

平成 22 年 5 月 20 日現在

研究種目：基盤研究（B）
 研究期間：2007～2009
 課題番号：19405010
 研究課題名（和文）第三紀後期のユーラシア産小型哺乳類の断続的放散と環境適応に関する分子系統学的解析
 研究課題名（英文）Molecular phylogeny and gene evolution in Eurasian small mammals during the late Tertiary to the present
 研究代表者
 鈴木 仁（SUZUKI HITOSHI）
 北海道大学・大学院地球環境科学研究所・准教授
 研究者番号：40179239

研究成果の概要（和文）：分子系統学的解析の結果、ネズミ類、ウサギ類、モグラ類、イタチ類は 500-600 万年前、200-300 万年前の 2 回の系統放散により、東南アジア、インド、ミャンマーなどの空間を拠点として種の多様化が起きたことが明らかとなった。このグローバルな傾向に呼応し日本列島の哺乳類種の多様化が生じたことも示唆された。広域分散後の系統において毛色関連遺伝子 *Mclr* のアミノ酸置換速度が加速化された例が見出された。

研究成果の概要（英文）：The present molecular phylogenetic analyses revealed that lineages of rabbits, moles, mustelids, and leporids have diverged at 500-600 and 200-300 million years ago and extended their lineages to Southeast Asia, India, Myanmar, and East Asia, including the Japanese Islands. In a analysis on a coat color related gene, *Mclr*, a high proportion of nonsynonymous to synonymous substitutions was found on the ancestral stem of the subgenus *Mus*, perhaps because of its rapid habitat change during the course of its evolution.

交付決定額

(金額単位：円)

	直接経費	間接経費	合計
2007年度	1,400,000	420,000	1,820,000
2008年度	1,400,000	420,000	1,820,000
2009年度	1,300,000	390,000	1,690,000
年度			
年度			
総計	4,100,000	1,230,000	5,330,000

研究分野：系統進化学

科研費の分科・細目：基礎生物学・生物多様性・分類

キーワード：第三紀・哺乳類・遺伝子・進化・分子系統・環境適応

1. 研究開始当初の背景

地球上の現生小型哺乳類の分布は、これまでのネズミ類を中心とした研究により(Suzuki et al., 2003, 2004)、過去100

0万年間の地球環境の断続的変動と密接にリンクし、数回の放散的系統分化によることが示唆されている。一方、ウサギ類、モグラ類やイタチ類などにおいても

同様の傾向が示されているものの、異なる系統群間での適応放散の時期や空間に関する相互の照合は未だ十分ではない。また、第三紀後期の地球の断続的変動に適応するために、小型哺乳類は形態や生活型の大きな変化が生じていることも認識されつつあるが、遺伝子レベルでの適応現象においては未だ十分な理解がなされていない。

2. 研究の目的

本研究では、(1) 小型哺乳類の異なる分類群間の適応放散減少の時空間変化を詳細に解析し、照合を行うとともに、(2) 適応的变化に関与すると思われる機能遺伝子についてそれぞれの分類群で解析を行い、アミノ酸レベルの遺伝子の改変の時空間変化を追跡することを目的とする。地球環境の変遷と、小型哺乳類の適応放散、そして分類学的認識に関する作業仮説をたて、その検証を分子系統学および地史・動物化石学的立場から行う。

3. 研究の方法

国内外からのサンプル収集、分子系統学的解析、化石情報との照合による生物地理学的考察、機能遺伝子のアミノ酸置換に関する解析の4つの項目について研究活動を行う。

(1) サンプルの収集： ネズミ類、イタチ類、モグラ類、ウサギ類、ヤマネ類について日本国内外からの組織あるいはDNA試料の収集と保管を行い、今回そして将来の研究に供し、次世代の研究者に引き継ぐ。特に、ネズミ亜科については、本研究の大きな柱でもあり、海外における試料収集を重点的に行う。

