

2011 年の大津波によって生じた種間交雑から種の境界を維持する仕組みを解明 —9 年にわたるゲノム追跡で、異種ゲノムが排除される過程を捉える—

ポイント

- ・2011 年の東北地方太平洋沖地震と津波によって生じた岩手県大槌町中心部の淡水湿地内で、淡水型のイトヨと海洋性のニホンイトヨ^{※1}という近縁な魚類が交雑し、新たな交雑集団が生じました。
- ・この交雑集団を 9 年間にわたりゲノム解析した結果、ニホンイトヨ由来のゲノム領域の大部分が 10 世代以内に急速に排除され、集団のゲノムがほぼイトヨのゲノム構成になる過程を捉えました。
- ・既知の配偶行動や雑種雄の不妊に加え、新たに淡水での生存、海への移動(回遊)を決める主要な生殖隔離^{※2} 遺伝子座を同定しました。これら遺伝子座ではニホンイトヨ由来のゲノム領域が、他のゲノム領域よりも速く排除されており、種の境界の維持にこれら隔離機構が重要な役割を果たしていることがわかりました。
- ・主要な遺伝子座に加え、多数の遺伝子がわずかつ影響を及ぼす遺伝的不適合^{※3} がゲノム全体の排除に重要と示唆されました。
- ・自然集団で交雑直後から長期間追跡し、種の境界が維持される遺伝的仕組みを実時間で明らかにした世界でも例の少ない研究です。

■ 概要

現在、地球上に存在する多様な種は、種分化を繰り返すことで生み出されてきました。異なる集団の間に遺伝子の交換を妨げる仕組み(生殖隔離)が蓄積すると、やがて別の種になります。生殖隔離が完全でない場合には、環境変化によって交雑が生じますが、たとえ交雑したとしても異種のゲノムが排除されれば種の境界は維持されます。しかし、交雑後に異種由来のゲノム領域がどのように排除され、どのような生殖隔離によって種の境界が維持されるのかは、これまでよく分かっていませんでした。

2011 年の東日本大震災による津波は、生物の生息環境を大きく変えました。岩手県大槌町の中心部は、10 m を超える津波に襲われました。津波は淡水性魚類のイトヨと海洋性魚類のニホンイトヨを町の中心部へと運んだと考えられています。津波直後、町の中心部は淡水性の湿地へと変貌する中で、ニホンイトヨとイトヨは接触し、異種間交雑が起こりました。

国立遺伝学研究所(遺伝研)、北海道大学、岐阜協立大学、京都大学、石巻専修大学、名古屋大学、慶應義塾大学、東京大学、東京海洋大学などからなる研究グループは、この交雑集団を 9 年間追跡しました。その結果、2012 年には採集個体の 38% が雑種で、ニホンイトヨ由来のゲノム領域が集団中に存在していました。その後、ニホンイトヨ由来のゲノム領域は 10 世代の間にゲノム全体から急速に減少し、2020 年までに集団のゲノム構成はほぼイトヨになったことを明らかにしました。また、淡水への適応、海への移動、配偶相手の選択、雑種雄の不妊に関わる主要な生殖隔離遺伝子座に加え、ゲノム各所に存在する多数の遺伝子がわずかつ影響を及ぼす遺伝的不適合も、この急速な変化に寄与した可能性が示されました。

本研究は、自然集団で交雑直後から 10 世代にわたるゲノム変化を追跡し、種の境界がどのように維持されるのかを実時間で明らかにした世界でも例の少ない研究です。

津波後に形成された湧水池



津波後に発見された集団



震災によって種間交雑が誘導された

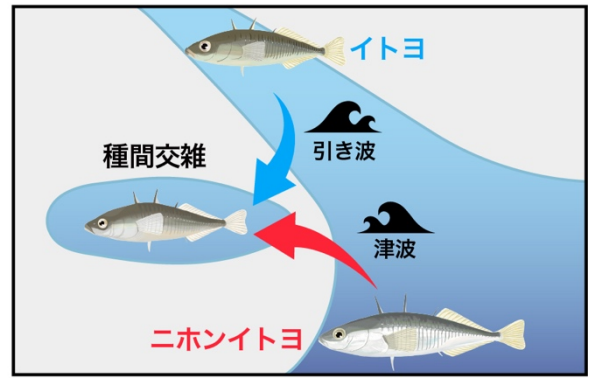


図 1. 2011 年の東日本大震災によって形成された湧水池と交雑集団 左:2011 年の東日本大震災に伴う津波と地盤沈下によって岩手県大槌町に形成された湧水池(撮影:森誠一)。中央:この池で発見されたイトヨとニホンイトヨの交雑集団(撮影:細木拓也)。右:津波によって海洋性のニホンイトヨが、引き波によって河川上流の淡水性のイトヨが湧水池へ運ばれ、両種が接触し、異種間交雑が生じたと考えられる模式図(イラスト:木下ちひろ)

