

ジャコウネズミは日本列島へ複数回移入された

～隠された人の往来史の解明へ期待～

ポイント

- ・ 琉球列島や長崎に生息する住家棲ジャコウネズミの由来の推定に成功。
- ・ 遺伝子情報に基づくジャコウネズミの分子系統や集団の歴史を解明。
- ・ 文書に書かれていない日本列島南部の人の往来史の解明の進展に期待。

概要

北海道大学低温科学研究所の大舘智志助教らの研究グループは、ジャコウネズミの移動の歴史を遺伝情報に基づき調査しました。

ジャコウネズミはいわゆるネズミ類（齧歯目）とは異なり、モグラなどの仲間（真無盲腸目）であるトガリネズミ科に属しています。日本列島では琉球列島に生息し、かつては九州にも生息していました（近年絶滅）。ジャコウネズミは、元々は東南アジア大陸部や南アジアが原産地とされていますが、先史時代以降、人の移動に伴って分布域を広げ、現在では琉球列島、東南アジア島嶼部やインド洋の沿岸や島嶼部、アフリカ東岸部まで分布しています。しかしその詳細な移動ルートや移動時期については不明でした。今回、研究グループは、全ゲノムやミトコンドリア遺伝子配列の情報に基づいて、各地域の個体群の分岐年代や遺伝的多様性、交雑の可能性について検証しました。その結果、琉球列島に生息する個体群はベトナムや中国南部などの東南アジア方面の個体と密接な関係にあることが判明しました。また、ミトコンドリア遺伝子の系統に基づく推測から、琉球列島への渡来は約 3,000 年前である可能性が示唆されました。これはちょうどオーストロネシア系の文化が南琉球に現れたとされる時期と一致します。この時期に琉球列島で船による人の移動や交易が行われていたことを示唆するこの発見は、琉球列島の人類史において興味深い知見です。さらに、全ゲノム解析により、琉球列島の個体群が台湾やベトナムの個体群と交雑している可能性が示唆され、初回の移入後に何度かのさらなる移入が行われたことが予想されます。一方、長崎に生息していた個体群はマレーシアやミャンマー南部の個体群と近縁性が認められ、16 世紀以降の九州を拠点とした海洋貿易による移入の関与が考えられます。

ジャコウネズミのゲノム学的研究は、人類の歴史や文化、海洋貿易に関する新しい見方を提供し、アジアからアフリカや中近東までの広範な地域における文化や疾病の伝搬に関する理解を深める上で重要な情報源となることが示されました。

なお、本研究成果は、2024 年 1 月 30 日（火）公開の Zoological Science 誌にオンライン掲載されました。



日本では琉球列島に生息するジャコウネズミ。ネズミの仲間ではなくモグラの仲間である。

【背景】

ジャコウネズミ（正確には *Suncus murinus*-*S. montanus* 種群）は真無盲腸目に属する小型哺乳動物で、東南アジアや南アジア、そしてインド洋の沿岸や島嶼に広く分布し、人間活動に帯同して移動することが知られています。つまり、ジャコウネズミ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。日本列島では現在、徳之島以南の琉球列島に生息し、リュウキュウジャコウネズミ（*S. m. temmincki*ないし *S. m. riukiuanus*）という亜種とされています。また数十年前までは、九州の長崎や五島列島、鹿児島県南部などに生息が確認されていましたが、現在は長崎由来のジャコウネズミが実験動物として存続しているだけで、九州からは絶滅したと考えられています。江戸時代の古文書によれば、九州へはインドネシアのジャワ島や琉球（沖縄）から貿易船によって運ばれて来たと考えられていました。

これら琉球列島のジャコウネズミの起源については、大舘助教らの先行研究により移入種であることが示唆されていましたが、その起源などについての詳細は不明でした。したがって、人の移動などの日本の歴史を知るためにもジャコウネズミのより細かな起源についての研究が望まれていました。

