



日本沿岸域に形態が違う2タイプのカマイルカ集団が 生息していることを遺伝学的に立証



図1. 外観も遺伝学的にも互いに異なる日本沿岸カマイルカの例（成熟メス）

写真提供：新潟市水族館

研究成果のポイント

- ・水族館でよく見られるカマイルカ (*Lagenorhynchus obliquidens*) について、水族館スタッフや漁師の間では、昔から「日本沿岸には見た目（形態）が異なる2タイプがいる」と言われてきた。しかし、遺伝学的にその違いは証明されていなかった。我々は、全国の水族館のご協力を得て、国内で飼育されている野生由来のカマイルカ全個体と座礁した数個体から試料を採取し、一塩基多型（SNP）の情報をもとに集団構造を解析した。さらに、集団の分岐年代を推定した。
- ・解析の結果、日本沿岸域には遺伝的に明瞭に区別される2集団が存在することが明らかとなった。これらの集団間では遺伝的交流に乏しく、一方は日本海に限定的に、他方は太平洋から日本海に広く分布していることが示された。また、最終氷期に入った11万年前ほど前から日本海的环境が変動し、これに呼応するように2集団が分岐したと推測された。

- ・本研究の成果は、分類学的、生態学的な新知見をもたらすだけでなく、日本沿岸のカマイルカが日本海の環境変化に伴い分岐したことを示唆した点において進化学的にも意義がある。また、飼育下カマイルカの繁殖管理や、野生個体の保全においても極めて重要な情報を提供するものである。

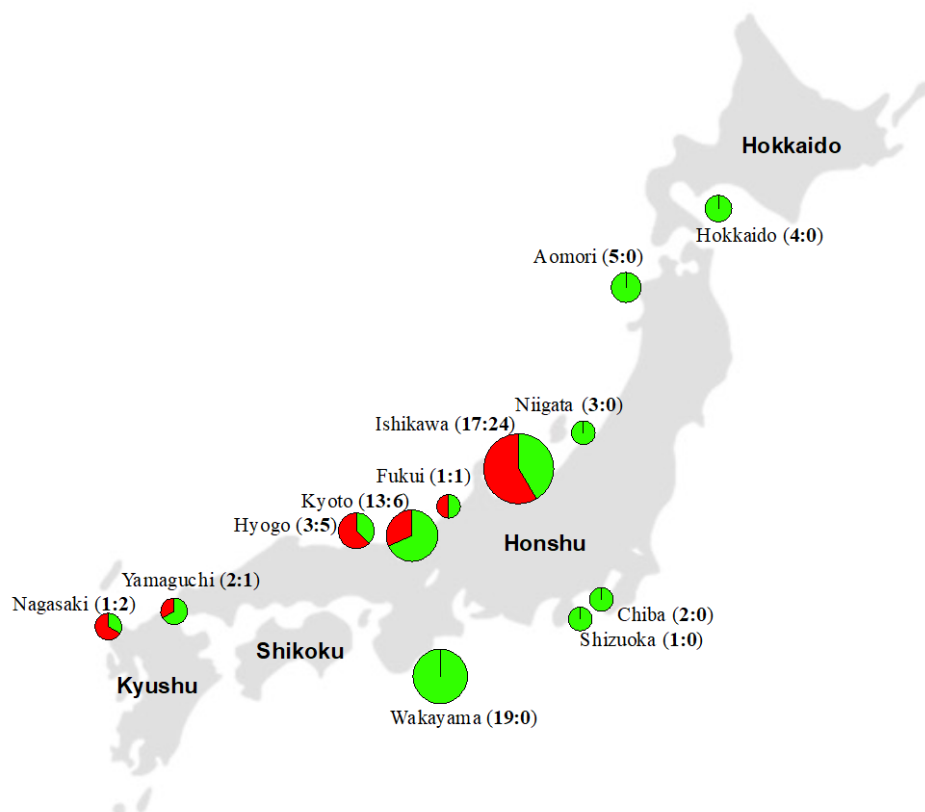


図2. 二つのカマイルカ集団の分布.
各集団に属する個体の割合を都道府県別に示している。

研究成果の概要

(背景)

カマイルカは、クジラ目マイルカ科に属する小型の鯨類であり、鎌のような形をした大きな背鰭に特徴があり、和名の由来となった。北太平洋の固有種であり、広く生息し、資源量も豊富であると推測されている。

北東太平洋での調査では、北緯37度以北と、32度以南で形態が異なるカマイルカが生息しており、これらの緯度の間にはそれらが混在していると報告された (Walker et al. 1986)。日本の近海においても、漁師や水族館の飼育員の観察により、形態が異なる2つのタイプが存在すると昔から指摘されていた (図1)。過去にミトコンドリアやマイク

ロサテライト座を用いて日本近海の個体の集団遺伝学的な解析が行われ、沿岸群と沖合群との間には遺伝的な違いが検出されたものの、日本沿岸群の中では遺伝的な分化は検出されなかった (Hayano et al. 2004).

