかった。

我々は同時に分岐年代を推定した。分岐パターンと分岐年代推定値、そして化石記録をもとに、イタチ科の進化のシナリオを推定した。

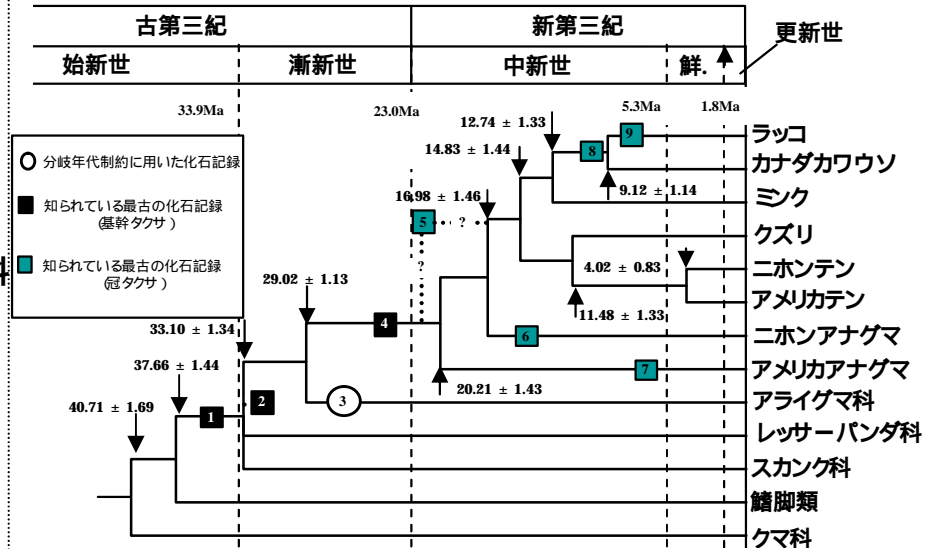


図3 本研究で推定された分岐年代推定値

イタチ上科全体の最古の共通祖先の年代はおよそ3300万年前と推定されたが、これは化石記録(#1: *Mustelavus priscus* 北アメリカ産や#2: *Mustelictis olivieri* ヨーロッパ産)とよく一致する。恐らくイタチ科は北アメリカに起源をもち、その後ヨーロッパへと移動したと思われる。イタチ科全体の共通祖先は2000万年前と推定された。イタチ科と認識される最古の化石(#5: *Paragale huerzeleri*と *Plesiogale angustifrons*)は2250~2050万年前のフランスの地層から見ついている。これらの化石種はイタチ亜科として分類されてきたが、我々の年代推定値から推察すればイタチ科全体の共通祖先である可能性が高いのである。すなわちイタチ科全体の祖先は現在のイタチ亜科のような形態をしていたと考えられる。系統樹の分岐パターンでは土を掘るのに適応したアナグマ型の動物が最初に分岐したと考えられるが、恐らくはイタチ型からアナグマ型への進化が複数回独立に起きたのではかと思われる。