

平成 29 年 2 月 27 日

報道機関 関係者各位

学校法人東京農業大学戦略室

小さな貝の「グレート・ジャーニー」 北海道から北米沿岸まで拡散したクロタマキビ

東京農大（学長・高野克己）生物産業学部（網走市）、ロシア科学アカデミー（ウラジオストク）、（公財）知床財団（斜里町）、蘭越町貝の館（蘭越町）の研究者らは、遺伝子解析によって小型の貝「クロタマキビ」について、北米の個体群は約 2 万年前以降日本周辺から移住していったことを明らかにしました。この研究成果は、遺伝進化の国際専門誌 *Genetica* で 2017 年 2 月に電子版として公表されました。

研究グループはロシア沿海州から北米まで、北太平洋北部の岩礁潮間帯に広く分布する「クロタマキビ」について、遺伝子解析によって進化や分散を推定しました。その結果、北米の個体群は北海道周辺から最終氷期後（約 2 万年前以降）に分散していった可能性が高いことを明らかにしました。

これは、太平洋を西から東に横断する沿岸生物の分散を 世界で初めて 遺伝的に明らかにしたもので、クロタマキビの東進は、人類がアフリカから全世界に分散した「グレート・ジャーニー」の核心部分、干上がったベーリング海峡を渡って人類がユーラシアから北米に達した旅に匹敵すると言えるでしょう。

本研究の成果は、環境や地形と沿岸生物個体群の遺伝的多様性との関係を明らかにし、今後の希少種や水産重要種を含むほかの沿岸生物についても、保全計画や資源環境管理に役立つと考えられます。



クロタマキビ

【論文情報】: *Genetica* (ISSN: 0016-6707 (Print) 1573-6857 (Online)) 2017年2月 (電子版)

Phylogeography of *Littorina sitkana* in the northwestern Pacific Ocean: evidence of eastward trans-Pacific colonization after the Last Glacial Maximum

Noriko Azuma · Nadezhda I. Zaslavskaya · Tomoyasu Yamazaki · Takahiro Nobetsu · Susumu Chiba
Genetica (in press)

※この研究は、東京農大の先端研究プロジェクト A

「極東亜寒帯地域における局所個体群の遺伝的多様性評価とその保全」の一環として行われたものです。

▼研究内容についてのお問い合わせ▼

東 典子 (あずま のりこ)

(研究当時)東京農業大学生物産業学部生物資源開発研究所

(現在の所属)北海道大学大学院水産科学研究院 〒041-8611 北海道函館市港町3丁目1-1

TEL: 0138-40-5551(直通) E-mail: norikoazuma@gmail.com

千葉 晋 (ちば すずむ)

東京農業大学生物産業学部アクアバイオ学科 〒099-2493 北海道網走市八坂 196

TEL: 0152-48-3903(直通) E-mail: s2chiba@bioindustry.nodai.ac.jp

▼このリリースに関するお問い合わせ▼

学校法人東京農業大学戦略室 上田・矢木

〒156-8502 世田谷区桜丘 1-1-1 TEL: 03-5477-2300 / FAX: 03-5477-2707 / www.nodai.ac.jp

詳細説明

【概要】

東京農業大学・生物産業学部（網走市）、ロシア科学アカデミー（ウラジオストク）、（公財）知床財団（斜里町）、蘭越町貝の館（蘭越町）の研究者らが、遺伝子解析によって、日本周辺から北米沿岸まで北太平洋にひろく生息する小型の貝、クロタマキビについて、北米の個体群は約2万年前から日本周辺から移住していったことを明らかにしました。

地球上の生物の分布や分散は、氷期 - 間氷期の大規模気候変動に大きく影響されてきました。北半球の多くの生物は、氷河期には現在の生息地より温暖な地域に分布し、2万年前に終わった最終氷期以降、温度上昇に従い、氷期に寒冷だった地域に拡散していきました。しかし、ここで新たに形成された地域個体群は、個体数が増えても遺伝的な多様性が低いという特徴があります。遺伝的多様性は百万年を単位とするような長期にわたる遺伝子の分子進化（DNA が変化していく）によって形成されるため、新しく定着したような個体群では、個体数が増えてもすぐには多様性が追いつかないのです。このような遺伝的多様性の特徴によって、地域集団の古さ・新しさを相対的に推定することができます。

