

平成 23 年 5 月 20 日現在

研究種目：基盤研究（C）  
 研究期間：2008 ～ 2010  
 課題番号：20570078  
 研究課題名（和文）クマネズミ属およびハツカネズミ属の分子系統学的解析と多様性科学研究への活用  
 研究課題名（英文）Molecular phylogeny of species of *Rattus* and *Mus* and its use for biodiversity studies  
 研究代表  
 鈴木 仁（SUZUKI HITOSHI）  
 北海道大学・大学院地球環境科学研究院・准教授  
 研究者番号：40179239

研究成果の概要（和文）：ミャンマー産ハツカネズミ属 2 種の種の独自性を示した。毛色関連遺伝子 *Mc1r* 遺伝子を調べ、*Mus* 亜属の共通祖先系統でアミノ酸置換速度の加速化があったことを示し、毛色の適応進化の可能性を示唆した。クマネズミの毛色の黒色化変異は *Mc1r* の G280A が責任 SNP であることを示した。ハツカネズミにおいて新規に開発したハプロタイプ解析法に基づき近年の遺伝子汚染と歴史的な亜種系統の交雑の歴史を明らかにした。

研究成果の概要（英文）：Two lineages of *Mus* from Myanmar were shown to be valid species from our molecular phylogenetic study. The ancestral lineage of the subgenus *Mus* was shown to have an accelerated rate of dN/dS in the coat color related gene *Mc1r*, implying the presence of adaptive evolution associated with coat color. The black rat *Rattus rattus* with agouti and melanistic forms in dorsal coat color possessed a responsible SNP, G280A, in *Mc1r*. Our newly developed system, haplotype structure analysis, is proven to be effective to reveal introgressive hybridization events at both historical and contemporary ages.

交付決定額

(金額単位：円)

	直接経費	間接経費	合計
2008 年度	1,400,000	420,000	1,820,000
2009 年度	1,300,000	390,000	1,690,000
2010 年度	1,000,000	300,000	1,300,000
年度			
年度			
総計	3,700,000	1,110,000	4,810,000

研究分野：系統進化学

科研費の分科・細目：基礎生物学・生物多様性・分類

キーワード：ハツカネズミ・クマネズミ・遺伝子・毛色・分子系統・適応進化

## 1. 研究開始当初の背景

クマネズミ類(=クマネズミ属群：*Rattus* 属とその近縁属を含む；約 120 種)およびハツカネズミ類

(*Mus* 属約 40 種)はユーラシアの熱帯、亜熱帯を中心に分布する。その分子系統情報の開示と種多様化過程に関する理解は、同地域の過去 1000 万年の

生物多様性の歴史を明らかにするとともに、実験モデル生物のドブネズミとハツカネズミを構成員として持つことから今後の多様性科学研究の発展に大きく寄与するであろう。しかしながら、未だ本グループの種間系統関係に関する基盤情報の完成度は低く、進化的背景には不明な点が多い。遺伝子進化の実態を学ぶ対象としても十分に活用されていないのが現状である。したがって当該グループの系統学的把握を進展させるとともに遺伝子進化研究の有益材料としての可能性を試すことが望まれていた。

## 2. 研究の目的

### (1) ハツカネズミ属群の分子系統

ハツカネズミ (*Mus*) 亜属において、ハツカネズミとその近縁種との系統関係や進化的背景が徐々に明らかにされているが、その種数・系統関係ともに、未解明な部分がある。ゲノム解読以降、マウスの利用価値がますます高まっているものの、ハツカネズミ亜属を活用したポストゲノムの潜在的な学問的価値や有用性については見落とされていた。

これまでの分子系統学的解析から、ハツカネズミ属は4つの亜属から構成され、さらに、ユーラシア亜熱帯域に分布するハツカネズミ亜属は3つの種群からなり、これら3種群は概ね生息地域ごとの近縁種グループからなることを明らかにした (Suzuki et al. 2004)。加えて、ミャンマーにおいて「新種」*M. nitidulus* を発見し、その類縁関係を報告した (Shimada et al. 2007)。本研究においては、ユーラシア亜熱帯域に分布するハツカネズミ属の構成員に対し、未だ完成していない種間の系統関係を解析し、「新種記載」も行いながら、その進化的背景を考えることを目的とした。本研究で得られた知見は当該地域に分布する他の陸生生物の系統分化の要因を考慮する上で有益であると思われる。