(2) 分子系統学的解析： 上記5つの分類群についてミトコンドリアDNAおよび核DNAの遺伝子を用いて塩基配列の変異に基づく系統解析を行う。信頼における分析手法および化石資料を用いて、分岐年代の推定を行う。

(3) 化石情報も含めた生物地理学的解析： 上記5つの分類群について、担当者間での情報交換を行い、系統分化の時空間変化についての差異と類似点について考察を深める。さらに形態および生活型の時空間変化についても同様に理解を深める。

(4) 機能遺伝子のアミノ酸置換に

関する解析： 適応現象と密接な関連があると思われる遺伝子について分子系統学的解析を行い、アミノ酸レベルの変化を追跡する。具体的には毛色、関連遺伝子 *Mclr* においてアミノ酸置換速度の系統間比較を PAML を用いて行う。

4. 研究成果

業績 概要文

(1) サンプルの収集： ネズミ類、イタチ類、モグラ類、ウサギ類、ヤマネ類について日本国内外からDNA試料の収集と保管を行った。これによりこれまで4000個体におよぶDNA試料が保管されることとなった。

(2) 分子系統学的解析： 上記5つの分類群について塩基配列変異に基づく解析を行った。アカネズミ属の分子系統学的類縁関係(Suzuki et al., 2008)、アカネズミの遺伝的空間構造の創出要因の解明(Tomozawa & Suzuki, 2008; Tomozawa et al., 2010)、ミャンマー産新規発見種を含むハツカネズミ属の種間関係(Shimada et al., 2009, 2010)、イタチ類を含む食肉類系統の類縁関係(Sato et al. 2009)、ニオイモグラの系統学的位置(Shinohara et al., 2008)、ニホンノウサギの地理的変異(Nunome et al., in press)、ニホンヤマネのマイクロサテライト変異(Yasuda et al., 2009)について解析を行い、成果は論文として公表した。

(3) ネズミ亜科類、ウサギ類、モグラ類、イタチ類について、ミトコンドリアDNA (cytochrome *b*, 12S rRNA) および核遺伝子 (IRBP, RAG1) の塩基配列の変異に基づいた系統解析を行った。その結果、これらの分類群においては東南アジア域を起源とし、第三紀後期から第四紀における複数回の系統放散により、ユーラシア、アフリカ、北アメリカ、そしてオーストラリアに系統を到達させ、それぞれの大陸で引き続く進化的時間の中で系統の放散を行ったものと推察された。特に、ハツカネズミ属において詳細にその歴史を解き明かすことができ、500-600 万年前にインド、東南アジア、アフリカに固有の亜属系統が生じ、200-300 万前にさらにユーラシア亜熱帯域においてハツカネズミ亜属が、インド、東南アジア、ヨーロッパ (地中海沿岸域)、そしてミャンマーの4地域において固有の系統 (4つの Species Groups) を派生させ、それぞれの地域でニッチが許容する種数を充填すべく、

さらに引き続いて系統分化を行ったものと推察された(Shimada et al., 2010)。これらの進化過程は、ユーラシアの温帯域に展開するアカネズミ属(*Apodemus*; Suzuki et al., 2008)、東南アジアに展開するクマネズミ類(*Rattus* およびその近縁属群)においても同様の傾向を示すことが明らかとなった。これにより、地球の時空間の必然的要因によって種の多様化が連動的に行われたことを理解することが可能となった。地球レベルの系統分化の歴史の中で、日本列島の哺乳類種も上記の流れに呼応する形で種の多様化が図られたことも明らかとなった(Suzuki 2009)。

(4) 食肉目に属する 51 種について 5 つの核遺伝子エクソン領域の塩基配列約 5.5kb を決定し、分子系統解析を行った。19 世紀における記載以来、未解明であったレッサーパンダの系統学的位置付けを決定し、本種が 2950 万年前にその他のイタチ上科の系統(イタチ科とアライグマ科)と分岐した古い系統を維持する唯一の現生種であることが明らかとなった。また、食肉目イヌ亜目における系統の多様化は段階的な放散によることが示唆された(Sato et al., 2009)。