研究グループはロシア沿海州から北米まで、北太平洋北部の岩礁潮間帯に広く分布する「クロタマキビ」について、遺伝子解析によって進化や分散を推定しました。北東太平洋岸沿岸（北米沿岸）と北西太平洋沿岸（ロシア沿海州、日本周辺）の個体群について、同じ分子遺伝マーカーを用いて本種の分布域全体をカバーするデータを得て、北米の個体群は北海道周辺から最終氷期後に分散していった可能性が高いことを明らかにしました。

【研究内容】

1. 背景

クロタマキビは北太平洋に広く分布し、日本周辺、ことに水の冷たい北海道の太平洋沿岸では、まるで砂利が堆積するかのように密集しています。過去には酵素の多型解析などから、日本やロシア沿海州を含む北西太平洋地域では地域間に遺伝的な差があること、即ち、そのような解析ができる程度の遺伝的多様性があることが示唆されていました。ところが、北米でも非常に個体数は多いのですが、アメリカやカナダの研究者によると遺伝的多様性が非常に低いという結果が出されていました。これは「おそらく、最終氷期（2万年前）以降に個体群の急激な増大と分布拡大があったためであろう」と結論付けられましたが、氷期にクロタマキビが避難していた集団（ソース個体群）の場所などは明らかになっていませんでした。

このように断片的な研究はあったものの、今まで、北米側の研究と日本・ロシア周辺の研究では異なる分子遺伝マーカーを使っていたために、分布域全体の遺伝的なつながりは不明で遺伝的多様性も比較できない状態でした。

2. 分かったこと

我々の研究グループは、北西太平洋（日本・ロシア）の32集団から総計1022個体のクロタマキビを採集し、全個体についてミトコンドリアDNAの一部（シトクロームb遺伝子）の塩基配列を解読しました。その結果、北西太平洋のクロタマキビは北米に比べて遺伝的多様性が非常に高いことがわかりました。全体の多様性が高いのはもちろん、北西太平洋の1集団あたり（平均31.94個体）の多様性は、北

米の 3,000 km にわたる地域の 96 個体全体の多様性よりも高かったのです。また、北西太平洋では、遺伝的に似ている地域グループがみられ、階層的な集団構造があると分かりました。即ち、遺伝子型の出現頻度が場所によって異なる傾向がありました。そのうち、特に知床半島先端～千島列島に多く見られた遺伝子型は、北米で多く観察された型と同じでした。これは、北西太平洋沿岸の個体群と北米の個体群が遺伝的に連続していることを示しています。過去に酵素多型を用いたロシアでの研究では「千島列島とコマンダー諸島（アリューシャン列島の一部）の遺伝的類似性」が示されており、併せて考えると、千島・アリューシャン列島・北米という一連の地域が遺伝的につながっていることが明らかになりました。

ミトコンドリア DNA は系統関係を調べるのに便利ですが、母系しか追跡することができないので、研究チームはさらに精度の高い結果を得るため、核 DNA の解析も行いました。するとミトコンドリア DNA と同様に、北西太平洋では北米に比べてずっと遺伝的多様性が高いこと、千島列島に見られる遺伝子型が北米の型に近いことが確認されました。

これらの解析結果と過去の知見を総合すると、日本やロシアの北西太平洋のクロタマキビは数度の氷期一週氷期サイクルを乗り越えて存続してきたのに対し、北米の個体群は最終氷期以降に北海道周辺から千島・アリューシャン列島を経てアラスカに到達し、北米沿岸まで広まった可能性が非常に高いことがわかります。

