



小さなジャコウネズミが明かした，インド洋～東シナ海の沿岸域に おける広大で複雑な人間活動の軌跡

研究成果のポイント

- ・ 真無盲腸目に属するジャコウネズミの種内系統をミトコンドリアの遺伝子で明らかにした。
- ・ ジャコウネズミの系統樹から，この動物の広大な地域間の人為移動の歴史が判明した。
- ・ 中世から近世にかけての人間の活動・交流は，我々の想像を超える広い範囲で行われていた。

研究成果の概要

ジャコウネズミは体重 30～100 g 前後の小型哺乳類です。日本から東アフリカ沿岸までの広大な地域から捕獲した個体の DNA の塩基配列を決定し，種内系統樹を推定しました。その結果，日本，東南アジア島嶼部，スリランカ，東アフリカ沿岸地域にかけて，ジャコウネズミは人為的に分布を広げたことが示されました。またパキスタン，ミャンマー，スリランカでは複数の遺伝系統が移入していることもわかりました。この分布拡大は海洋交易に伴って起きたと考えられ，中世から近世にかけて人類は東シナ海からアフリカ東部にわたる広大な地域を行き来していたことが間接的に示されました。

本研究成果は，日本哺乳類学会が発行する英文科学雑誌の“Mammal Study”に 2016 年 12 月 31 日（土）に掲載される予定です。

論文発表の概要

研究論文名：Intraspecific phylogeny of the house shrews, *Suncus murinus*-*S. montanus* species complex, based on the mitochondrial cytochrome *b* gene (ミトコンドリアチトクロム *b* 遺伝子に基づくジャコウネズミの種内系統)

著者：大館智志（北海道大学低温科学研究所），木下豪太（京都大学大学院農学研究科），織田銑一（元岡山理科大学理学部），本川雅治（京都大学総合博物館），城ヶ原貴通（宮崎大学フロンティア科学実験総合センター），新井 智（国立感染症研究所），Son Truong Nguyen（ベトナム科学技術アカデミー 生態学及び生物資源研究所），鈴木 仁（北海道大学大学院地球環境科学研究院），片倉 賢（北海道大学大学院獣医学研究科），Saw Bawm（ミャンマー獣医科学大学），Myin Zu Min（ミャンマー・ヤダナボン大学），Thida Lay Thwe（ミャンマー・ヤンゴン大学動物学科），Chandika D. Gamage（スリランカ・ペラデニア大学医学部），Rosli Hashim（マレーシア・マラヤ大学理学部），Hasmahzaiti Omar

(マレーシア・マラヤ大学理学部), Ibnu Maryanto (インドネシア科学院生物学研究センター), Taher Ghadirian (イラン, ペルシャ野生動物遺産基金), Marie Claudine Ranoroosa (マダガスカル・アンタナナリブ大学農学上級校), 森部絢嗣 (岐阜大学野生動物管理学研究センター), 土屋公幸 (株式会社 応用生物)

公表雑誌: Mammal Study (日本哺乳類学会が発行する英文科学雑誌)

公表日: 日本時間 2016年12月31日(土)

研究成果の概要

(背景)

ジャコウネズミは真無盲腸目(モグラやトガリネズミの仲間)に属する小型哺乳動物で、インドからインドシナ半島あたりが原産地で、そこから九州・沖縄を含む東シナ海沿岸地域、東南アジア島嶼部、西アジアや東アフリカ沿岸部に移住したと考えられています。ジャコウネズミは齧歯類のクマネズミやハツカネズミと同様に住家性であり、英語では House Shrew, つまり「家にすむトガリネズミ」と呼ばれています。つまりジャコウネズミは人間活動に伴って移動するので、その移動経路を知ることにより、過去の人間活動の交流の歴史を裏付けることができます。

先行研究では染色体やDNAの制限酵素断片長多型(RFLP)を用いて、主に分布域の東半分についての研究が行われましたが、西アジアや東アフリカ沿岸の個体の分析や、より詳しい情報が得られるDNAの塩基配列による分析は行われていませんでした。これらの研究によるとジャコウネズミは、インドの北方からインドシナ半島を経て東南アジア島嶼部に至り、そこから島嶼伝いに北上し、沖縄、九州まで分布を拡大し、一方、インドの南部から海上ルートでスリランカと東南アジア島嶼部に移動したと思われていました。

しかしこれらの先行研究では、分析した個体の捕獲地点が限られており、特にインドより西方のサンプルがほとんどありませんでした。またDNAの分析も地理的変異を見るには精度が低いRFLPによる方法を用いていました。従って、先行研究で得られた推論は地域的に限定的で、また精度があまり良くないものでした。