(5) 環境変動および長距離分散が当該生物種の進化的変化に与える影響を理解するために、ハツカネズミ属の系統分化と毛色関連遺伝子 *Mclr* の分子進化的特性の関係を調べた。非同義置換率・同義置換率の比を指標として調査したところ、ハツカネズミ亜属の祖先系統において有意に加速化されていることが判明した(Shimada et al., 2009)。長距離分散後の新規の環境に適応したことがその要因のひとつとして推察された。

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 15 件)

- ① Nunome, M, Ishimori, C, Aplin, K, Tsuchiya, K, Yonekawa, H, Moriwaki, K, Suzuki, H. Detection of recombinant haplotypes in wild mice (*Mus musculus*) provides new insights into the origin of Japanese mice." *Molecular Ecology*, 2010 (in press) 査読有
- ② Nunome, M, Torii, H, Matsuki, R, Kinoshita, G, Suzuki, H. The influence of Pleistocene refugia on the evolutionary history of the Japanese hare, *Lepus brachyurus*. *Zoological Science*, 2010 査読有
- ③ Tomozawa, M, Tomida, H, Suzuki, H, Tsuchiya, K. Mitochondrial phylogeography and population history of the large Japanese wood mouse (*Apodemus speciosus*) on Sado

Island, Japan. *Mammal Study*, 2010, 35:93-97.

査読有

④ Shimada, T, Aplin, KP, Suzuki, H. *Mus lepidoides* (Muridae, Rodentia) of Central Burma is a Distinct Species of Potentially Great Evolutionary and Biogeographic Significance. *Zoological Science*, 2010, 27(5):449-459. 査読有

⑤ Sato, JJ, Wolsan, M, Minami, S, Hosoda, T, Sinaga, MH, Hiyama, K, Yamaguchi, Y, Suzuki, H. Deciphering and dating the red panda's ancestry and early adaptive radiation of Musteloidea. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 2009, 53: 907-922. 査読有

⑥ Shimada T, Sato JJ, Aplin KP, Suzuki H. Comparative analysis of evolutionary modes in *Mclr* coat color gene in wild mice and mustelids. *Genes & Genet Systems*, 2009, 84: 225-231. 査読有

⑦ 山田文雄、黒岩麻里、鈴木仁、村田智慧 オキナワトゲネズミ再発見と、トゲネズミ研究の最近 *哺乳類科学* 2009, 49: 1,133-135 査読無

⑧ Suzuki, H. A molecular phylogenetic view of mammals in the "three-story museum" of Hokkaido, Honshu, and Ryukyu Islands. *The Wild Mammals of Japan*. Eds., Ohdachi SD, Ishibashi Y, Iwasa MA, Saitoh T, Shoukadoh, Kyoto. 2009, Pp 261-263. 査読無

⑨ Nunome., M., Suzuki H., and Moriwaki K. Mozaic genome structure of multiple subspecies in the Japanese wild mouse *Mus musculus*. *The Wild Mammals of Japan*. Eds., Ohdachi SD, Ishibashi Y, Iwasa MA, Saitoh T, Shoukadoh, Kyoto. 2009, Pp 180-181. 査読無

⑩ Suzuki, H., Filippucci, MG., Chelomina, GN., Sato, JJ., Serizawa, K, Nevo, E. A biogeographic view of *Apodemus* in Asia and Europe inferred from nuclear and mitochondrial gene sequences. *Biochemical Genetics*, 2008, 46:329-346. 査読有

⑪ Tomozawa, M, Suzuki, H. A trend of central versus peripheral structuring in mitochondrial and nuclear gene sequences of the Japanese wood mouse, *Apodemus speciosus*. *Zoological Science*, 2008, 25: 273-285. 査読有

⑫ Shinohara, A., Kawada, S, Harada, M, Koyasu, K, Oda, S, Suzuki, H. Phylogenetic relationships of the short-faced mole, *Scaptochirus moschatus* (Mammalia: Eulipotyphla), among Eurasian fossorial moles, as inferred from mitochondrial and nuclear gene sequences. *Mammal Study*, 2008, 33: 77-82. 査読有

⑬ Yasuda, SP, Nakayama, A, Iwabuchi, M, Minato, S, Tsuchiya, K, Suzuki, H. Isolation and development of microsatellite markers for the Japanese dormouse, *Glirulus japonicus*.

