

科学研究費助成事業 研究成果報告書

平成 30 年 6 月 7 日現在

機関番号：10101

研究種目：基盤研究(B) (海外学術調査)

研究期間：2013～2017

課題番号：25304009

研究課題名(和文) 住家性ジャコウネズミのインド洋沿岸域における超域的な人為移動のプロセスの解明

研究課題名(英文) The process of immigration by humans of commensal house shrews around the Indian Ocean

研究代表者

大館 智志 (Ohdachi, Satoshi)

北海道大学・低温科学研究所・助教

研究者番号：60292041

交付決定額(研究期間全体)：(直接経費) 13,700,000円

研究成果の概要(和文)：本研究は人間の活動に伴って移動をおこなう住家性のジャコウネズミ(真無盲腸目トガリネズミ科)の移動経路を調べることにより、人の歴史と動物の関係を知られることを目的としている。そのために分子系統学、細胞遺伝学、形態学、生態学的な調査を行った。分子系統学と細胞遺伝学的な調査とニッチェ解析により、ジャコウネズミは東アジア南部や東南アジア島嶼部、西アジア、インド洋西部沿岸部では、人間活動により複雑な過程により分布を広げたと推定された。

研究成果の概要(英文)：This research project was conducted to investigate the relationship between human activity and movement of the house shrews (Eulipotyphla, Soricidae). We obtained interesting results of molecular phylogenetics, karyology, morphology, and ecology. According to the results which we have obtained so far, it was inferred that the house shrews were immigrated to the southern part of East Asia, insular South East Asia, West Asia, and the coastal region of the Western Indian Oceans via very complicated routes and process.

研究分野：哺乳動物学

 キーワード：インド洋 ジャコウネズミ Suncus murinus 人為移動 系統地理学 ニッチェ解析 人間活動と動物
 の分布変動 染色体多型

1. 研究開始当初の背景

トガリネズミ科の中でも北方系のトガリネズミ亜科の動物は数時間の絶食にも耐えられず人為移動の可能性が皆無なのに対し、南方系のジネズミ亜科は飢餓に強く人為的に移動することが知られている。ジャコウネズミはインド亜大陸から東南アジア半島部が原産地とされ、そこから東南アジア島嶼部や西アジア～アラビア半島、アフリカ東岸およびその周辺の島嶼の広い範囲に、人に運ばれて拡散したと考えられている。ジャコウネズミの移動の歴史は、インドから東南アジアに至る地域については、研究開始当時に、ミトコンドリアの遺伝子の塩基配列や核型に基づいた移動仮説が提出されていた。しかし、インド洋西部沿岸地域や西アジア～アラビア半島における調査はなされておらず、これらの地域でどのような過程で移動したかは全く不明であった。従ってこの研究プロジェクトでは主にインド洋周辺領域からのサンプルを採集し、従来の研究成果を大きく発展させる必要があった。

2. 研究の目的

野生動物の空間分布への人間活動の影響の解明は今日的な課題であるが、動物の分布の変遷過程に関する包括的な研究例は少ない。ジャコウネズミ(哺乳綱、トガリネズミ科ジネズミ亜科)はインド洋～東シナ海沿岸の広範囲な地域に人の移動や交易に伴い分布域を広げたとされ、人間活動と動物の分布変遷の関係を調べる上で好適な対象である。この地域は多様な国と文化から成り立っているために、今まで一つの調査対象地域として扱われてこなかった。また対象地域が広大なために全域での採集は困難とされていた。しかし申請者らの今までの調査活動により試料の蓄積がなされ、また追加すべき採集地点も絞り込むことが可能になり、全分布域にわたる比較研究の目的がたつた。本研究ではジャコウネズミの全分布域における人為移動の過程を遺伝学・形態学・生態学的な調査に基づき解明することを目的とする。

3. 研究の方法

全分布域をカバーするようにジャコウネズミを捕獲し、必要な試料採取を行う。ジャコウネズミの移動の過程を、分子系統地理学(感染ウイルスも含む)、集団遺伝学(マイクロサテライト分析)、細胞遺伝学(核型)、形態学(骨格、外部形態、毛色)の調査結果に基づき推定する。地理情報システム(GIS)を用いたニッチ分析などの生態学的手法でジャコウネズミの定着と絶滅の要因について解明する。歴史学・人類学的に推定されている人間の移動・交易ルートと上記で推定されたジャコウネズミの移動ルートとを比較し、ジャコウネズミの移動に対する人間活動との関連を調査する。

