

哺乳類ゲノムが明かす重層的なインド太平洋域の交流史

～ジャコウネズミが記録していたアラビア海から東アジアまで広がる海上交易ネットワーク～

ポイント

- ・ ジャコウネズミのゲノム解析から、インド洋・東南アジア・東アジアを結ぶ複数の移動ルートを解明。
- ・ イラン、イエメン、東アフリカ、インド洋島嶼と、西アジア・東南アジアを結ぶ歴史的交流を示唆。
- ・ 住家性の小型哺乳類の遺伝解析から、古代～近世のインド太平洋地域の人類の交流史の解明に期待。

概要

北海道大学低温科学研究所の大舘智志助教、同大学大学院情報科学研究院の長田直樹准教授らの研究グループは、ジャコウネズミの全ゲノム及びミトコンドリア DNA 解析により、インド洋から東南アジア、日本列島に至る広域的な移動の歴史を明らかにしました。

ジャコウネズミは、人間の住居や港湾周辺に生息することが多く、人の移動や海上交易に伴って分布域を広げてきた小型哺乳類です。本研究では、東アジア、東南アジア、南アジア、中東、東アフリカ、インド洋島嶼を含む広大な分布域から採集した試料を用い、ミトコンドリア DNA 解析に加え、全ゲノムに基づく解析を行いました。

その結果、日本列島の九州の個体群と琉球列島の個体群が異なる起源を持つことが改めて示されました。また、東南アジア島嶼部や中国南部、日本列島南部の個体群は、東南アジア半島部～中国南部に由来する系統と近縁である一方、アラビア半島や東アフリカ、マダガスカルなどインド洋西部海域の個体群は、インド亜大陸西部に由来する系統と密接な関係を持つことが判明しました。さらに、ミャンマーやスリランカには独自性の高い系統が存在し、それぞれ地域的に長期間隔離された進化史を持つ可能性が示唆されました。

加えて、イエメンとマダガスカル・コモロ諸島との関係、イランと東アフリカ沿岸個体群との近縁性、さらにモーリシャスやレユニオン島における東南アジア系統の存在などから、ジャコウネズミの移動は単一の拡散ではなく、古代から近代に至る複数回の人間活動に伴って、重層的かつ繰り返行われてきたことが示唆されました。

本研究は、小型哺乳類の DNA 情報を用いて、アラビア海から南シナ海、西太平洋へとつながる「インド太平洋海域世界」の形成史や、人類の交易・移住・文化交流の歴史を読み解く新たな手法を提示するものです。

なお、本研究成果は、2026 年 7 月 1 日（水）公開の Zoological Journal of the Linnean Society にオンライン掲載されました。



イラン南西部のジャコウネズミ。イラン南西部と東アフリカ・ザンジバル島の個体群は高い遺伝的近縁性を示した。

【背景】

ジャコウネズミ（正確には *Suncus murinus-montanus* 種群）は、東南アジア、南アジア、中東、東アフリカ、さらに日本列島南部やインド洋島嶼まで広く分布する真無盲腸目トガリネズミ科（モグラの仲間）の小型哺乳類です。人家や港湾周辺、農耕地など人間活動と密接に関わる環境に生息することから、古くから人間の移動や海上交易に伴って非意図的に分布域を広げてきた「人類随伴種」とされています。そのため、ジャコウネズミの遺伝的系統を調べることで、古代から近代に至る人類の交易・移住・文化交流の歴史を推定できる可能性があります。また、ジャコウネズミは病原体の媒介者となることもあり、さらに実験動物化もされており、人間の生活と密接に関わっています。

本研究グループはこれまで、ミトコンドリア DNA 解析に基づき、ジャコウネズミが東シナ海沿岸からインド洋西部海域に至る広大な地域で、人間活動とともに移動・分布拡大してきたことを示してきました。また、日本列島南部の個体群は移入種であり、琉球列島と九州の個体群が異なる地域に由来する可能性も指摘されていました。しかし、従来の研究の多くはミトコンドリア DNA の一部領域を対象とした解析が中心であり、全ゲノム情報を用いた研究は限られていました。さらに、ゲノム解析についても、分布域全体を網羅した比較研究はほとんど行われておらず、東南アジア、南アジア、中東、東アフリカ、インド洋島嶼を含む広域的な系統関係や移動史については十分に解明されていませんでした。特に、アラビア半島や東アフリカ、インド洋島嶼を含むインド洋西部海域の個体群と、東南アジアや日本列島の個体群との関係については不明な点が多く、ジャコウネズミがアラビア海から南シナ海、西太平洋へと広がる広大な海域を、どのような経路で移動・定着してきたのかは明らかではありませんでした。