Molecular Ecology Resources, 2008, 9:569-571.

査読有

⑭ 鈴木仁 日本の野生哺乳類にみる毛色の進化 生物の科学遺産, 2008, 62 (6) : 60-61. 査読無

⑮ Nunome, M., Yasuda, SP., Sato, JI., Vogel, P., Suzuki, H. Phylogenetic relationships and divergence times among dormice (Rodentia, Gliridae) based on three nuclear genes. Zoological Scripta, 2007, 36:537-546. 査読有

[学会発表] (計 31 件)

- ① 細田徹治 ミトコンドリア DNA から見た台湾産イタチ類相の形成史 日本哺乳類学会 2009年11月 台北大会
- ② 布目三夫 複数遺伝子座を用いたニホンノウサギ4亜種の遺伝的背景の解析 日本哺乳類学会2009年度大会, 口頭発表 (2009年10月)
- ③ 白田大輝 ユーラシア産野生ハツカネズミの系統地理学的解析 日本遺伝学会第81回大会, 2009年9月17日 松本
- ④ 鈴木仁 日本産小型哺乳類の系統地理学的概観と進化遺伝学への活用 日本遺伝学会ワークショップ: 遺伝学の素材としての日本の野生生物 (オーガナイザー) 2009年9月16日 松本
- ⑤ Nunome, M. A role of Pleistocene refugia in shaping genetic diversity of the Japanese hare, *Lepus brachyurus* 第10回国際哺乳類学会議 (10th International Mammalogical Congress), アルゼンチン ポスター発表 (2009年 8月)
- ⑥ Wolsan, M. Multilocus phylogeny of Mustelidae and the ancestry of the South American species 第10回国際哺乳類学会議 (10th International Mammalogical Congress), アルゼンチン (2009年 8月)
- ⑦ 鈴木仁 (招待講演) 野生ネズミ類の多様性の歴史とゲノム学への活用 第89回理研バイオリソースセンターセミナー 2009年8月4日 つくば
- ⑧ 鈴木仁 *Mus* 属のユーラシア亜熱帯域での展開とモロシヌスの来た道 第23回モロシヌス研究会 2009年7月11日 大津市
- ⑨ 桐原崇 日本産モグラ類の分子系統と系統地理 研究交流会「哺乳類の多様性研究」2009年6月23日 札幌
- ⑩ 安田俊平 マイクロサテライトを用いたニホンヤマネの配偶システムと巣箱共有個体の血縁関係解析 日本哺乳類学会 2008年 9月13-14日 山口
- ⑪ 友澤森彦 マイクロサテライトマーカーを用いたアカネズミ島嶼集団の遺伝解析 日本哺乳類学会 2008年 9月13-14日 山口
- ⑫ 布目三夫 第四紀の複数のレフュージアがニホンノウサギの遺伝的多様性に与えた影響 についての系統地理学的解析 日本哺乳