### (2) クマネズミの系統地理と毛色変異

種クマネズミは、形態や核型変異に基づき、一般的に中国、東南アジアに分布するアジア型(2n=42)とヨーロッパ、インド、オーストラリア、アメリカ等に分布するオセアニア型(2n=38)に大別される。日本にはタネズミと称されるアジア型のクマネズミが生息するが、10年前に定着したと思われる小樽港周辺地域に生息するものは、オセアニア型の系統であった (Chinen et al. 2005)。感染症とも密接な関係を持ち、ヒトを含む生態系に甚大な影響を与える移入種としての側面も持つ。このように種々の観点から重要と思われるクマネズミではあるが、依然として種全体の進化的背景の全容は解明されていない。本研究では、ユーラシアおよ

びオセアニア産のクマネズミに焦点を置き、その地域集団間の関係を遺伝子の系譜をもとに明らかにしていく。

### (3) 毛色変異と環境適応

環境変化に伴う遺伝子進化の状況把握を行うために、毛色変異に着目し、その主要な遺伝子である *Melanocortin 1 receptor (Mcl1)* の塩基配列変異について検討を行った。種間比較でアミノ酸進化速度について検討した。さらにハツカネズミとクマネズミの2種において種内の変異の解析を行い、自然選択の関与について検討した。

## 3. 研究の方法

(1) サンプルの収集：独自に捕獲作業を行うとともに、研究協力者、検疫所に採集協力を要請した。

(2) 分子系統学的解析：ミトコンドリア DNA および核 DNA の遺伝子を用いて塩基配列の変異に基づく系統解析を行った。

(3) 機能遺伝子のアミノ酸置換に関する解析：適応現象と密接な関連があると思われる形質の代表として毛色をとりあげ、主要な役割を荷なっているとされている *Mcl1* 遺伝子に着目した。

## 4. 研究成果

(1) ハツカネズミ亜属について、ミトコンドリアと核の中立的遺伝マーカーを用いて包括的な分子系統学的解析を行った。核遺伝子を含めた3つのマーカーを用いて分子系統学的解析を行い、ハツカネズミ亜属が4つの主要な系統からなることを明らかにした。4系統は、概ね生息地域ごとの近縁種グループからなることがわかった。現在インドシナ半島のみで生息が確認されている *M. fragilicauda* はインド亜大陸の種と同一の系統であった。また、ミャンマー産種 *M. lepidoides* は、他の3系統とは別の独自の系統であることがわかった。もう1つのミャンマー産個体 *M. nitidulus* は東南アジアではなくインド亜大陸の系統に属することも示された。これらのことはミャンマー産の2種は「再発見種」として新たにハツカネズミ亜属に加わる可能性を示唆している。また、分岐年代の推定から、5つの系統分化は地球的規模での寒冷化と乾燥化が進んだ鮮新世(約200–300万年前)のほぼ同時期に起きたことが示唆された。また、東南アジアは、ハツカネズミ亜属の多様化の中心的な役割を担っている可能性を示唆した。また東南アジアの *Mus pahari* という種には隠蔽種が複数存在する可能性を示唆するデータも得ることができた。本研究で得られた知見は当該地域に分布する他の陸生生物の系統分化の要因を考慮す

る上で有益であると思われる。ハツカネズミ亜属の系統関係及び分岐年代の結果は、ユーラシア大陸における哺乳類の進化史、過去の気候変動や生態系の変遷を知るうえで重要な手がかりとなる知見である。

東南アジアのほぼ全域に生息するオキナワハツカネズミ (*M. caroli*) において、東南アジア大陸での陸生小型哺乳類の系統地理学的関係を明らかにするために、ミトコンドリアのチトクローム遺伝子を用いて解析を行った。その結果、オキナワハツカネズミは5つの主な系統からなることから分かり、その分化の程度はハツカネズミ (*M. musculus*) における亜種間のレベルに匹敵するものであった。また、これらの系統の分岐は更新世中期と推定された。系統の分岐が比較的短時間であることから東南アジア大陸内の系統については分断ではなく、分散後、地域ごとに系統分化していったものと推察された。異なる時間的スケールにおいて、東南アジアが小型哺乳類の多様性創出の中心的地域であることを強く支持するものである。