【研究手法】

インドを除く分布域全体の 51 地点（日本、台湾、中国南部、東南アジア、スリランカ、ネパール、パキスタン、イラン、イエメン、レユニオン島、グラン・コモロ島、マダガスカル、タンザニア）からジャコウネズミの検体や遺伝情報を集めました。ミトコンドリアのチトクロム *b* 遺伝子配列は 186 個体分、ミトコンドリアの全配列と全ゲノムの分析にはこれらのうちの 9 個体分を分析しました（図 1）。このうち、日本からは沖縄本島、徳之島（鹿児島県）、多良間島、宮古島（宮古列島）、与那国島（八重山列島）と長崎由来の実験用個体を分析しました。そして、ミトコンドリア遺伝子配列や全ゲノムの SNV（一塩基変異）の情報に基づいて各地域や個体間の系統関係を明らかにし、さらに交雑や遺伝的多様性について調べました。また各系統間の分岐年代を、分子時計*1の原理に基づいて推定しました。

【研究成果】

ミトコンドリア遺伝子配列の系統解析によると、琉球列島のジャコウネズミはベトナムや中国南部の個体群と近縁ないし同じハプロタイプ*2を持っていました。一方、長崎のジャコウネズミはマレーシアやミャンマー南部などと近縁であることが分かりました。つまり、琉球列島へはベトナムや中国南部から、長崎にはマレーシアないしミャンマー南部から移入されたと推察され、別々のルートで日本列島に移入されたと分かりました。そして分子時計の原理に基づいて分岐年代を推定すると、約 3,000 年前に琉球列島に到達したと考えられます。この時期は琉球列島南部にオーストロネシア系の文化が現れたとされる年代と符合しました。さらに全ゲノム配列の集団ゲノム解析（ f_4 統計値）によると、沖縄島のジャコウネズミはベトナムからの遺伝子移入があることが分かり、また与那国島のジャコウネズミも台湾からの遺伝子移入があることが推定されました。

このことから、琉球列島には約 3,000 年前と推測される最初の移入から、何度も他の地域から移入が繰り返されたことが示唆されました。また、リュウキュウジャコウネズミの亜種名については、移入種や交雑が起きていることから、設定すべきではないと考えます。

【今後への期待】

本研究により、ジャコウネズミは九州と琉球列島に別のルートで移入されたことが判明しました。また、琉球列島の個体群に他の個体群からの遺伝子流入の痕跡が見つかったことで、何度もジャコウネズミの移入が繰り返されていることが示唆されました。特に、今回の研究では琉球列島への最初のジャコウネズミの移入は約 3,000 年前と推察され、この時期に琉球列島への人や文化の移動があったことを示唆する結果となりました。このように人に帯同して移動するジャコウネズミの移動の歴史を推定することにより、人の移動の歴史を推察することが可能となります。今後は、ジャコウネズミの琉球列島への最初の移入の後、さらなる移入がいつ頃、どこから起きたのかを調べることにより、人の交流の歴史が紐解かれていくと期待されます。

論文情報

論文名 Phylogenetics and population genetics of the Asian house shrew *Suncus murinus*-*S. montanus* species complex, inferred from whole-genome and mitochondrial DNA sequences, with special reference to the Ryukyu Archipelago, Japan (全ゲノム及びミトコンドリア DNA 配列により推察されるジャコウネズミの系統と集団遺伝：特に琉球列島に注目して)

著者名 大館智志¹、藤原一道²、チャンドラ・シェハール²、グエン・チュルン・ソン³、鈴木 仁⁴、長田直樹⁵ (¹北海道大学低温科学研究所、²北海道大学大学院情報科学院 (当時)、³ベトナム科学・技術アカデミー生態学・生物資源研究所、⁴北海道大学名誉教授 (同大学大学院地球環境科学研究院 (当時))、⁵北海道大学大学院情報科学研究院)

雑誌名 Zoological Science (日本動物学会発行の動物学の専門誌)

D O I 10.2108/zs230030

公表日 2024 年 1 月 30 日 (火) (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 大館智志 (おおだちさとし)