類学会 2008年 9月13-14日 山口

- ⑬ 白田大輝 野生ハツカネズミの系統地理学的研究への SNPs の活用 日本哺乳類学会 2008年 9月13-14日 山口
- ⑭ 神戸嘉一 *Mclr* 遺伝子の変異に基づく日本産クマネズミ *Rattus rattus* の遺伝的背景の解析 日本哺乳類学会 2008年 9月13-14日 山口
- ⑮ 鈴木仁 トゲネズミの進化的位置づけ 日本哺乳類学会 2008年9月13日 山口
- ⑯ 桐原崇 ミトコンドリア DNA および核遺伝子配列からみたコウベモグラ *Mogera* 日本哺乳類学会 2008年 9月13日 山口
- ⑰ 鈴木仁 複数の遺伝子配列の変異に基づく日本産野生ハツカネズミの起源 日本動物学会第79回大会 2008年9月6日 福岡
- ⑱ 鈴木仁 日本産野生ハツカネズミのが持つことなる亜種に由来する4つの遺伝的要素の特定 日本遺伝学会第80回大会 2008年9月3日 名古屋
- ⑲ 安田俊平 ESU 策定のための汎用分子マーカー開発の試み -ニホンヤマネをモデルとして- 日本進化学会第10回大会 2008年8月 東京
- ⑳ 布目三夫 The role of Pleistocene refugia in shaping genetic diversity of the Japanese hare (*Lepus brachyurus*). Hokkaido University Sustainability Weeks G8 Summit Round 2008年 6月 札幌
- ㉑ 鈴木仁 第三紀後期以降の哺乳類の断続的放散と日本産小型哺乳類の起源~韓国から日本への系統移入の多様な物語~ 韓国国立バイオリソースセンター(National Institute of Biological Resources (NIBR)) 2008年5月21日 仁川
- ㉒ 佐藤淳 日本固有種ニホンテンの保全遺伝学的研究 第55回日本生態学会 2008年3月 福岡
- ㉓ Suzuki, H A thirty-year project of the genetic survey on the wild mice Modern Achievements in Population, Evolutionary and Ecological Genetics 2007年 9月 ウラジオストック
- ㉔ 桐原崇 下顎骨形態および *Bmp4* 遺伝子からみたコウベモグラ(*Mogera wogura*)の種内変異 日本哺乳類学会 2007年9月 東京
- ㉕ 布目三夫 ニホンノウサギにみられる冬毛の白化が集団の遺伝的分化に与える影響の検証 日本哺乳類学会 2007年9月 東京
- ㉖ 安田俊平 多重遺伝子族 5S rDNA の変異を利用した集団の遺伝的分化の検出 日本哺乳類学会 2007年9月 東京
- ㉗ 鈴木仁 日本産野生ハツカネズミにおける亜種間組換え体探索と二次的接触の時空間動態把握 日本哺乳類学会 2007年9月 東

京

㉘ 友澤森彦 複数の核遺伝子から見たアカネズミの遺伝的多様性 ～伊豆諸島集団の遺伝的独自性～ 日本哺乳類学会 2007年9月 東京

㉙ 友澤森彦 複数の核遺伝子を用いたアカネズミ地域集団の歴史推定 日本動物学会 2007年9月 弘前

㊦ 安田俊平 ニホンヤマネは何種いるのか：遺伝子の解析から見えてきたこと 日本動物学会 2007年9月 弘前

㊧ 鈴木仁 連鎖遺伝子群のイントロン配列解析と日本産野生ハツカネズミの起源 日本遺伝学会第79回大会 2007年9月 岡山

[図書] (計1件)

甲山隆司 鈴木仁 第3章レッドエコシステム ボルネオ (大崎満、岩熊 編) Pp 73-99. 岩波出版 2008

6. 研究組織

(1)研究代表者

鈴木 仁 (SUZUKI HITOSHI)

北海道大学・大学院地球環境科学研究
院・准教授

研究者番号：40179239

(2)研究分担者

佐藤 淳 (SATO JUN)

福山大学・生命工学部・講師

研究者番号：80399162

(3)連携研究者

1) 篠原 明男 (SHINOHARA AKIO)

宮崎大学フロンティア科学実験総合センター・助教

研究者番号：1760187528

2) 甲能 直樹 (KOHNO NAOKI)

独立行政法人国立科学博物館・地学研究部・主任研究官

研究者番号：8261799924