(2) ネズミ類10種の *Mclr* 遺伝子のエキソン領域 (949 bp) において塩基置換の非同義置換率と同義置換率の比 (dN/dS) を比較検討した。コドン頻度を考慮した塩基置換モデルでは非同義置換と同義置換の比はネズミ類で 0.23 であった。また、G/C から A/T への塩基置換の方向性も観察された。さらにネズミ類では膜貫通領域の dN/dS は 0.13 であり、それ以外の領域では 0.30 と低く、膜貫通領域では負の淘汰圧が強くかかっている可能性が示された。さらに *Mus* 亜属の共通祖先系統で dN/dS は 1 に近い値を示し、アミノ酸置換速度の加速化があったことが示唆された。したがって、およそ 500–200 万年前のハツカネズミの祖先系統において急激な環境変動に対応するために、毛色の変化が推進された可能性が示唆された。

(3) 本研究では野生ハツカネズミの毛色関連遺伝子 (*Mclr*) およびその周辺領域 200 kb の 8 個の遺伝子座 (*Fanca*, *Sper2*, *Tcf25*, *Mclr*, *Mclr-Spc* [スペーサー領域], *Def8*, *Afg3l1*, *Dbn1*) の塩基配列をもとに、4つの地域集団 DOM (西ヨーロッパ集団)、CAS (インド・東南アジア集団)、東 MUS (日本・韓国集団)、西 MUS (東ヨーロッパ集団) の塩基多様度 ( $\pi$ ) を比較した。

その結果、MUS (韓国・日本集団) は領域全体で塩基多様度が低く、祖先集団のサイズが小さかった可能性が示唆された。一方、DOM (西ヨーロッパ集団) と CAS (インド・東南アジア集団)

の *Mclr* の  $\pi$  が顕著に低い値を示したが、その他の周辺領域の  $\pi$  の値は高かった。ハツカネズミの一部野生集団において毛色に強い自然選択が働き、当該遺伝子において遺伝的多様性の消失が起きた可能性も含め、これらの傾向が生じた要因について検討を行った。生物の進化は集団に蓄積された変異を用いて次世代への環境適応を行っており、環境に適応的な対立遺伝子が自然選択により選別されていく。野生ハツカネズミは自然選択検出システム構築のためのモデル生物として有用であると考えられ、現在国立遺伝学研究所に保存されている DNA サンプルを用い自然選択を検証した。

DOM と CAS の *Mclr* 周辺で塩基多様度が低く、多様性が減少している。この原因は有益な突然変異の頻度が増加する selective sweep であると考えられ、*Mclr* における Tajima's D の有意な値が得られたことから有力である。東 MUS では全体的に  $\pi$  の値が低く、1) 移動に伴う bottleneck、2) もとからの多様性の低さ、あるいは祖先集団のサイズが小さかったという2つの可能性が考えられる。西 MUS では *Mclr* で多様化選択が起きているか、亜種間で遺伝的交流があった可能性がある。MUS の2つの地域集団の結果から野生ハツカネズミを用いる上で歴史的背景も考慮に入れ検討すべきであることが示された。

本研究の結果は CAS と DOM の *Mclr* における selective sweep は毛色の違いに関わっていることを示唆し、それはハツカネズミの亜種間において毛色と降水量に相関があると示された先行研究からも支持される。また、野生ハツカネズミが自然選択検出システム構築のためのモデル生物として有用であることが示された。今後さらに詳しい selective sweep の解析とともにその有益な突然変異はどの SNP (single nucleotide polymorphism) で起こっているのか詳しく解析を行っていき、モデル生物であるハツカネズミの自然選択に有益な情報を収集していきたい。

(4) 野生のハツカネズミ *Mus musculus* は、これまでの遺伝的変異に基づく系統地理学的研究から、中近東あるいはインド北部付近において *M.m.musculus*, *M.m.castaneus*, *M. m. domesticus* の3つの主要亜種グループが地理的隔離により系統分化し、その後、それぞれの地域よりヒトの有史以前の分散とともにユーラシアに広く展開したことを示唆することができた。このことは各亜種グループに特異的な連鎖不平衡が存在し、ハプロタイプ構造の解析により、有史以前、あるいは近年といったさまざまな時間的スケールにおいて亜種間の交雑現象を調査できることを示唆する。今回、染色体 8 番の末端領域に位置する DNA 領域において3つの異なるサイズのハプロタイプ構造解析 (200 kb, 1 Mb, 5 Mb) を日本産野生ハツカネズミ