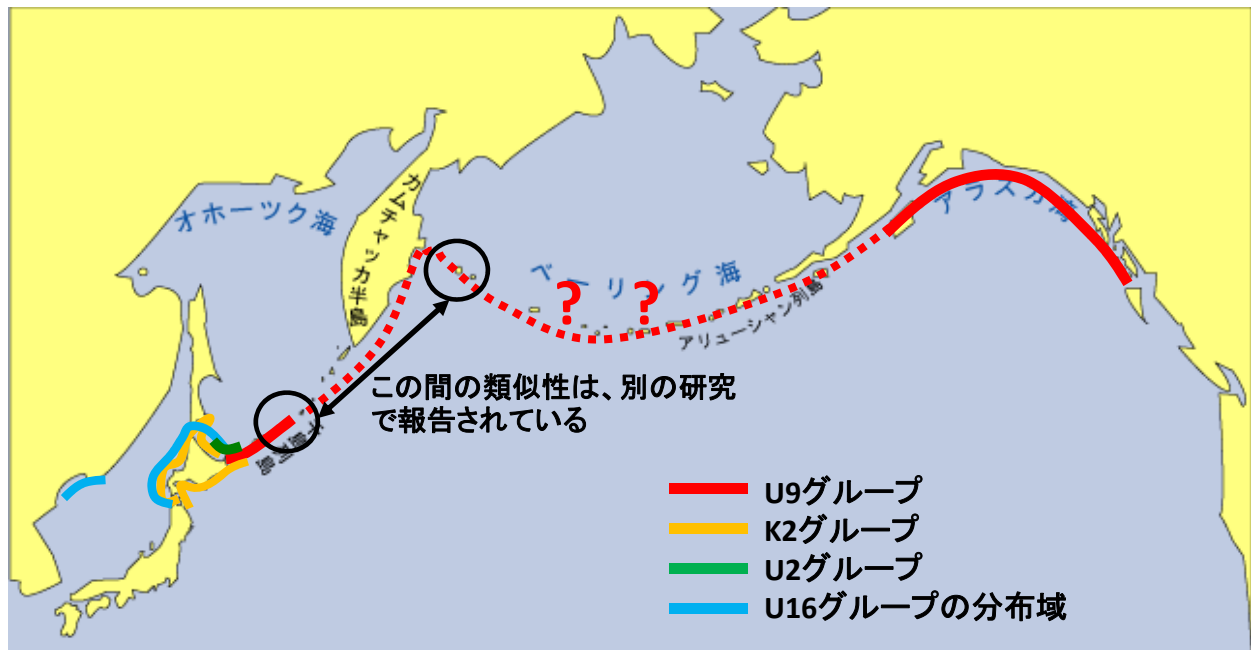
また遺伝子解析によって、日本周辺で海流や地形の影響を受けて種の分散が促進または制限されてきたことも明らかになりました。北海道の日本海側とオホーツク海側では遺伝的に類似性・連続性があります。これは対馬海流の分枝が宗谷海流となって知床方面まで達し、遺伝子流動を促進してきたためと考えられます。また、根室海峡をはさんで北と南は、遺伝的に大きな分断があります。これは、氷期に根室海峡が干上がって国後島とつながり海が途切れたため分断がおり、その後も海流の影響で維持されているためであると思われます。

3. 本研究の普遍性

本研究は、北太平洋横断という沿岸生物の大規模な分散・進化過程を明らかにしました。最終氷期以降に北大西洋を横断して分布を拡大した種の報告はありますが、このように、汎北太平洋の沿岸生物が最終氷期後に北太平洋の西端から東端まで分散したことを遺伝子解析で証明した研究例は、現在までありませんでした。本研究の結果は、同じ海域に分布する他の種についても、進化や分散の過程を類推するための情報を提供します。また、環境や地形と沿岸生物個体群の遺伝的多様性との関係を明らかにしました。このような知見は、希少種や水産重要種を含む他の沿岸生物についても、保全計画や資源管理計画の策定に役立つと考えられます。集団遺伝学的研究においては、1 地点から多数の標本を得ることが理想ですが、希少種や水産重要種ではそのような標本採集は保全や資源管理上問題があります。また、採集努力をしても数が揃わないことも多々あります。本研究で得られたデータは、そのような種に対してデータを補完する役に立つと思われます。特に本研究で明らかになった「道東太平洋沿岸個体群の遺伝的な特異性＝他の海域からの遺伝的隔離」は、この海域での生態系保全を考える際に必ず考慮すべき特色です。