■ 成果掲載誌

本研究成果は、国際科学雑誌「Nature Ecology & Evolution」に 2026 年 9 月 25 日に掲載されました。

論文タイトル

英語:

Rapid genome-wide purging following tsunami-induced hybridization in a stickleback population

日本語:

津波によって引き起こされたイトヨ集団の異種間交雑後に生じたゲノム全体での急速な異種ゲノムの排除

著者: Takuya K. Hosoki*, Seiichi Mori, Kotaro Kagawa, Shotaro Nishida, Manabu Kume, Atsushi J. Nagano, Hiyu Kanbe, Ryo Kakioka, Kenta Nakamoto, Yuki Iino, Masafumi Kodama, Satoki Oba, Taekyoung Seong, Naoki Kabeya, Asano Ishikawa, Kohta Yoshida, Yo Y. Yamasaki, Jun Kitano*

DOI:10.1038/s41559-026-03184-1

■ 研究の詳細

研究の背景

現在、地球上に存在する多様な種は、種分化を繰り返すことで生み出されてきました。異なる集団の間に遺伝子の交換を妨げる仕組み(生殖隔離)が蓄積すると、やがて両者は別種へと分化します。しかし、生殖隔離が完全でない種同士は、環境変化によって分布が重なったり生息環境が乱されたりすると交雑することがあります。交雑によって一方の種の遺伝情報が他方へ入り込む現象は「遺伝子浸透(イントログレーション)※⁴」と呼ばれます。実際に、私たち現生人類でも、過去にネアンデルタール人やデニソワ人との交雑によって遺伝子浸透が起こったことが知られています。広範な遺伝子浸透が起きても二つの種が融合せずに維持されるためには、異種由来のゲノム領域の大部分が選択的に排除される仕組みが必要です。

過去の交雑の痕跡について、現在のゲノムから推定した研究は多数ありますが、自然集団で交雑が始まった直後から世代ごとの変化を追跡した例は極めて限られています。そのため、異種由来のゲノム領域がどのような速さで減少し、どのような生殖隔離機構が交雑初期における異種ゲノムの排除※⁵に寄与するのかは十分に分かっていませんでした。

岩手県大槌町の中心部は、2011 年 3 月 11 日の東北地方太平洋沖地震に伴う津波と地盤沈下に加え、古くから生活を支えてきた自噴湧水によって、淡水湿地化しました。淡水湿地は集団移転に伴い残され、町は追悼・鎮魂・自然と親しむ場として維持しています。

研究グループは 2012 年、この新しい環境で淡水性のイトヨ(*Gasterosteus aculeatus*)と海洋性・遡河回遊性のニホンイトヨ(*Gasterosteus nipponicus*)の雑種集団を発見しました。津波が海洋性のニホンイトヨを町の中心部へと押し上げ、また引き波が河川上流側から淡水性のイトヨを中心部へ運んだことで両種が接触し、異種間交雑が起こったものと考えられています。津波前年には、この地域で両種の雑種は確認されていませんでしたので、この種間交雑は震災によって引き起こされたものと考えられました。

研究の成果

1. 交雑集団を9年間継続してゲノム追跡

研究グループは2012年から2020年まで、津波によって形成された生息地の個体を継続的に採集し、RAD-seq法^{※6}を用いて両種に由来するゲノム領域の割合を調べました。2012年には採集個体の38%が雑種であり、イトヨへの第一世代戻し交雑個体と、雑種同士の第二世代個体が多数含まれていました。しかし、その後の雑種の多くは戻し交雑個体が占め、ニホンイトヨ由来の対立遺伝子は急速に減少し、2020年には集団はほぼイトヨのゲノム構成となりました。この集団の世代時間は約1年であるため、ニホンイトヨ由来のゲノム領域の大部分は10世代以内に排除されたことになります。

