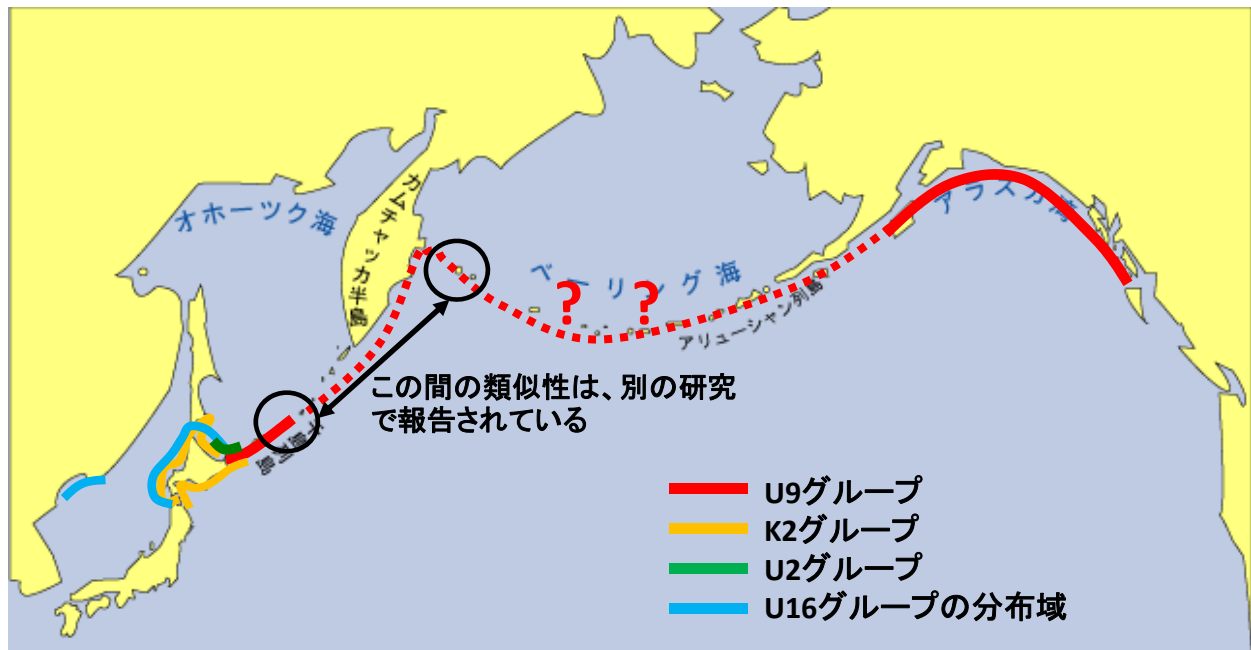


## 参考図1 (概要)



ミトコンドリアDNA解析の結果、日本周辺では、上の図の4色に相当する4つの遺伝子型グループが確認されていますが、千島列島では、東に行くほどU9グループの割合が高くなります。

