



平成 30 年 11 月 30 日

ゲノム解析から明らかになった日本列島メダカの 2 つの旅路 — “出・北部九州ルート” と “出・但馬丹後ルート” —

◆発表のポイント

- ・日本列島内のメダカの拡散ルートが、染色体ゲノムを調べることで明らかになりました。
- ・特に北日本メダカは但馬丹後地方を起源とすることを発見しました。
- ・さまざまな実験手法が確立しているメダカの進化史がわかってきたことで、今後はどのような遺伝子が環境適応に重要だったのか議論することができるようになりました。

岡山大学大学院自然科学研究科の勝村啓史研究員（学振 PD）と東京大学大学院新領域創成科学研究科の三谷啓志教授ら、北里大学医学部の研究グループは、メダカ野生集団の網羅的ゲノム配列情報を用いて、その移動史を明らかにしました。

これらの研究成果は 11 月 27 日、アメリカ遺伝学会が発行するオープンアクセスジャーナル「G3: Genes, Genomes, Genetics」の Early Online で公開されました

これまで日本列島のメダカの移動史については、ごく一部の遺伝情報を使った研究しか行われてきませんでした。今回初めて、ゲノム全体を調べる方法によってメダカの移動史を明らかにしました。

日本列島に住むメダカは大きく南日本メダカと北日本メダカの 2 つのグループに分けられると考えられています。南日本メダカは、これまでの研究から北部九州を起源として広がったことが推定されてきましたが、北日本メダカの起源はほとんど分かっていませんでした。ゲノムを網羅的に解析した今回の結果は、南日本メダカの北部九州起源を強く支持し、さらに南と北のハイブリッド（混血）が住む地域と考えられてきた但馬・丹後地方が北日本メダカの故郷であることを示しました。

メダカは 100 年以上も前から実験動物として用いられてきたため、さまざまな実験手法が確立されています。本研究成果により、環境適応と遺伝子機能の変化の評価に応用できるユニークなモデル生物としてメダカが再評価されるものと期待されます。

◆研究者からのひとこと

ペットとして人気のメダカですが、その進化について目を向けてみるきっかけになるとうれしいです。四季に応じてさまざまに変化する環境に適応しながら、長い時間をかけてメダカは日本の隅々に広がりました。現在では、生息環境の悪化からその数を減らしています。メダカが適応してきた環境を復元することが、個体数回復の一步となると思います。



勝村研究員



PRESS RELEASE

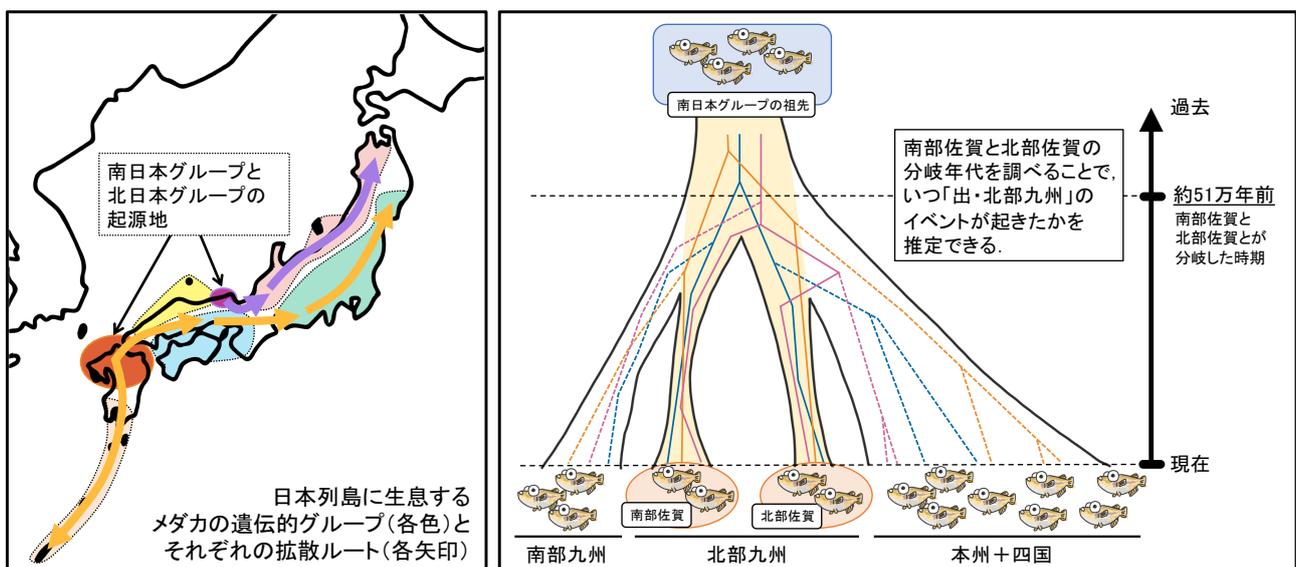
■発表内容

<現状>

日本列島に生息するメダカは主に太平洋側に生息する南日本グループと日本海側の北日本グループに分けられます（注1）。しかしながら、ゲノムの観点からこの2つのグループの遺伝的な関係やそれぞれがどのように生息域を広げてきたかについては、ほとんど調べられてきませんでした。また、京都・兵庫の北部である但馬・丹後地方には、それら2つのグループが交雑によって成立したハイブリッド集団がいるとされていましたが、その形成史についてはほとんど不明でした。