において行った。その結果、数 Mb におよぶ長い *M.m.domesticus* のハプロタイプを釧路、共和町(北海道)、厚木由来の個体において検知することができた。これは組換え頻度に基づく計算の結果、*M.m.domesticus* による *M.m.musculus* への浸透交雑がそれぞれの地域において過去 50 年以内におきたことを示すものであった。さらに、北海道の *M.m.castaneus* のハプロタイプはおよそ平均 500kb 程度の長さで散在していることも示された。このことは、北海道において *M.m.musculus* と *M.m.castaneus* の交雑が起きたのは時代的に古く、400–500 年前と算出された。以上のようにハプロタイプ構造解析は浸透交雑や遺伝子汚染の検出、さらには時代推定に有効な手法であることを示すことができた。

(5) クマネズミ属群は 120 種以上ともいわれる巨大な分類群であり、この顕著な種の多様性の高さは哺乳類では他に例をみない。これまでのインドネシア産種に関する研究から、クマネズミ類は *Maxomys*、*Niviventer*、*Rattus* の 3 つのグループにまとめられ、さらに 3 番目の *Rattus* グループは他の類縁属群の主要部分を内包することが判明している。本研究においてはこれらクマネズミ属群について、東南アジア大陸部、台湾、沖縄産サンプルの解析情報を加え、種間の系統関係を明示し、その高密度の種系統がどのように育成されたのかについて理解を深めた。

クマネズミの毛色の黒色化変異は *Mclr* の G280A が責任 SNP であることを示した。

#### (6) まとめ

以上のようにハツカネズミ属の系統関係の把握は完成に近づいてはいるがまだ終了するには至っていない。今後、未解析種の方法収集や東南アジア地域での隠蔽種の探索といった努力が必要であろう。いずれにしてもハツカネズミとクマネズミは多様性研究において格好の対象種であることを示すことができた。毛色以外の形質における責任遺伝子においてさらに研究を進めていくことが肝要であると思われる。

#### 5. 主な論文発表等

(研究代表者、研究分担者及び連携研究者には下線)

[雑誌論文] (計 15 件)

- (1) Kambe, Y., Tanikawa, T., Matsumoto, Y, Tomozawa, M., Aplin, K. P, and Suzuki, H. Origin of agouti-melanistic polymorphism in wild Black Rats (*Rattus rattus*) inferred from *Mclr* gene sequences. *Zoological Science* (in press) 査読有
- (2) Nunome, M., Ishimori, C., Aplin, K., Tsuchiya, K.,

- Yonekawa, H., Moriwaki, K., and Suzuki, H. Detection of recombinant haplotypes in wild mice (*Mus musculus*) provides new insights into the origin of Japanese mice. *Molecular Ecology* 19: 2474–2489 (2010) 査読有
- (3) Nunome, M., Torii, H., Matsuki, R., Kinoshita, G., and Suzuki, H. The influence of Pleistocene refugia on the evolutionary history of the Japanese hare, *Lepus brachyurus*. *Zoological Science* 27: 746–754 (2010) 査読有
- (4) Tomozawa, M., Tomida, H., Suzuki, H., and Tsuchiya, K. Mitochondrial phylogeography and population history of the large Japanese wood mouse (*Apodemus speciosus*) on Sado Island, Japan. *Mammal Study* 25: 273–285 (2010) 査読有
- (5) Shimada, T., Aplin, K. P., and Suzuki, H. *Mus lepidoides* (Muridae, Rodentia) of Central Burma is a Distinct Species of Potentially Great Evolutionary and Biogeographic Significance. *Zoological Science* 27: 449–459 (2010) 査読有
- (6) Sato, J. J., Wolsan, M., Minami, S., Hosoda, T., Sinaga, H. H., Hiyama, K., Yamaguchi, Y., and Suzuki, H. Deciphering and dating the red panda's ancestry and early adaptive radiation of Musteloidea. *Molecular Phylogenetics and Evolution* 53: 907–922 (2009) 査読有
- (7) Shimada, T, Sato, JJ, Aplin, KP, and Suzuki, H. Comparative analysis of evolutionary modes in *Mclr* coat color gene in wild mice and mustelids. *Genes & Genetic Systems* 84: 225–231 (2009) 査読有
- (8) Suzuki, H. A molecular phylogenetic view of mammals in the “three-story museum” of Hokkaido, Honshu, and Ryukyu Islands. The Wild Mammals of Japan. Eds., Ohdachi SD, Ishibashi Y, Iwasa MA, Saitoh T. Shoukadoh, Kyoto. Pp 261–263 (2009) 査読無
- (9) Nunome, M., Suzuki, H., and Moriwaki K. Mozaic genome structure of multiple subspecies in the Japanese wild mouse *Mus musculus*. The Wild Mammals of Japan. Eds., Ohdachi SD, Ishibashi Y, Iwasa MA, Saitoh T Shoukadoh, Kyoto. Pp 180–181 (2009) 査読無
- (10) 山田文雄、黒岩麻里、鈴木仁、村田智慧 オキナワトゲネズミ再発見とトゲネズミ研究の最近哺乳類科学 49:133-135 (2009) 査読有
- (11) Suzuki, H., Filippucci, MG, Chelomina, GN., Sato, JJ., Serizawa, K. and Nevo, E. (2008) A biogeographic view of *Apodemus* in Asia and Europe inferred from nuclear and mitochondrial gene sequences. *Biochemical Genetics* (2008) *Biochemical Genetics* 46: 329–346 (2008) 査読有
- (12) Tomozawa, M. and Suzuki, H. A trend of central versus peripheral structuring in mitochondrial and nuclear gene sequences of the Japanese wood mouse, *Apodemus speciosus*. *Zoological Science* 25: 273–285 (2008) 査読有
- (13) Shinohara, A., Kawada, S., Harada, M., Koyasu,