遺伝的な解析によって種の分散過程が明らかになり、それは過去の歴史を明らかにするだけでなく、今後の生態系保全を考えるうえでも重要であることは、是非とも広く知っていただきたいことです。

参考図1 (概要)



ミトコンドリアDNA解析の結果、日本周辺では、上の図の4色に相当する4つの遺伝子型グループが確認されていますが、千島列島では、東に行くほどU9グループの割合が高くなります。

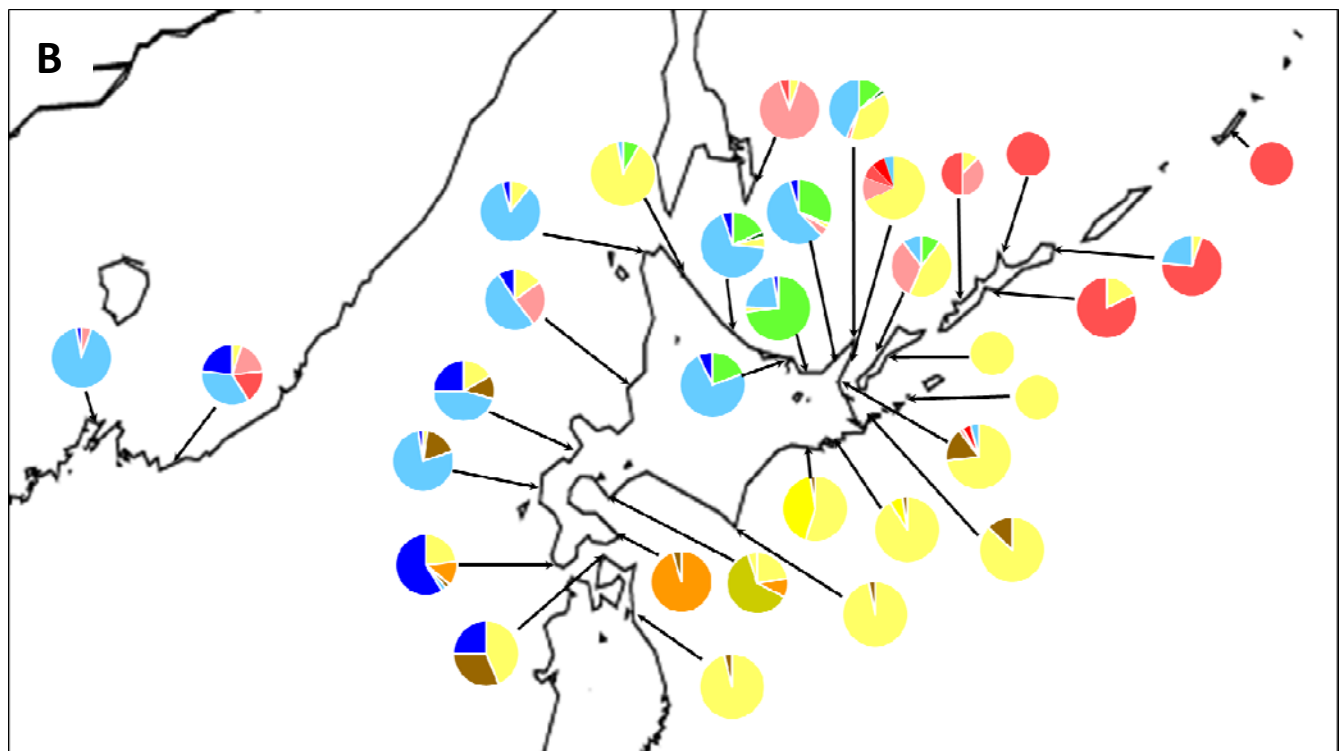
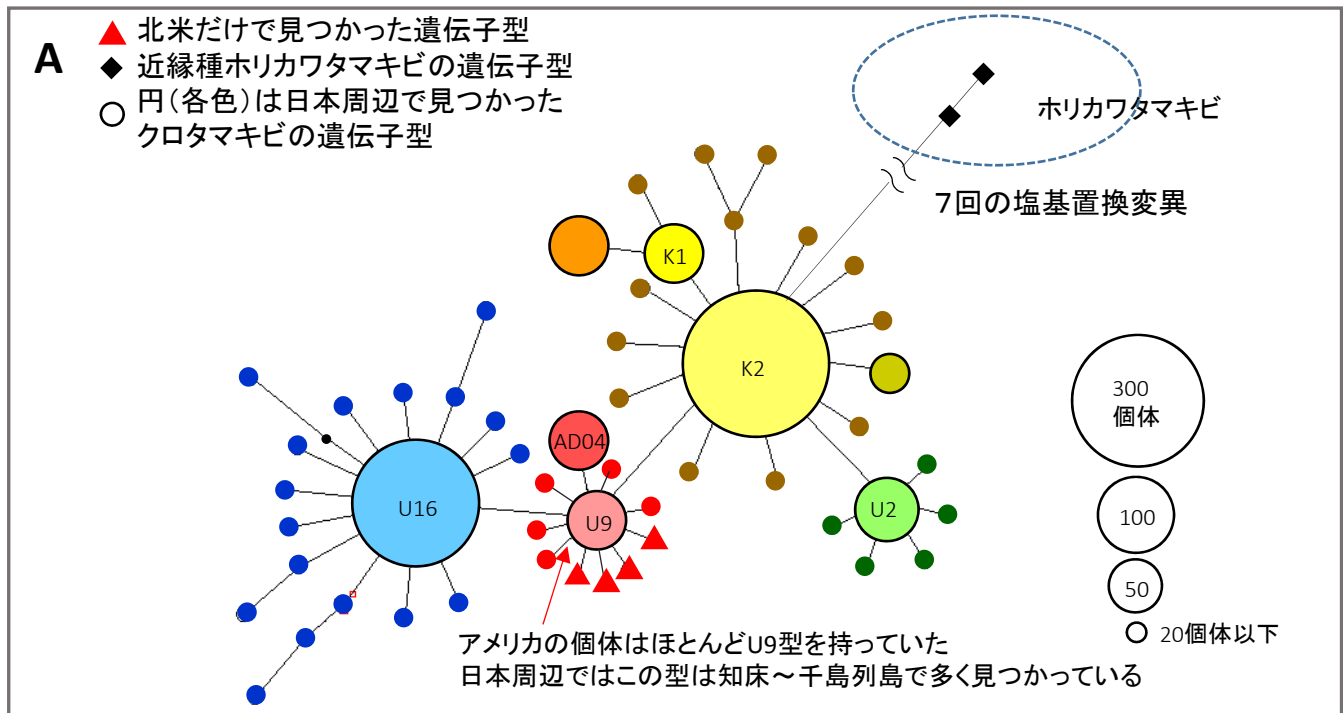
一方、北米沿岸ではU9グループしかなく、最終氷期以降にどこからか北米に分散してきた可能性が高いと報告されていました。

赤の点線は、クロタマキビの分布域ですが、現在までに包括的な遺伝子解析が行われた報告はありませんでした。

しかし、過去の研究で千島列島とアリューシャン列島のグループ(個体群)の一部を調べたところ遺伝的に非常に似ていたこと、さらに、その類似性はおそらく、これらの個体群が非常に新しいためであろうということが報告されています。

これらを総合すると、「北米のクロタマキビは、最終氷期が終わった後で、温暖な日本周辺から、千島列島・アリューシャン列島を経て北米に到達した」と考えられます。

参考図2（より詳細な説明）



A. ミトコンドリアDNA内のチトクロームb遺伝子領域の遺伝子型の系統関係を表すネットワーク図。円または四角・三角が遺伝子型を、直線一本が一塩基の変異を表す。アメリカの個体は、ほとんどがU9型、その他わずかに▲の型が見られた。

B. 日本周辺の各地で見られた遺伝子型の割合。それぞれの色は、A図のタイプの色と対応している。知床から千島列島ではアメリカで見られる遺伝子型に近いものがほとんどであり、この地域と北米との遺伝的な類似性・近縁性が示された。