<研究成果の内容>

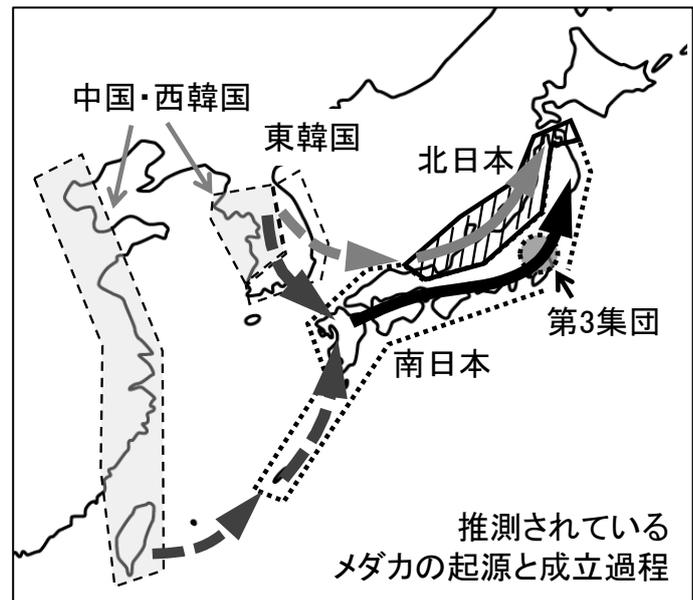
今回、東京大学で35年以上維持されている全国の野生メダカ系統維持群と佐賀県で採取した野生メダカ集団の染色体ゲノムを網羅的に調べ、近年目まぐるしく発展するヒトゲノム解析法をメダカに適用することで、初めて染色体ゲノムレベルでのメダカの集団構造を推定しました。その結果、日本列島のメダカは、生息域の違いによる遺伝的分化から、7つのグループに分けられることがわかりました。この7つのうち5つが、これまで南日本グループと呼ばれてきたグループに属し、北部九州を“故郷（起源である場所）”として、南は沖縄、北は岩手まで広がったことが示されました。これはミトコンドリアゲノム解析から勝村ら（2012）が、ヒトの起源を示す「出アフリカ」説になぞらえて提唱した「出・北部九州」仮説を強く支持します。そして、その起源の中心地と推定される佐賀県メダカの2集団を解析した結果、約50万年前に九州集団から本州集団が分かれて東日本へ拡散したことが示唆されました。一方、これまで南日本グループと北日本グループの交雑により誕生したと言われていたハイブリッド集団は、実は北日本グループの始祖集団である可能性が高いことが、統計学的に示されました。その故郷が不明であった北日本グループのメダカですが、今回のゲノム解析の結果は、但馬・丹後地方（京都・兵庫の北部）を起源とし青森まで広がったメダカ集団であったと結論づけました。



PRESS RELEASE

＜社会的な意義＞

本州から沖縄まで住んでいるメダカは、さまざまな環境に適応した生物で、環境適応に関連する遺伝子を調べるのに好材料と言えます。メダカは実験動物として歴史が古いですが、これまでどのように日本列島に広がってきたのか不明なままだったので、環境適応と遺伝子の変化との関連を調べるには、それが障壁となっていました。少し難しい言い方をすると、「ゲノムワイド関連解析には集団の遺伝的構造の情報が必要だけれど、それがなかった」ということになります。しかし、今回の成果によって、その必要な情報が手に入りました。つまり、環境適応と遺伝子進化との関係を探るための土台ができてきたといえます。



四季折々にダイナミックに変化する気候を示す日本列島で、さまざまな環境適応を果たしてきたと考えられるメダカには、ゲノム編集技術などの最先端の技術も整備されています。本研究の知見を得たメダカは、生物がこれまでにどのように環境変化に適応し、これからどのように進化・適応していくか、その理論・法則の発見に貢献する実験的検証可能なモデル生物になることが期待されます。

さらに今回は、北日本グループでも南日本グループでもない第3集団のミトコンドリアゲノム全配列を解読しました。この第3集団の配列は関東地方でしか見られませんが、その実態は全く不明です。現在の南日本グループに置き換わったか、もしくは遺伝的に吸収されたと考えられます。このような過程はヒト集団の進化史でもみられます。今後メダカの進化史を調べることで、ヒト集団の進化史を解くヒントを与えてくれるかもしれません。

■論文情報

論文名：Medaka population genome structure and demographic history described via genotyping-by-sequencing

掲載紙：G3: Genes, Genomes, Genetics

著者：Takafumi Katsumura, Shoji Oda, Hiroshi Mitani, Hiroki Oota

DOI：10.1534/g3.118.200779

URL：http://www.g3journal.org/content/early/2018/11/26/g3.118.200779

■研究資金

本研究は、下記の支援を受けて実施しました。

- 日本学術振興会（JSPS）科学研究費補助金 若手研究（B）16K21352 研究代表者：勝村啓史
- JSPS 科学研究費補助金 特別研究員奨励費 16J07227 研究代表者：勝村啓史



PRESS RELEASE

■補足・用語説明

注1：メダカの2種問題

形態的な違いや分岐年代の深さから、南日本グループと北日本グループは、それぞれ *O.latipes* と *O.sakaizumii* の2つの種、すなわち“別種”であるとの意見もあります。しかしながら、この2つのグループは自然界でも交雑していることやその子供が稔性（交配により子孫を作り得ること）を示すことから、本論文の研究チームは“同種”であると考えています。別種とする根拠の一つである古い分岐年代（約1800万年前）もその不確かさが指摘されており、本研究の解析では約500万年前後と推定しました。この推定年代は竹花ら（2003年）によって示された分岐年代とほぼ一致します。

<お問い合わせ>

岡山大学 大学院自然科学研究科（理学部生物学科）
分子行動学研究室

日本学術振興会特別研究員PD 勝村 啓史

（電話番号）086-251-7860

（メール）tk@okayama-u.ac.jp



岡山大学
OKAYAMA UNIVERSITY



岡山大学は、国連の「持続可能な開発目標（SDGs）」を支援しています。