近年、アラビア海から南シナ海、西太平洋へ至る海上交通路は、「インド太平洋」として国際的にも重要性が再認識されています。しかし、この広大な海域世界が、歴史的にどのような人的交流や交易ネットワークによって形成されてきたのかについては、なお多くの謎が残されています。そこで本研究では、解析範囲を中東、東アフリカ、インド洋島嶼へさらに拡大し、ミトコンドリア DNA 解析に加えて全ゲノム解析を導入することで、人類の海洋活動とともに移動したジャコウネズミの進化史を通じて、「インド太平洋海域世界」の形成過程を明らかにすることを目指しました。

【研究手法】

本研究では、日本列島、東アジア、東南アジア、南アジア、中東、東アフリカ、インド洋島嶼を含む全分布域をほぼカバーする地域から収集したジャコウネズミ（*Suncus murinus-montanus* 種群）の試料を用いて解析を行いました。解析には、ミトコンドリア DNA のチトクロム *b* 遺伝子配列 186 個体分、全ミトコンドリアゲノム及び全ゲノム配列 29 個体分を用いました。これらの試料は、日本、ベトナム、中国、ミャンマー、マレーシア、スリランカ、イエメン、マダガスカルなど、インド太平洋地域各地の研究機関や研究者との国際共同研究体制のもとで収集・解析されました。

ミトコンドリア DNA 解析では、各地域個体群間の系統関係や分岐年代を推定し、母系系統の地理的分布や歴史的な移動経路を検討しました。また、全ゲノム解析では、数百万箇所にあぶ一塩基変異（SNV）^{*1} 情報を用いて、個体群間の遺伝的類似性や混合（交雑）の程度を比較しました。さらに、系統樹解析に加え、系統ネットワーク解析や集団ゲノム解析を行うことで、単純な分岐では説明できない複雑な移動・遺伝子流動の歴史について検討しました。

加えて、各地域集団間の遺伝距離や遺伝子流動の痕跡を統計学的に解析し、日本列島、東南アジア、インド洋西部海域の個体群が、どの地域由来であるかを推定しました。また、ミトコンドリア DNA の分子時計解析に基づき、主要系統間の分岐年代についても推定を行いました。

これらの解析結果を地理分布や歴史的な海上交易ルートと比較することで、ジャコウネズミの移動史と、人類の海洋活動との関連について検討しました。

【研究成果】

ミトコンドリア DNA 及び全ゲノム解析の結果、ジャコウネズミの分布拡大は単純な一方向の拡散ではなく、異なる地域から複数回にわたって行われた重層的かつ飛び石的な移動であったことが明らかになりました（図 1）。

まず、日本列島のジャコウネズミでは、九州由来の個体群と琉球列島の個体群が異なる起源を持つことが改めて示されました。琉球列島や東南アジア島嶼部の個体群は、東南アジア半島部～中国南部に由来する系統と近縁であり、古代以降の東シナ海周辺における人類活動や海上交易に伴って分布を広げた可能性が示唆されました。一方、九州由来の系統は、東南アジア島嶼部との関連が強く、別系統の移入であることが支持されました。

また、インド洋西部海域では、イラン南西部と東アフリカ沿岸（ザンジバル島など）の個体群が高い遺伝的近縁性を示しました。さらに、イエメンとマダガスカル・コモロ諸島の個体群の間にも系統的な関係が認められ、アラビア海から東アフリカ沿岸にかけての歴史的な海上交流との関連が示唆されました。一方で、同じインド洋島嶼でも、モーリシャスやレユニオン島の個体群は、マダガスカルやコモロ諸島とは異なり、東南アジア系統との関係が強いことが分かりました。この結果は、近代以降の東南アジアからの移民や海上交通との関係を反映している可能性があります。

さらに、ミャンマーやスリランカには独自性の高い系統が存在し、一部地域では複数系統の混在や交雑の痕跡も認められました（図 2）。これは、これらの地域が古くから複数の海上・陸上交易ルートの結節点であったことを示唆しています。