4. 研究成果

まずは系統地理学的研究の結果を説明する。東シナ海沿岸地域からアフリカ東沿岸部までの45地点から採集した178個体のジャコウネズミのミトコンドリアのチトクロム**b**遺伝子の塩基配列(1,140bp)を決定し、種内系統樹を推定した。日本(沖縄)、中国南部、ベトナム、東南アジアの個体は遺伝的に僅かな違いしかないことがわかった。一方、スリランカ、ミャンマーとパキスタンの個体群は複数の遺伝系統のものが混在していた。特にスリランカとミャンマーでは全く遺伝系統の異なる個体が混在していた。つまり、これらの地域では他の地域からの移入個体が存在していることが示唆された。またインド洋西部では、とても興味深い結果が得られた。一つはザンジバル島(タンザニア)の個体群の遺伝タイプは、はるか遠く離れたイラン南西部の個体と同じタイプをもっていた。ザンジバル人の中には祖先はペルシャから渡来したという伝説を持っているが、それと矛盾しない結果が得られた。さらに、マダガスカルとグラン・コモロ島(コモロ共和国)は同じ遺伝タイプであったが、同じ海域にあるレユニオン島(フランス海外領)の遺伝タイプは、前者とは異なり、東南アジアに多く見られるタイプに近いことが分かった。このことは、レユニオンには19世紀に東南アジアに居住していた中華系労働者が移民した歴史との関連が示唆された。また中東のイエメンの個体群は遠方のマダガスカルから分岐したことが示唆された。これもハドラマウト(イエメンのアラブ人集団)の交易活動の領域と一致している。

次に、細胞遺伝学(核型)の調査結果を示す。いままでの、ミトコンドリアの遺伝子の塩基配列に基づいた解析より、ジャコウネズミの野生集団には大陸型と島嶼型の2つのタイプがあり、その境界がミャンマーの中部であることが推察されている。そこで本研究では、ミャンマー地域におけるジャコウネズミの集団構造の理解するために、ミャンマー各地で捕獲されたジャコウネズミの複数のサンプルをもちいて染色体標本作製し、分染バンドパターンによる比較を行った。解析に使用したミャンマー産ジャコウネズミの常染色体およびX染色体のバンドパターンは、どの個体も大陸型のものと同様であった。一方、Y染色体は個体により形態およびバンドパターンが異なっていた。Y染色体の多型の分布に明確な地域性がないことから、ミャンマーにおける野生ジャコウネズミの集団は予想以上に複雑な過程を経て形成されている可能性が考えられた。さらに、本研究において、上述したミトコンドリアのチトクロム**b**遺伝子の配列に基づく分子系統学的研究結果から、スリランカには複数の遺伝系統のジャコウネズミが侵入していることが分かったが、核型からも染色体数の異なる2系統の個体間のハイブリッドが発見され、交雑が起こ

っていることが示された。

一方、形態学的な調査は未完であるが、ジャコウネズミの毛色や大きさには、性差、年齢差、個体群間で極めて大きな違いがあることが分かりつつあり、これもジャコウネズミがいくつかの遺伝的系統ないし種から構成されていることを示している。

最後にジャコウネズミの分布を決める生態学的な要因について、ニッチ解析を行った結果を示す。これまでの発表者らの調査、および、既存の文献から、分布情報を網羅的に収集した。これらの生物分布情報に対して、環境情報として Bioclim、土地利用情報として Global Land Cover Maps (GLCM) を用いて、Maxent による種分布モデリングを行った。この分布データをもとに、Maxent による潜在分布域の推定をおこなった。環境データについては、全球気象データおよび、全球土地利用データを利用した。その結果、潜在分布域は、アジア東部に広がっており、これは、従来自然分布していたと考えられている地域と一致していた。潜在的な分布適地は、熱帯地域の海岸線に沿って存在する。これは、人為的な分布が確認されている、アフリカ、マダガスカル、中東、太平洋の島嶼部を網羅している。さらに、潜在分布適地は現在分布が確認されていない、オーストラリア、パプアニューギニアなどにも広がっているという興味深いことが示された。潜在分布適地を特徴付ける環境要因は、気温の変動幅の小ささ、および、気温の高さに関わる変数であったこのような分布適地の中でも、実際にジャコウネズミが分布している場所は、都市部に集中していた。以上の結果からも、ジャコウネズミの分布拡大には人間の活動と大きく関わっていることが分かった。