K., Oda, S., and Suzuki, H. Phylogenetic relationships of the short-faced mole, *Scaptochirus moschatus* (Mammalia: Eulipotyphla), among Eurasian fossorial moles, as inferred from mitochondrial and nuclear gene sequences. *Mammal Study* 33: 77–82 (2008) 査読有  
 (14) Yasuda, SP., Nakayama, A., Iwabuchi, M., Minato, S., Tsuchiya, K., and Suzuki, H. Isolation and development of microsatellite markers for the Japanese dormouse, *Glirulus japonicus*. *Molecular Ecology Resources* 9: 569–571 (2008) 査読有  
 (15) 鈴木仁 日本の野生哺乳類にみる毛色の進化 *生物の科学遺伝* 62: 60–61 (2008) 査読無

[学会発表] (計 25 件)

- (1) 鈴木仁、友澤森彦、布目三夫、佐藤淳 野生哺乳類にみる毛色の進化 第 81 回日本動物学会 2010 年 9 月 24–26 日東京
- (2) 神戸嘉一、谷川力・松本泰治・友澤森彦・Ken P. Aplin・鈴木仁 クマネズミの *Mclr* 遺伝子の変異と毛色多型の解析 第 82 回日本遺伝学会 2010 年 9 月 20–22 日札幌
- (3) 児玉紗也香、布目三夫、森脇和郎、鈴木仁 ハツカネズミの毛色関連遺伝子 *Mclr* 周辺領域の塩基多様度の減少 第 82 回日本遺伝学会 2010 年 9 月 20–22 日札幌
- (4) 鈴木仁 「マウス亜種とその地理的展開」国立遺伝学研究所・研究集会「マウスを中心とした Forward genetics の新展開」2010 年 4 月 23 日三島
- (5) 布目三夫、鳥居春己、松木吏弓、木下豪太、鈴木仁 複数遺伝子座を用いたニホンノウサギ4亜種の遺伝的背景の解析 日本哺乳類学会2009年度大会、2009年11月24日台湾台北
- (6) 細田徹治・林良恭・鈴木仁・岩佐真宏・原田正史・佐藤淳・土屋公幸 ミトコンドリアDNAから見た台湾産イタチ類相の形成史 日本哺乳類学会 2009年11月24日台湾台北
- (7) 臼田大輝、高田豊行、森脇和郎、吉川欣亮、城石俊彦、鈴木仁 ユーラシア産野生ハツカネズミの系統地理学的解析 日本遺伝学会第 81 回大会、2009 年 9 月 17 日 松本
- (8) 鈴木仁 「日本産小型哺乳類の系統地理学的概観と進化遺伝学への活用」日本遺伝学会 ワークショップ：遺伝学の素材としての日本の野生生物 (オーガナイザー) 2009年9月16日 松本
- (9) Mitsuo Nunome, Harumi Torii, Rikyu Matsuki, Fumio Yamada, Kimiyuki Tsuchiya, Hitoshi Suzuki : A role of Pleistocene refugia in shaping genetic diversity of the Japanese hare, *Lepus brachyurus* 第 10 回国際哺乳類学会議 (10th International Mammalogical Congress, 2009 年 8 月 10–14 日アルゼンチン)
- (10) 鈴木仁 (招待講演) 野生ネズミ類の多様性の歴史とゲノム学への活用 第 89 回理研バイオリソースセンターセミナー 2009 年 8 月 4 日 つくば
- (11) 幡中迪彦、友澤森彦、佐藤淳、細田 徹治、