今回、我々は、国内でカマイルカを飼育している全ての水族館にご協力いただいて、各地から水族館に搬入された日本沿岸産のカマイルカの試料を集め、ゲノムワイドに SNP 解析を行うことにより、遺伝的に 2 集団に分かれるのか否かを検証した。

(研究手法)

【試料】 2018 年から 2020 年にかけて、日本各地で捕獲された、ないしは座礁・迷入した後に、水族館に搬入・飼育されていた全ての個体、および複数の座礁個体からゲノム試料を採取した (n=123)。各試料からゲノム DNA を抽出し、これを解析に用いた。

【解析】

(1) **SNP に基づいた集団構造解析**：得られたゲノム DNA から multiplexed inter-simple sequence repeat genotyping by sequencing 法により各個体の一塩基多型 (SNP) 情報を取得した。SNP 情報に基づき、主座標分析と STRUCTURE 解析および主座標分析 (PCoA) を行い、日本沿岸のカマイルカの集団構造を調べた。

(2) **集団の分岐年代推定**：集団が分岐した年代を推定するため、ゲノムのヘテロ接合情報をもとに、確率モデルを用いて過去の有効集団サイズの変遷を解析した。方法としては、各集団から 1 個体ずつ、互いの遺伝距離が最も遠い個体を選び、全ゲノムリシーケンスを行なった。得られた配列情報に基づいて各個体のゲノム配列におけるヘテロ接合度を計算した。ミトコンドリアおよび性染色体の配列の削除と反復配列のマスキングを行い、さらに集団が分岐したか否かを明確に判断するため、各個体の半数体を融合させた擬二倍体を作成して、ペアワイズ・シーケンシャル・マルコフ・コアレセントモデル (PSMC) 法を用いて有効集団サイズの変遷を解析した。

(研究成果)

(1) **日本沿岸のカマイルカは 2 集団に明確に分かれる**：STRUCTURE 解析の結果、2 つの遺伝集団が存在し、集団間で遺伝的交流がほとんどないことが判明した。PCoA においても第一軸で 2 つのクラスターに分かれ、クラスタリングが STRUCTURE と完全に一致した。さらに、外部形態の違いと遺伝的クラスタリングとを照合した結果、ほぼ完全に一致した。これらのことから、日本沿岸には外部形態の異なる 2 集団のカマイルカが生息していることが明らかとなった。

(2) 各集団で分布範囲が異なる：遺伝的に分かれた各集団について、個体の由来海域を都道府県別に分けて地図上にプロットした(図2)。これを見ると分かる通り、一方の集団は、日本沿岸でカマイルカが生息していると考えられる日本海から太平洋にかけての海域のほぼ全域にわたり出現し、他方の集団は石川から長崎にかけての日本海側に限定して出現することが判明した。

(3) 2 集団は約 11 万年前に分岐した：PSMC 法で有効集団サイズの変遷を解析したところ、約 11 万年前あたりで別の挙動を示しはじめたことが分かった。擬二倍体も同じタイミングで挙動が変化したことから、それまでは一集団としてふるまい、11 万年前から集団が分岐したと強く示唆された。

11 万年前には地球が最終氷期に入り、氷河の形成により海の水位が下がり、日本海が周囲の海洋から隔離されて太平洋との交流が途切れがちになった。また、対馬暖流の流入が途切れて寒冷化し、中国大陸の川からの水の流れ込みにより塩分濃度が低下するなど、日本海には大きな環境変化がもたらされた。この時に日本海に閉じ込められた遺存群が分化したのではないかと推測される。氷期が終わって水位が上がり、日本海が再び周囲の海とつながった後に、太平洋にいた個体群が日本海へ拡散したと考えられるが、これを確かめるためにはさらなる研究が必要である。

上記の通り、本研究により、昔から飼育現場で指摘されてきた「外部形態の異なる 2 タイプのカマイルカが日本沿岸域に生息している」ことを遺伝的な証拠を持って立証できた。海というひらけた場所で生物集団の分化が起きるプロセスについては未だ不明な点が多いが、本研究で最終氷期による海の環境変化がイルカの集団分岐を促したことを示唆できたことは、進化学的、集団遺伝学的に意義があると考えられる。また、遺伝的交流がほぼ見られない 2 集団が存在することが明らかとなったことにより、飼育下でのカマイルカの繁殖管理や、野生個体の保全を考える上でも、極めて重要な情報がもたらされた。

(今後の展望) 今後は、遺伝的差異が証明された 2 集団の分岐の度合いについて、別種レベルなのか亜種レベルなのかを、形態学的、遺伝学的、繁殖学的に明らかにしていく予定であり、イルカの新種記載へと繋がる可能性がある。また、日本海での大きな環境変動が集団分化を駆動したのであれば、変化した環境に適応するために生理機能に関連する遺伝子が加速進化した可能性が高いため、これも併せて検証していく予定である。

発表論文の概要

掲載誌： **Molecular Ecology** (DOI : 10.1111/mec.16797)

題名： Genomics reveals a genetically isolated population of the Pacific white-sided dolphin (*Lagenorhynchus obliquidens*) distributed in the Sea of Japan

著者： Miwa Suzuki, Kaho Ohno, Eitaro Sawayama, Shin-Ichi Morinaga, Takushi Kishida, Teruyo Matsumoto, Haruhiko Kato

公表日： 2022 年 11 月 28 日 (オンライン公開)

*この研究は、日本大学、新潟市水族館、ふじのくにミュージアム、帝京科学大学の共同研究成果として発表された。また、カマイルカを飼育している全ての水族館のご協力のもとに遂行された。

お問い合わせ先

日本大学生物資源科学部海洋生物資源科学科 海洋生物生理学研究室

鈴木美和 (すずき みわ)

TEL/FAX 0466 (84) 3683 E-mail: suzuki.miwa@nihon-u.ac.jp

文責：海洋生物生理学研究室 教授 鈴木美和