2. ランダムな遺伝的浮動だけでは説明できない急速な減少

研究グループは、この変化が偶然の遺伝的浮動だけで説明できるかをシミュレーションで検証しました。その結果、実際に観察されたニホンイトヨ由来ゲノムの減少は、中立モデルの予測を上回り、偶然だけでは説明できないことが分かりました。

3. 生殖隔離に関わる領域が初期に強い障壁として作用

両種の間には、淡水環境への適応、海へ移動(回遊)するか淡水に残るかの行動的な違い、配偶相手の選択、雑種雄の不妊など、複数の生殖隔離機構があります。野外生態実験の結果、ニホンイトヨはイトヨより淡水環境での生存率が低く、雑種は中間的な生存率を示すことがわかりました。また、回遊行動実験の結果、ニホンイトヨはイトヨより海側へ移動しやすく、雑種は中間的であることがわかりました。さらに、遺伝解析によってこれらの形質に関わる遺伝子座を特定しました。これら生殖隔離に関わる遺伝子座では、他のゲノム領域よりもニホンイトヨ由来のゲノム領域が速く減少していることから、これらの生殖隔離が異種ゲノムの排除に寄与したことが示唆されました。特にX染色体には、淡水環境への適応や海へ移動する行動に加えて、配偶行動や雑種雄不妊に関わる生殖隔離遺伝子座も存在しており、遺伝子浸透への強い障壁として働いたと考えられます。

4. 少数の主要遺伝子だけでなく、多数の弱い遺伝的不適合も種の境界維持に関与する可能性

上記の主要な生殖隔離遺伝子座では、最初の数世代でニホンイトヨ由来のゲノム領域が急速に減少しました。しかしその後も、常染色体を含むゲノムの広い範囲でニホンイトヨ由来の対立遺伝子の減少が続き、10世代後にはゲノムの殆どの領域がイトヨのゲノム構成になりました。シミュレーションを行ったところ、少数の主要な生殖隔離遺伝子座だけを仮定しても、10世代後に観察されたゲノム全体での異種ゲノムの排除は再現できませんでした。一方、ゲノム上に弱い効果のドブジャンスキー・マラー遺伝的不適合が多数存在する仮定を組み込むと、観察されたパターンをよりよく再現できました。この結果は、種の境界は少数の強い生殖隔離遺伝子座だけでなく、多数の弱い遺伝的不適合によっても維持されている可能性を示しています。

研究の意義

本研究の特徴は、自然集団において交雑直後から10世代にわたるゲノム変化を追跡した点にあります。過去の交雑を後から推定するのではなく、異種由来のゲノム領域が減少する過程を時間軸に沿って直接観察しました。その結果、最初期に主要な生殖隔離遺伝子座が強く選択され、その後にゲノム全体で異種由来のゲノム領域が減少するという段階的な過程が世界で初めて示されました。この成果は、大規模な交雑が起きても二つの種が融合せず、種の境界が維持される仕組みを理解する上で重要な知見となります。

今後の期待

気候変動や人間活動に伴う生息環境の変化によって、これまで接触しなかった生物集団が交雑する機会は今後さらに増えると考えられます。本研究では、少数の強い生殖隔離遺伝子座と多数の弱い遺伝的不適合が組み合わさることで、交雑後も種の境界が維持される仕組みが明らかにされました。今後は、この仕組みが他の生物群でも共通しているのか、また、生殖隔離機構の違いが交雑後の種の融合や境界維持にどのような影響を与えるのかを明らかにすることで、環境変動下における生物多様性の維持についての理解と予測がさらに深まることが期待されます。

さいごに

本研究の対象となった東日本大震災で犠牲となられた方々に哀悼の意を表するとともに、被災された皆様に心よりお見舞い申し上げます。本研究が、自然災害が生物多様性や生態系に及ぼす影響についての理解を深める一助となることを願っています。