全ゲノム解析では、ミトコンドリア DNA だけでは検出できなかった複雑な遺伝子流動の痕跡も明らかになりました。特に、琉球列島や東南アジア島嶼部の個体群では、異なる地域由来の遺伝子成分が混在しており、ジャコウネズミの移動が一度限りではなく、古代から近代に至るまで繰り返行われてきたことが示されました。

以上の結果から、アラビア海、ベンガル湾、南シナ海、東シナ海を含む「インド太平洋海域世界」では、想像以上に広域かつ複雑な人類の交流ネットワークが形成されていたことが示唆されました。また、小型哺乳類のゲノム情報が、人類史や海洋交易史を読み解く新たな手掛かりとなることが示されました。

【今後への期待】

本研究により、ジャコウネズミのような人類随伴性の小型哺乳類のゲノム情報を解析することで、古代から近代に至る人類の海上交易や移住、文化交流の文献史料に残されていない歴史を復元できる可能性が示されました。特に、アラビア海から南シナ海、西太平洋に至る「インド太平洋海域世界」が、単一の交易圏ではなく、複数の地域間交流が重層的に積み重なることで形成されてきたことが示唆されました。

今後さらに、インド亜大陸やアラビア半島、東アフリカ沿岸など未解析地域の試料を追加し、全ゲノム解析を進めることで、人類の移動や交易ネットワークの変遷について、より高精度な復元が可能になると期待されます。また、歴史学、人類学、考古学、感染症学などとの学際的研究を進めることで、人類の交流史や疾病伝播史の理解にも貢献することが期待されます。

さらに、本研究は、動物の移動史が人類社会の歴史を記録していることを示すものであり、生物多様性研究と人文・社会科学との新たな融合研究の発展につながることを期待されます。

【謝辞】

本研究の一部は JSPS 科研費 JP25304009（研究代表者：大舘智志）、JP23H04846（研究代表者：長田直樹）、JP18H05508（研究代表者：鈴木 仁）の助成を受けたものです。

論文情報

論文名	Genomic structure and biogeographic history of the Asian house shrew, <i>Suncus murinus-montanus</i> species complex (Eulipotyphla, Soricidae), reveal multiple dispersal events across southern Asia and the Indian Ocean region (ジャコウネズミ <i>Suncus murinus-montanus</i> 種群 (真無盲腸目・トガリネズミ科) のゲノム構造と生物地理学的歴史：南アジア及びインド洋地域における複数回の分散イベントの解明)
著者名	鳥巢捷斗 ¹ 、鈴木 仁 ¹ 、藤原一道 ² 、新井 智 ³ 、Saw Bawm ⁴ 、Chandika D. Gamage ⁵ 、本川雅治 ⁶ 、Abdul Karim Nasher ⁷ 、Hasmahzaiti Omar ⁸ 、Marie Claudine Ranoroa ⁹ 、Nguyen Trung Son ¹⁰ 、Thida Lay Thwe ¹¹ 、Yi Wu ¹² 、山縣高宏 ¹³ 、長田直樹 ^{14*} 、大舘智志 ^{1,15*} (¹ 北海道大学大学院環境科学院、 ² 国立遺伝学研究所マウスゲノムリソース研究室、 ³ 国立健康危機管理研究機構 国立感染症研究所、 ⁴ Department of Livestock and Aquaculture Research (ミャンマー)、 ⁵ Faculty of Medicine, University of Peradeniya (スリランカ) / Louisiana State University (米国)、 ⁶ 京都大学総合博物館、 ⁷ UNEP-GEF/EPA/SGN-Socotra Program (イエメン)、 ⁸ Universiti Malaya (マレーシア)、 ⁹ Université d'Antananarivo (マダガスカル)、 ¹⁰ Vietnam Academy of Science and Technology/Graduate University of Science and Technology (ベトナム)、 ¹¹ Yangon University of Distance Education (ミャンマー)、 ¹² 広州大学生命科学学院 (中国)、 ¹³ 名古屋大学大学院生命農学研究科、 ¹⁴ 北海道大学大学院情報科学研究院、 ¹⁵ 北海道大学低温科学研究所) * 責任著者
雑誌名	Zoological Journal of the Linnean Society (英国リンネ協会が刊行する動物分類学・進化学分野の国際学術誌)
D O I	10.1093/zoolinnea/zlag101
公表日	2026 年 7 月 1 日 (水) (オンライン公開)