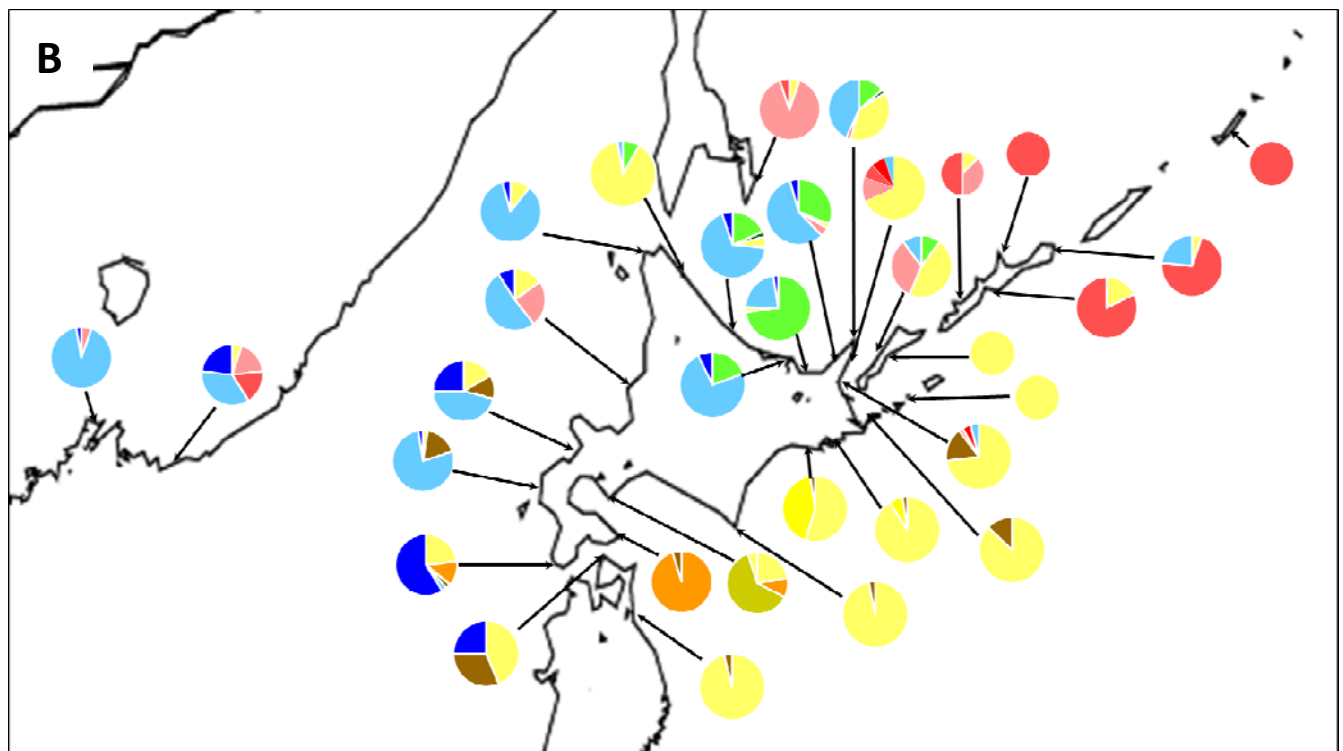
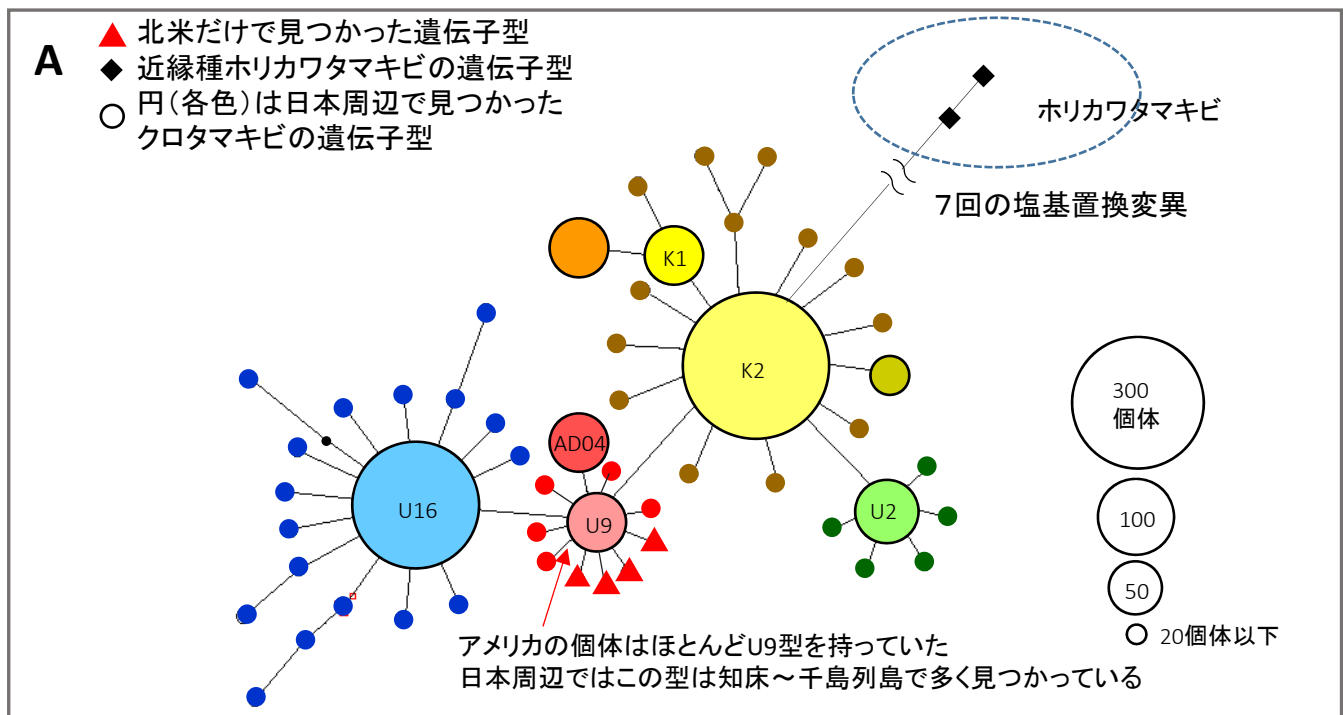
一方、北米沿岸ではU9グループしかなく、最終氷期以降にどこからか北米に分散してきた可能性が高いと報告されていました。

赤の点線は、クロタマキビの分布域ですが、現在までに包括的な遺伝子解析が行われた報告はありませんでした。

しかし、過去の研究で千島列島とアリューシャン列島のグループ(個体群)の一部を調べたところ遺伝的に非常に似ていたこと、さらに、その類似性はおそらく、これらの個体群が非常に新しいためであろうということが報告されています。

これらを総合すると、「北米のクロタマキビは、最終氷期が終わった後で、温暖な日本周辺から、千島列島・アリューシャン列島を経て北米に到達した」と考えられます。

## 参考図2（より詳細な説明）



A. ミトコンドリアDNA内のチトクロームb遺伝子領域の遺伝子型の系統関係を表すネットワーク図。円または四角・三角が遺伝子型を、直線一本が一塩基の変異を表す。アメリカの個体は、ほとんどがU9型、その他わずかに▲の型が見られた。

B. 日本周辺の各地で見られた遺伝子型の割合。それぞれの色は、A図のタイプの色と対応している。知床から千島列島ではアメリカで見られる遺伝子型に近いものがほとんどであり、この地域と北米との遺伝的な類似性・近縁性が示された。