以上の研究結果から、東シナ海からインド洋沿岸域にかけては、中世から現代に至るまで、想像していた以上に広くかつ複雑な人間の交流活動が示唆された。そして、インド洋周辺海域を舞台に、人間の交易などの広域二羽たるネットワークにより、数多くのルートとそれを担う多くの人間集団によって、自然分布していた地域とは異なる地域へとジャコウネズミは分布を拡大したと思われた。このジャコウネズミの移動の過程の研究結果により、我々が想像していたよりもかなり複雑で広域な人間活動が、古来より展開していたことが示唆された。このことはネットなどでむしろ海外のサイトで紹介されており、今後の総合的な分析結果が期待されている。

5. 主な発表論文等

(研究代表者、研究分担者及び連携研究者には下線)

[雑誌論文](計8件)

Horai, H., Ohdachi, S.D., Motokawa, M., Lin, K.S., Oo, T., Swe, K.Y.Y., Than, W. and Mekada, K. Y chromosome

polymorphism found among house shrew populations in Myanmar. *Naturalistae* 22: 39-44, 2018. 査読なし

Ohdachi S.D., Kinoshita, G., Nasher, A. K., Yonezawa, T., Arai, S., Kikuchi, F., Kyaw, S.L., and Bawm, S. Re-evaluation of the phylogeny based on mitochondrial cytochrome b gene in the house shrew, *Suncus murinus-S. montanus* species complex, with special reference to Yemen and Myanmar populations. *Journal of Wildlife and Biodiversity* 1(2): 79-87, 2017. 査読あり

大舘智志. 麝香臭のあるジャコウネズミの分布拡大の歴史と人間活動の関係. *Aroma Research* 70(18): 164-165, 2017. 査読なし

Ohdachi, S.D., Kinoshita G., Oda, S., Motokawa, M., Jogahara, T., Arai, S., Nguyen, S.T., Suzuki, H., Katakura, K., Bawm, S., Min, M.Z., Thwe, T. L., Gamage, C.D., Hashim, R., Omar, H., Maryanto, I., Ghadirian, T., Ranorosoa, M.C., Moribe, J., Tsuchiya, K. Intraspecific phylogeny of the house shrews, *Suncus murinus-S. montanus* species complex, based on the mitochondrial cytochrome b gene. *Mammal Study* 41(4):229-238, 2016. 査読あり

Sakuma, Y., Ranorosoa, M.C., Kinoshita, G., Shimoji, H., Tsuchiya, K., Ohdachi, S.D., Arai, S., Tanaka, C., Ramino, H., Suzuki, H. Variation in the coat-color-controlling genes, *Mc1r* and *Asip*, in the house mouse *Mus musculus* from Madagascar. *Mammal Study* 41(3): 131-140, 2016. 査読あり

Namba, T., and Ohdachi, S.D. Top-down cascade effects of the long-clawed shrew (*Sorex unguiculatus*) on the soil invertebrate community in a cool-temperate forest. *Mammal Stud* 41(3): 119-130, 2016. 査読あり

Sato, J.J., Ohdachi, S.D., Echenique-Diaz, L.M., Borroto-Páez R., Begué-Quiala, G., Delgado-Labañino J.L., Gómez-Díez J., Alvarez-Lemus J., Nguyen S.T., Yamaguchi, N., Kita, M. Molecular phylogenetic analysis of nuclear genes suggests a Cenozoic over-water dispersal origin for the

Cuban solenodon. Scientific Reports 6, 2016. 査読あり
Arai, S., Kang H.J., Gu S. H., Ohdachi S.D., Cook J. A., Yashina L. N., Tanaka-Taya K., Abramov S. A., Morikawa S., Okabe N., Oishi K., Yanagihara R. Genetic diversity of Artybash virus in the Laxmann's shrew (*Sorex caecutiens*). Vector-Borne and Zoonotic Diseases 16(7): 468-475, 2016. 査読あり

〔学会発表〕(計7件)

大館大學(智志), 木下豪太, Karim Nasher, 新井智. インド洋周辺地域における住家性ジャコウネズミの移動の歴史でわかった広大な人類の交流活動. 第15回生き物文化誌学会 学術大会. 大阪国立民族博物館 2017年6月25日

Omar, H., Wilson, J.J., Sing, K. W., Shigehito, U., Hashim, R., Ramli, R., Bhasu, S., Abu, A., Ohdachi, S. D. and Motokawa, M. Genetic relationships of the house shrews in peninsular Malaysia inferred from cytochrome *b* sequences. International Colloquium - Biology of the Soricidae IV. Poznań, Poland, 12-14 September 2016.