お問い合わせ先

北海道大学低温科学研究所 助教 大舘智志 (おおだちさとし)

T E L 011-706-5463 F A X 011-706-7142 メール ohd@lowtem.hokudai.ac.jp

U R L <https://researchmap.jp/OhdachiSatoshi>

北海道大学大学院情報科学研究院 准教授 長田直樹 (おさだなおき)

T E L 011-706-7332 メール nosada@ist.hokudai.ac.jp

U R L <https://sites.google.com/view/nosada17/>

配信元

北海道大学社会共創部広報課 (〒060-0808 札幌市北区北 8 条西 5 丁目)

T E L 011-706-2610 F A X 011-706-2092 メール jp-press@general.hokudai.ac.jp

【参考図】

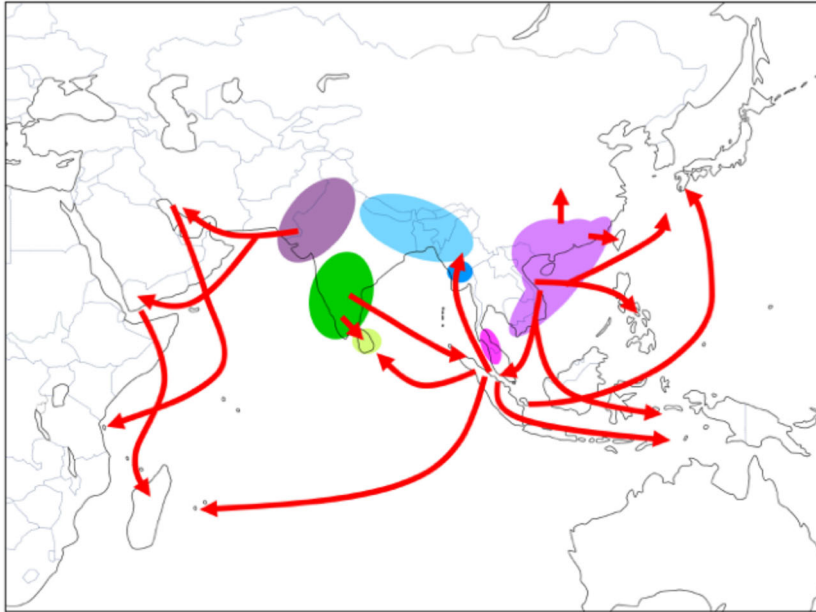


図 1. ミトコンドリア配列による移動の推定。着色した地域は推定される原産地、推定される人為的移動ルートの一例を示す。

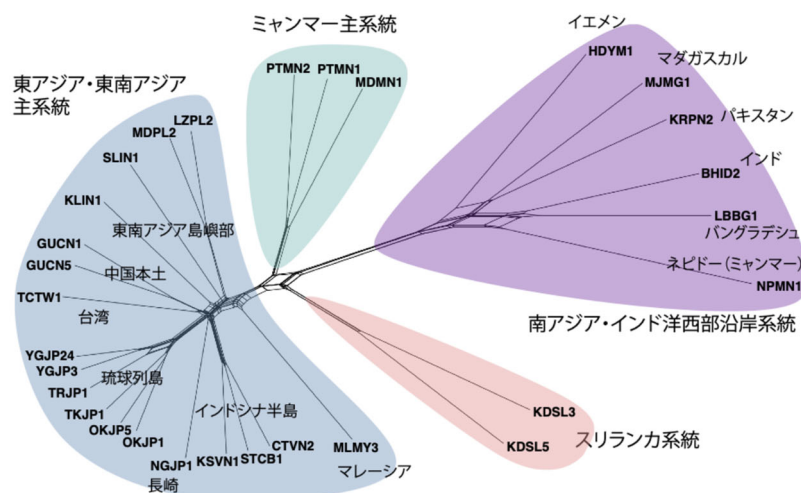


図 2. 全ゲノム情報による系統関係

【用語解説】

*1 一塩基変異 (SNV) … DNA 配列を構成する文字 (塩基) のうち、1 か所だけ異なる変異。個体や集団間の遺伝的な違いや近縁性を調べる指標として広く用いられる。