今回は、8カ国の研究者と共同研究により、東シナ海沿岸地域から東南アジア、スリランカ、パキスタン、イラン、そしてアフリカ東沿岸島嶼に及ぶ44地点より、169個体(引用データも含む)のジャコウネズミを分析して、その移動ルートについてDNAの塩基配列データを用いた推定を試みました。

そして誰も予想だにできなかったジャコウネズミの移動ルートや複雑な歴史がわかりました。人間にとっては、益にも害にもならないので、誰も注目しなかったジャコウネズミですが、その小さな体には、ダイナミックでスケールの大きい人間活動の歴史の証拠が残されているのです。

(研究手法)

まず、引用データも含めて東シナ海沿岸地域からアフリカ東沿岸島嶼よりの44地点から採集した169個体のジャコウネズミ(正確に言うと、*Suncus murinus*-*S. montanus* 種群)のミトコンドリアのチトクロム**b**遺伝子の塩基配列(1140bp)を決定し、種内系統樹を推定しました。それを捕獲地点と比較し、各地域産の個体の系統的位置を比べて、ジャコウネズミの移動の歴史について推論を行いました。

(研究成果)

日本(沖縄)、中国南部、ベトナム、インドネシア(ジャワ島)からのジャコウネズミは遺伝的にほとんど違いがないことがわかりました。おそらくベトナムから中国南部にかけての東シナ海の大陸

側から、日本やインドネシアにジャコウネズミは運ばれたものと推定されます。今まで沖縄のジャコウネズミは自然分布と思われていましたが、実は「外来種」だったのです。

一方、スリランカ、ミャンマーとパキスタンの個体群は複数の遺伝系統のものが混在しています。特にスリランカの古都キャンディではまったく同一の地点で捕獲した個体はミトコンドリアの系統がまるで異なる個体が混在していました。これは染色体を用いた研究により2つの異なった系統の交雑個体群であることが分かっています。このように、これらの地域では他の地域からの移入個体が存在していることが示唆されました。またインド洋西部では、とても興味深い結果が得られました。一つはザンジバル島（タンザニア）の個体群の遺伝タイプは、はるか遠く離れたイラン南西部のジャコウネズミとほぼ同じタイプをもっていました。ザンジバルのスワヒリ人は自分たちの祖先はペルシャからやってきた、という伝説を持っており、この結果はまさにザンジバルとイランの交流の歴史を物語っています。さらに、マダガスカルとグラン・コモロ島（コモロ共和国）は同じ遺伝タイプでしたが、同じ海域にあるレユニオン島（フランス海外領）の遺伝タイプは、前者とは異なり、はるか遠くの東南アジアに多く見られるタイプに近いことが分かりました。これは、レユニオン島には労働者として中国系の人々が移住した歴史があることと関連があるのかもしれませんが。いずれにせよ、アフリカ東沿岸の島々のジャコウネズミは地理的な近さにも関わらず、それぞれ異なる出自をもっていることがわかりました。つまり、アフリカ東沿岸部では西アジアから東南アジアといったそれぞれの違った地域から移入が行われたことが示唆されました。

以上の研究結果から、東シナ海からインド洋沿岸域にかけては、中世から近世ないし現代に至るまで、人間の活動は、想像していた以上に広くかつ複雑な交流のネットワークがあることが分かりました。また、東シナ海からインド洋海域は一つの巨大な海洋交易圏であることも証明されました。

（今後への期待）

今後もさらに、東南アジア各地域、南アジア、西アジア、アフリカ東部のサンプルを分析し、分布域全体をカバーして調査を継続する予定です。また、ミトコンドリアの遺伝子だけでなく、核の遺伝子であるマイクロサテライト遺伝子多型、染色体多型などの遺伝的な分析を行っており、より詳しいジャコウネズミの遺伝的な類似性や交雑の過程が明らかになると思われます。また、ニッチェ解析という生態学的手法を用いてジャコウネズミの分布拡大の環境的な制限要因を調べています。さらに、歴史学者や人類学者との共同で、ジャコウネズミが運ばれた人間側の歴史との関連を調べるつもりです。以上のような複数の学問分野横断の学際的な総合的な調査によって、ジャコウネズミの移動史と人類の活動史をつなげる、非常にダイナミックな研究ができると期待されています。

お問い合わせ先

所属・職・氏名：北海道大学低温科学研究所 助教 大館 智志（おおだち さとし）

TEL：011-706-7474 FAX：011-706-7142 E-mail：ohd@lowtem.hokudai.ac.jp

【参考図】



図 1. イラン南西部のジャコウネズミ。全長 230 ミリ， 体重 56 グラム。



図 2. 今回比較したジャコウネズミのサンプルポイント