

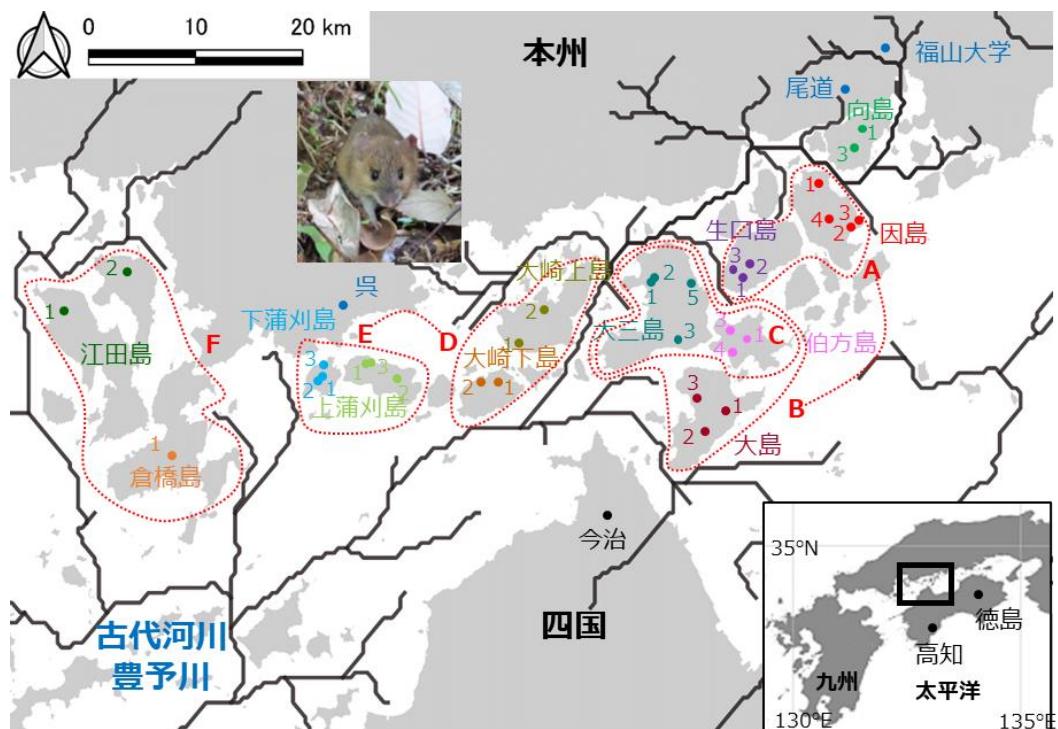
## タイトル

瀬戸内海にはやはり古代河川が存在した～アカネズミのゲノムからわかった島嶼形成史～

## 概要

福山大学生物工学科 佐藤淳 教授と福山大学大学院工学研究科生命工学専攻博士前期課程大学院生であった安田皓輝氏は、瀬戸内海島嶼に生息するアカネズミを対象にゲノムレベルでの系統解析を行い、その類縁関係を評価することで、氷期に存在した古代河川が島嶼形成に大きな影響を与えたことを明らかにしました。

瀬戸内海島嶼の形成史については、地質学的な分析が行われてきましたが、堆積作用や浸食作用の影響により、海底地形の正確な推定には限界がありました。本研究では、島に生息する生物の視点から島嶼形成史の解明を試みた初めての研究で、アカネズミの系統関係と古代河川の流路との間に極めて高い一致性を見出すことができました。本成果は、2022年6月21日に日本動物学会の国際学術誌「Zoological Letters」にオンライン公開されました。



地理情報システムを利用して推定した古代河川 豊予川(黒い実線)とゲノム情報を利用して推定したアカネズミの系統関係(赤い点線)との関係。色のついた丸印はアカネズミの採集地点を示す。

## 背景

本研究では、瀬戸内海島嶼に生息するアカネズミのゲノム情報から、瀬戸内海の成立史の一端を明らかにすることを目的としました。これまでの地質学的研究において、瀬戸内海の海底には、氷期に形成された河川の河床が埋積されずに残った“くぼち(海釜)”が存在することが報告されており、それらは古代河川として認識されています。瀬戸内海の東に紀淡川、西に豊予川の2大水系が知られ、それぞれ現在の1級河川とつながっていたと考えられています。

