

北日本のメダカと南日本のメダカの分岐は
ヒトとチンパンジーの分岐より3倍以上古かった！
—新しい遺伝子解析法が明らかにした予想外の進化史—

発表者:

東京大学海洋研究所 教授 西田 睦、 助教 馬淵浩司

◁◁ ◁◁

概要: 北日本のメダカと南日本のメダカが共通の祖先から枝分かれ (分岐) した時期は、ヒトがチンパンジーとの共通祖先から枝分かれした時期よりも3倍以上古いことが、東京大学海洋研究所と千葉県立中央博物館が共同で行なった遺伝子解析により明らかになりました。この結果は、脊椎動物のゲノム進化や、日本の生物相の成り立ちを理解する上で重要な意味をもつものです。この研究成果は英国王立協会が発行する *Biology Letters* のオンライン版に7月9日付けで発表されました。(なお、印刷出版は9月頃になる予定です。)

◁◁ ◁◁

● 背景

北日本に生息するメダカと南日本に生息するメダカは、姿形がよく似ているので同じ「メダカ」という種(しゅ)に分類されています。しかし両者は、遺伝的にみると大きく異なっていることが以前から知られていました(図1および2)。また、両者が共通の祖先から枝分かれ(分岐)した時期は、ミトコンドリアDNAのある領域で観察された違いの程度に基づき「単純な計算方法」(分子時計と呼ばれる)を適用し、400~470万年前と見積もられていました(この時期は、ヒトがチンパンジーとの共通祖先から枝分かれした時期(500~600万年前)よりやや新しい時期です)。この見積もりをもとにして、最近明らかにされたメダカゲノムを見ると、それはヒトやチンパンジーのゲノムよりもはるかに早く変化していることになってしまうのですが、果たして本当にそうなのかという問題がありました。この問題の背景には、「単純な計算方法」で南北メダカの枝分かれ時期が推定されているということがあり、計算方法の改善とより信頼性の高い分岐年代の推定が望まれていました。

● 研究方法と結果

東京大学海洋研究所の西田 睦教授と千葉県立中央博物館の宮 正樹上席研究員らの研究グループは、南北日本のメダカから DNA を抽出し、ミトコンドリア DNA の全長配列データを比較し、最近開発されたベイズ法と呼ばれる計算方法で、メダカの枝分かれ時期を丁寧に推定しました。この「新しい計算方法」では「種が異なると DNA の変化する速度も異なることがある」という、進化の現状をよりよく反映した前提を織り込んでいます。この新しい方法を適用した結果、北日本のメダカと南日本のメダカは、共通の祖先から**約 1800 万年前に枝分かれした**という結果が得られました。

- 結果からいえること

本研究で推定された北日本と南日本のメダカを隔てる時間は、従来の推定のおよそ4倍にもものぼり、一見とんでもない推定値のように思えます。しかし興味深いことに、推定されたこの時期は丁度、アジア大陸から日本列島の北半分と南半分が別々に分離し始めた時期に相当しています(図3)。南北日本のメダカは、このような地質学的な出来事と歩調を合わせて枝分かれしたと考えることができ

図とその説明文



図1．メダカ北日本集団（成熟雄：佐渡島産）．南日本集団と比べて鱗に黒い染み状の模様が顕著，背鰭の欠刻が浅い，雌雄差が明瞭でないなどの特徴をもつ．（神奈川県立生命の星・地球博物館提供：瀬能 宏撮影）



図2．メダカ南日本集団（成熟雄：沖縄島産）．鱗に黒い染み状の模様がでない，背鰭の欠刻が北日本集団と比べて深い，雌雄差が明瞭などの特徴をもつ．（神奈川県立生命の星・地球博物館提供：瀬能 宏撮影）