交雑集団は10世代でほぼイトヨのゲノム構成になった

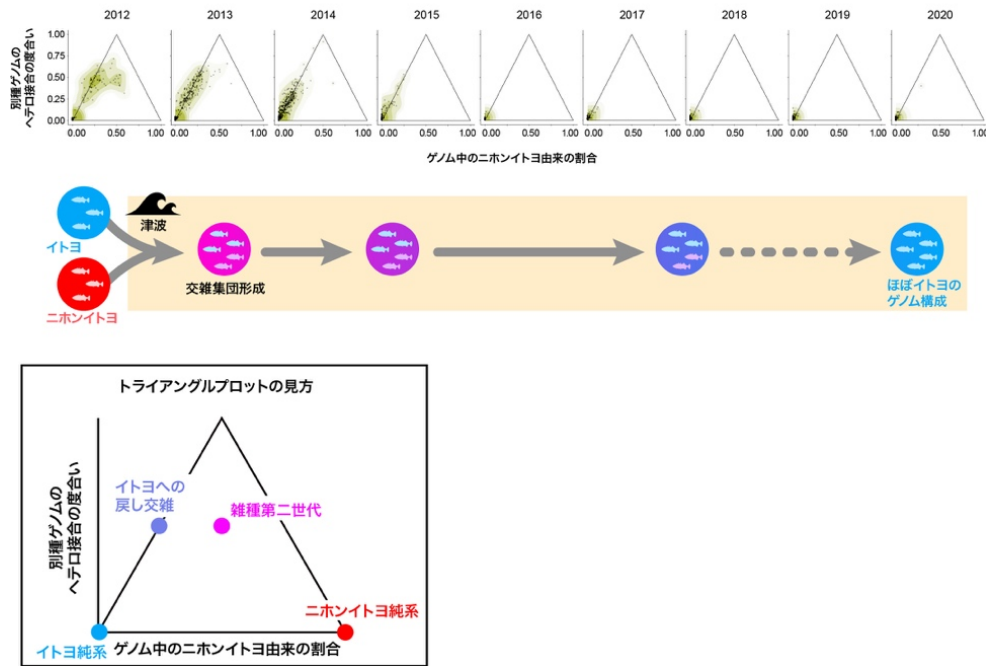


図 2. 交雑集団におけるゲノム構成の変化 上段は 2012～2020 年に採集した個体のゲノム構成を示したトライアングルプロットで、各点は 1 個体を表す。2012 年には雑種やイトヨへの戻し交雑個体が多数存在したが、その後ニホンイトヨ由来のゲノム領域は急速に減少し、10 世代後には集団はほぼイトヨのゲノム構成となった。中段は交雑集団のゲノム構成の変化を模式的に示したもの(イラスト:木下ちひろ)。下段はトライアングルプロットの見方を示している。

■ 用語解説

- (1) イトヨとニホンイトヨ: 約 68 万年前に分岐したトゲウオ科イトヨ属の近縁種。イトヨは海にも淡水にも生息しているが、ニホンイトヨは海洋性か遡河回遊性(繁殖期に淡水・汽水域に遡上してくる)に限られる。
- (2) 生殖隔離: 異なる集団や種の間で、遺伝子の交換を妨げるような遺伝的に規定された仕組み。この仕組みが進化する過程を種分化という。
- (3) 遺伝的不適合(ドブジャンスキー・マラー不適合): それぞれの種の中では正常に働く2つ以上の遺伝子が、雑種のゲノム内で新たに組み合わせることで、雑種の生存率や繁殖能力などの適応度を低下させる遺伝的相互作用。
- (4) 遺伝子浸透(イントログレッション): 交雑とその後の戻し交雑を通じて、一方の集団の対立遺伝子が他方の集団のゲノムへ入り込むこと。
- (5) 異種ゲノムの排除: 交雑によって集団内に入った異種由来の対立遺伝子やゲノム領域が、世代を経るにつれて減少・排除されること。
- (6) RAD-seq: 全ゲノム上から満遍なく DNA 配列の多型情報を得るために、特定の制限酵素の認識部位の周囲のみを濃縮して次世代シーケンサーで解読する方法。

■ 研究体制と支援

本研究は、日本学術振興会科研費・地域中核・特色ある研究大学強化促進事業、JST CREST、環境省環境研究総合推進費、国立遺伝学研究所 NIG-JOINT、東京大学大気海洋研究所共同利用・共同研究拠点、日本河川財団河川基金、公益財団法人日本科学協会笹川科学研究助成、岩手県「アクションプラン」事業、旭硝子財団の支援を受けて実施されました。

■ 問い合わせ先

<研究に関すること>

- 情報・システム研究機構 国立遺伝学研究所 生態遺伝学研究室 教授 北野 潤

メール: jkitano@nig.ac.jp

<報道担当>

- 情報・システム研究機構 国立遺伝学研究所 広報室

メール: prkoho@nig.ac.jp