最終氷期の終了後、地球の温暖化とともに急速に海水準が上昇した際に、これらの古代河川が海との連結路となり、瀬戸内海の形成を推し進めたと想定されるため、古代河川が残した足跡をたどることで、瀬戸内海の形成の歴史を探ることができます。しかし地質学の研究では、過去から現在にかけて起こる堆積作用や浸食作用の影響もあり、過去の海底地形を解明するのには限界があります。実際に古代河川の証拠である海釜は現在の海況下で形成された浸食地形であるとの見方もできます。したがって、古代河川の存在を明らかにし、さらには瀬戸内海の形成史をより高解像度で理解するためには、地質以外の異なる視点でのアプローチが必要です。

そこで本研究では瀬戸内海島嶼に生息するアカネズミ(*Apodemus speciosus*)の類縁関係を明らかにすることで、島の“類縁度”を推定し、古代河川がどのような順序で島の形成に関与したのかを明らかにすることを試みました。すなわち、瀬戸内海の形成過程を生物の視点から解明できると考えました。

アカネズミは日本固有種であり、日本の哺乳類の中では最も古い系統の一つです。また、アカネズミは、人の移動に随伴しないと考えられており、地史を代弁する“生き証人”として注目に値します。さらに、本種は森林生態系に適応した生活をするため、その移動は河川の影響を受けやすいため、古代河川の影響を検出できると考えました。本研究が始まるまでに、瀬戸内海島嶼のアカネズミを対象に、ミトコンドリアDNA Dloop領域(約300 bp)を用いた分子系統解析が行われましたが(Sato et al. 2017)、分析した領域の多型の数が少なく(50個以下の変異サイト)、島嶼間のアカネズミの類縁関係は信頼性に問題点がありました。

## 参考文献:

Sato et al. (2017) Zoological Science 34 (2): 112–121.

## 研究手法・成果

本研究では、より多くのゲノム領域の分析を可能とする次世代シークエンサーを用いて、島嶼間のアカネズミの類縁関係を解明し、瀬戸内海形成史の詳細を明らかにすることを目的としました。近年の次世代シークエンサー技術の著しい発展により、多くの多型を分析することができるようになり、生物多様性研究の分野にブレークスルーが起きています。この技術を適用することで、瀬戸内海の島とその周辺のアカネズミの類縁関係を一気に解決できる可能性があると考えました。本研究では、縮約ゲノム分析※1 手法の一つである、GRAS-Di 法※2 を用いて多型の検出を試みました。

GRAS-Di 法により 92 個体のアカネズミの分析を行った結果、94,142 個の一塩基多型(SNP)を検出することができました。これらの多型に基づき最尤法により系統樹を推定したところ、解像度と信頼性の高い系統樹を得ることができました(参考図参照)。

系統樹においては、瀬戸内海島嶼はそれぞれ単系統を形成することが支持されました。また、距離の近い島間のアカネズミの近縁関係も支持されました。例えば、因島-生口島(A)、大三島-伯方島-大島(B)、大三島-伯方島(C)、因島-生口島-大三島-伯方島-大島(A+B)、大崎上島-大崎下島(D)、上蒲刈島-下蒲刈島(E)、大崎上島-大崎下島-上蒲刈島-下蒲刈島(D+E)、倉橋島-江田島(F)の近縁性が支持されました。さらに、倉橋島-江田島(F)や向島のアカネズミは、福山大学、尾道、呉の本州の個体との近縁性を示し、愛媛(今治)、高知、徳島の四国の個体は単系統を形成しました。これらの関係性を地図上に描き、地理情報システムを用いて推定した古代河川豊予川(約 2 万年前の最終氷期最盛期の海水準-120 m を仮定)との関係性を見てみると、両者の間に極めて高い一致性を見出すことができました(上図)。以上の結果は、最終氷期最盛期に瀬戸内海西部を流れていた豊予川が島嶼域に生息するアカネズミの遺伝的分化の形成に大きな役割を果たしたことを示唆します。

## 波及効果、今後の予定

日本最大の内海である瀬戸内海がどのように形成してきたのかは地質学的な記録からだけでは明らかとされてきませんでした。本研究は、島に生息する生物の遺伝的分化という観点から地史に迫ろうとした初めての研究です。本研究では、氷期に流れていた古代河川の一つである豊予川と、芸予諸島に生息するアカネズミの系統関係との間に極めて高い一致性が検出されました。このことは他地域においてもアカネズミの類縁関係から過去の地史に迫ることが可能であることを示唆するとともに、アカ

ネズミ以外の生物についても瀬戸内海島嶼を舞台として同様のゲノムレベルでの分析を行うことで、瀬戸内海の地史が解明されることにつながることが期待されます。

### 研究プロジェクトについて

本研究は日本学術振興会 科学研究費助成事業 基盤研究 C 「アカネズミゲノム情報から瀬戸内海の古代河川が残した足跡をたどる」(18K06395; 研究代表者 佐藤淳)の支援を受けて実施されました。