鈴木仁 食肉類における毛色関連遺伝子 *Mclr* の進化的動態 第 11 回日本進化学会大会 2009 年 8 月 3–4 日 札幌

- (12) 鈴木仁 *Mus* 属のユーラシア亜熱帯域での展開とモロシヌスの来た道 第 23 回モロシヌス研究会 2009 年 7 月 11 日 大津市
- (13) 桐原崇・鈴木仁 (北海道大学・地球環境科学研究所) 日本産モグラ類の分子系統と系統地理研究交流会「哺乳類の多様性研究」2009年6月23日札幌
- (14) 安田俊平・岩渕真奈美・中山文・湊秋作・鈴木仁 マイクロサテライトを用いたニホンヤマネの配偶システムと巣箱共有個体の血縁関係解析 日本哺乳類学会 2008 年 9 月 13-14 日 山口
- (15) 友澤森彦、鈴木仁、土屋公幸 マイクロサテライトマーカーを用いたアカネズミ島嶼集団の遺伝解析 日本哺乳類学会 2008 年 9 月 13-14 日 山口
- (16) 布目三夫、鳥居春己、山田文雄、土屋公幸、鈴木仁 第四紀の複数のレフュージアがニホンノウサギの遺伝的多様性に与えた影響 についての系統地理学的解析 日本哺乳類学会 2008 年 9 月 13-14 日 山口
- (17) 臼田大輝、吉川欣亮、森脇和郎、鈴木仁 野生ハツカネズミの系統地理学的研究への SNPs の活用 日本哺乳類学会 2008 年 9 月 13-14 日 山口
- (18) 神戸嘉一・谷川力・矢部辰男・前園泰徳・石田健・土屋公幸・鈴木荘介・松本泰治・Aplin Ken P.・鈴木仁 *Mclr* 遺伝子の変異に基づく日本産クマネズミ *Rattus rattus* の遺伝的背景の解析 日本哺乳類学会 2008 年 9 月 13-14 日 山口
- (19) 鈴木仁 トゲネズミの進化的位置づけ 日本哺乳類学会 2008 年 9 月 13 日 山口
- (20) 桐原崇・篠原明男・土屋公幸・原田正史・Kryukov Alexei P.・鈴木仁 ミトコンドリア DNA および核遺伝子配列からみたコウベモグラ *Mogera wogura* 日本哺乳類学会 2008 年 9 月 13 日 山口
- (21) 鈴木仁、臼田大輝、布目三夫、森脇和郎 複数の遺伝子配列の変異に基づく日本産野生ハツカネズミの起源 日本動物学会第 79 回大会 2008 年 9 月 6 日 福岡
- (22) 鈴木仁、臼田大輝、布目三夫、土屋公幸、米川博通、森脇和郎 日本産野生ハツカネズミのが持つことなる亜種に由来する 4 つの遺伝的要素の特定 日本遺伝学会第 80 回大会 2008 年 9 月 3 日 名古屋
- (23) 安田俊平・岩渕真奈美・湊秋作・土屋公幸・鈴木仁 ESU 策定のための汎用分子マーカー開発の試み —ニホンヤマネをモデルとして— 日本進化学会第 10 回大会 2008 年 8 月 22 日 東京
- (24) 布目三夫 The role of Pleistocene refugia in shaping genetic diversity of the Japanese hare (*Lepus brachyurus*). Hokkaido University Sustainability Weeks G8 Summit Round 2008 年 6 月 23–25 日札幌
- (25) 鈴木仁 第三紀後期以降の哺乳類の断続的

放散と日本産小型哺乳類の起源~韓国から日本への系統移入の多様な物語~ 韓国国立バイオリソースセンター(National Institute of Biological Resources (NIBR)) 2008年5月21日 韓国仁川

〔図書〕(計2件)

- (1) Kyrukov A.P., Haring, E., 鈴木仁 第1章「カラス類の系統進化史」樋口広芳・黒沢令子編「カラスの自然史」北海道大学出版会 Pp3-19 (2010)
- (2) 甲山隆司、鈴木仁 第3章レッドエコシステムボルネオ (大崎満、岩熊敏男編) 岩波出版 (2008)

## 6. 研究組織

### (1) 研究代表者

鈴木 仁 (SUZUKI HITOSHI)  
北海道大学・大学院地球環境科学研究院・准教授  
研究者番号：40179239

### (2) 研究分担者

なし

### (3) 研究分担者

なし