T E L 011-706-7474 F A X 011-706-7142

メール ohd@lowtem.hokudai.ac.jp、shrewman82@gmail.com

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

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】

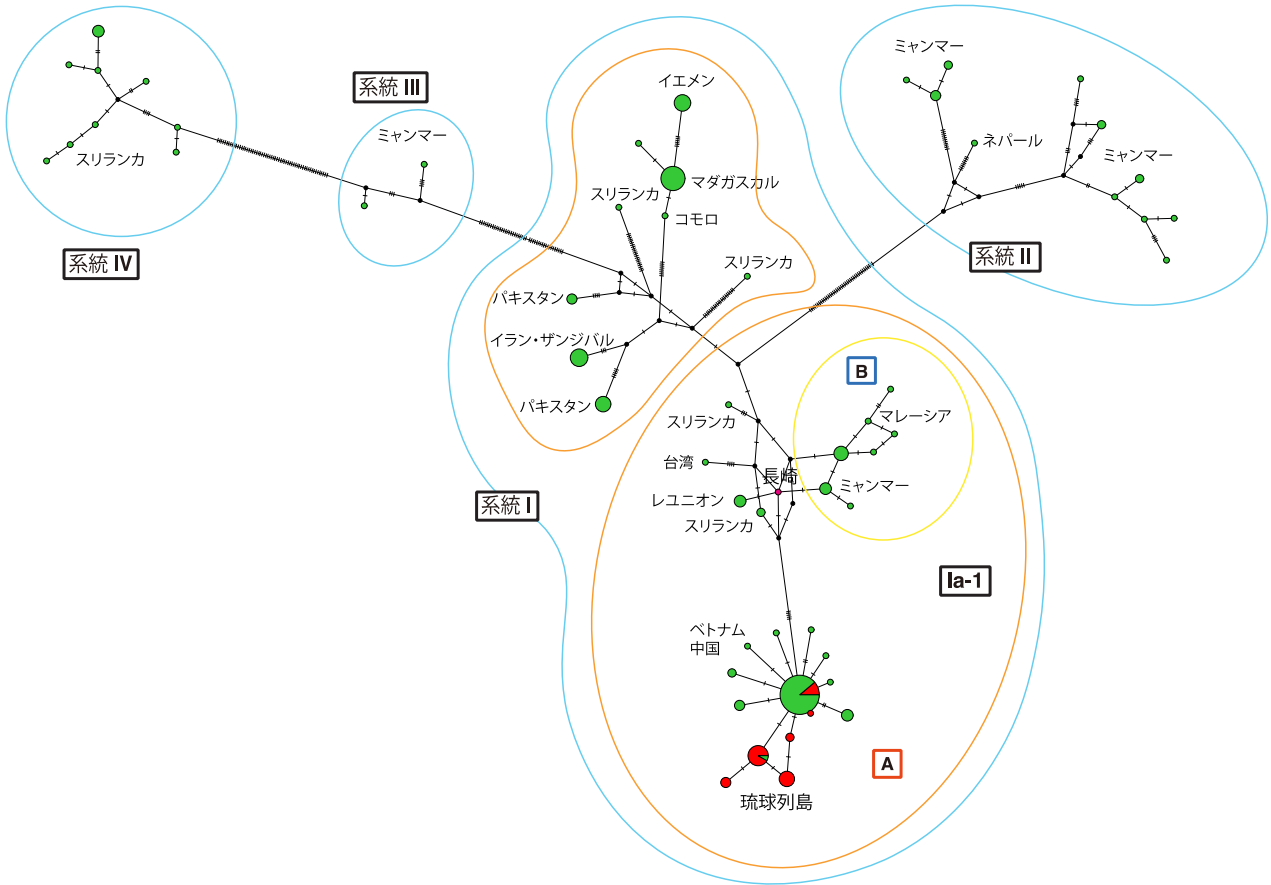


図 1. ミトコンドリア・チトクロム *b* 遺伝子配列に基づく系統ネットワーク図。赤色が琉球列島と長崎の個体。

【用語解説】

- *1 分子時計 … 遺伝子配列が時間に比例して変化していくこと。
- *2 ハプロタイプ … 母系遺伝するミトコンドリア遺伝子のタイプのこと。