Ohdachi, S.D. Preliminary Speech. Phylogeography of a wide-ranged shrew (*Sorex minutissimus* - *S. yukonicus* complex) in the holarctic region and an endemic shrew (*Crocidura dsinezumi*) in Japan. International Colloquium - Biology of the Soricidae IV. Poznań, Poland, 12-14 September 2016.

Honda, Asuka, Kinoshita, Gohta and Ohdachi, S.D. Intraspecific phylogeny of the house shrews *Suncus murinus* around the Indian Ocean, based on the mitochondrial cytochrome *b* gene. JSPS Core-To-Core Program. The 5th international Symposium on Asian Vertebrate species Diversity. At Chulalongkorn University, Bangkok & Saraburi, Thailand. December 15-18, 2015.

Omar Hasmahzaiti, John-James Wilson, Kong-Wah Sing, Rosli Ramli, Subha Bhasu, Rosli Hashim, Satoshi D. Ohdachi, and Motokawa Masaharu. Reappraisal of the taxonomic status of the House Shrew *Suncus murinus* (Soricidae: Crocidurinae) from Peninsular Malaysia. For Symposium "Species Diversity of Mammals and Birds in Asian Countries", The International Wildlife Management Congress, Sapporo, July, 2015.

Ohdachi, S. Beginning speech for

symposium "Colonization history of commensal small mammals (house shrews, house mice and black rats) and human impact on their distribution expansion". The International Wildlife Management Congress, Sapporo, July, 2015.

村上正志, 大館智志, 本川雅治, 織田銚二, 山縣高宏. インド洋沿岸域における住家性ジャコウネズミの分布モデル. 2013年度日本哺乳類学会大会, 岡山理科大学, 岡山. 2013年9月7-8日.

〔図書〕(計0件)

〔産業財産権〕

出願状況(計0件)

名称:
発明者:
権利者:
種類:
番号:
出願年月日:
国内外の別:

取得状況(計0件)

名称:
発明者:
権利者:
種類:
番号:
取得年月日:
国内外の別:

〔その他〕

ホームページ等
無し

6. 研究組織

(1) 研究代表者

大館 智志 (OHDACHI, Satoshi)
北海道大学・低温科学研究所・助教
研究者番号: 60292041

(2) 研究分担者

本川 雅治 (MOTOKAWA, Masaharu)
研究者番号: 30293939
京都大学・総合博物館・教授

鈴木 仁 (SUZUKI Hitoshi)

研究者番号: 40179239
北海道大学・大学院地球環境科学研究院・教授

山縣 高宏 (YAMAGATA, Takahiro)

研究者番号: 50242847
名古屋大学・生命農学研究科・助教

村上 正志 (MURAKAMI, Masashi)
研究者番号: 50312400
千葉大学・大学院理学研究院・准教授

新井 智 (ARAI, Satoru)
研究者番号: 80321868
国立感染症研究所・感染症疫学センター・主任研究官

目加田 和之 (MEKADA, Kazuyuki)
研究者番号: 90360651
岡山理科大学・理学部・准教授
(平成 28~29 年度)

織田 銑一 (ODA, Sen-Ichi)
研究者番号: 60023660
岡山理科大学・理学部・教授
(平成 25~26 年度)

城ヶ原 貴通 (JOHGAHARA, Takamichi)
研究者番号: 60023660
岡山理科大学・理学部・講師
(平成 25~27 年度)

(3) 連携研究者

深澤 秀夫 (FUKAZAWA, Hideo)
研究者番号: 10183922
東京外国語大学・アジア・アフリカ言語文化
研究所・教授

花淵 馨也 (HANABUCHI, Keiya)
研究者番号: 50323910
北海道医療大学・大学教育開発センター・教
授

守川 知子 (MORIKAWA, Tomoko)
研究者番号: 00431297
北海道大学・文学研究科・准教授
(現 東京大学・大学院人文社会系研究科・
准教授)

(4) 研究協力者

山口誠之 (YAMAGUCHI, Nobuyuki)
Qatar University, Associate Professor,
Qatar

NASHER, Abdul Karim
UNEP-GEF/EPA/SGN-Socotra Program, Hadibo,
Socotra Island, Republic of Yemen (元
University of Saana, Professor)

KABIR, Nurul
University of Karachi, Pakistan

GHADIRINAN, Taher

Persian Wildlife Heritage Foundation,
Iran