### 用語解説

※1 縮約ゲノム分析: ゲノム全体を解読するのではなく、ゲノムの様々な領域を代表する多型を抽出する分析手法。シークエンスキャプチャー法、RAD-seq 法、MIG-seq 法、GRAS-Di 法※2 などが知られている。

※2 GRAS-Di 法: トヨタ自動車株式会社が開発した縮約ゲノム分析手法の一つで 3 bp のランダムプライマーでゲノム内の様々な領域を PCR 増幅し、そのプライマーで挟まれた領域から多型を検出する手法である。

### 研究者のコメント

本手法を用いることで、生物における地理的分断の影響を高精度で探ることができます。今後は古代河川のみならず、現在の河川の影響も調査することができると思います。また、上記のように本手法で様々な陸生生物の遺伝的分化パターンを明らかにすることで、瀬戸内海の成り立ちがより明確になると期待しています(佐藤淳)。

### 論文タイトルと著者

タイトル: Ancient rivers shaped the current genetic diversity of the wood mouse (*Apodemus speciosus*) on the islands of the Seto Inland Sea, Japan(古代河川が瀬戸内海島嶼のアカネズミ(*Apodemus speciosus*)の遺伝的多様性を形成した)

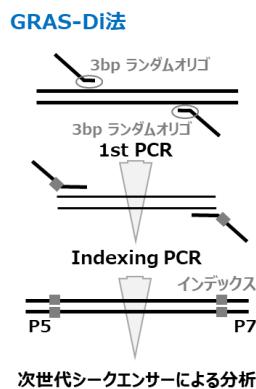
著 者: Jun J. Sato, Kouki Yasuda

掲 載 誌: Zoological Letters

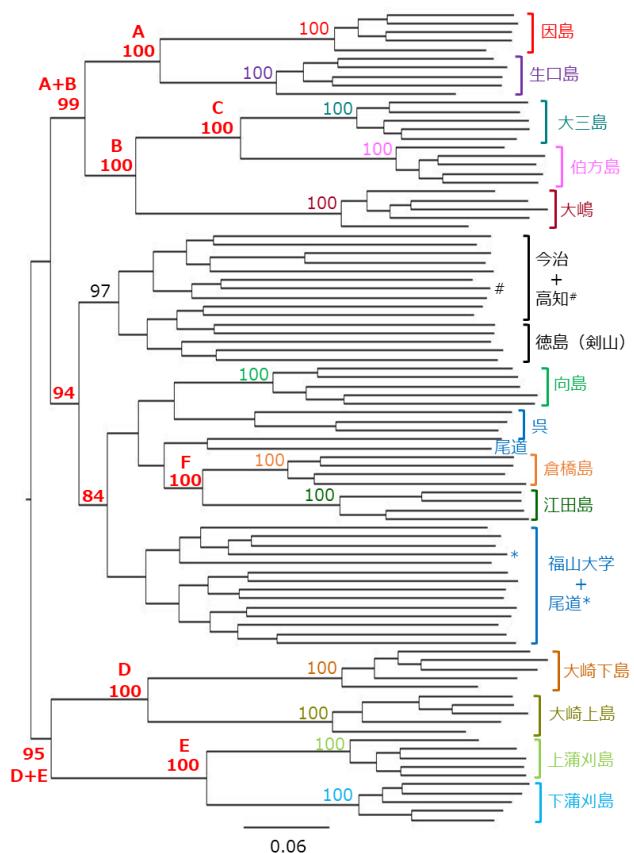
DOI: <https://doi.org/10.1186/s40851-022-00193-3>

## 参考図

GRAS-Di 法の概略図。2 回の PCR を行う。1st PCR では、3 bp のランダムプライマーに挟まれた領域を増幅する。2nd PCR で付与するインデックスはサンプルの識別のためのサンプル固有の DNA 塩基配列で、P5、P7 は次世代シーケンサーで分析するためのアダプターである。



最尤法により推定した瀬戸内海周辺域のアカネズミの系統関係。図中の数値は系統樹の信頼性を意味するブートストラップ値を示す。A から F のラベルは上記の地図上のラベルと同じである。



関連キーワード

アカネズミ 瀬戸内海島嶼 遺伝的分化 古代河川 GRAS-Di

関連研究課題

アカネズミゲノム情報から瀬戸内海の古代河川が残した足跡をたどる

研究期間 2018 年度～2021 年度 (H.30～R.3) 配分総額 4,420,000 円

代表者 佐藤淳 福山大学 生物工学科