

## 研究課題

日本沿岸に生息するネズミイルカ *Phocoena phocoena* の形態的・遺伝的分化  
(Morphological and genetic differentiation of harbour porpoise *Phocoena phocoena* in the coastal area of Japan)

## 共同研究者

松石 隆(北海道大学大学院水産科学研究院・教授)

名倉 のどか(北海道大学大学院水産科学院・修士課程 1 年)

国末 達也(愛媛大学化学汚染・沿岸環境研究拠点・教授)

## 研究目的

本研究は、ネズミイルカ *Phocoena phocoena* 北西太平洋個体群の分類学的地位を形態学・ミトコンドリア全ゲノム(ミトゲノム)を用いた集団遺伝学的手法を用いて初めて明らかにし、保全や人間活動との共存を実現する基礎情報を提供することを目的とする。

ネズミイルカ(図 1)は北半球の沿岸域に広く生息する小型ハクジラ類であり(Gaskin, 1984), 北西太平洋, 特に北日本沿岸域にも生息している(図 2)。北西太平洋のネズミイルカは頭足類・魚類・十脚類など多様な生物を捕食していることや, 主要な餌生物が異なる地域があることが明らかになっており(Matsui *et al.*, 2020), 北西太平洋の海洋生態系のキーストーン種である可能性も考えられ, その保全は生態系多様性の保全につながる。

ネズミイルカは東太平洋亜種 *P. p. vomerina* を含めた 3 亜種が認められている。北西太平洋個体群は東太平洋亜種と同一亜種とされているが, 分化の



図 2. ネズミイルカ

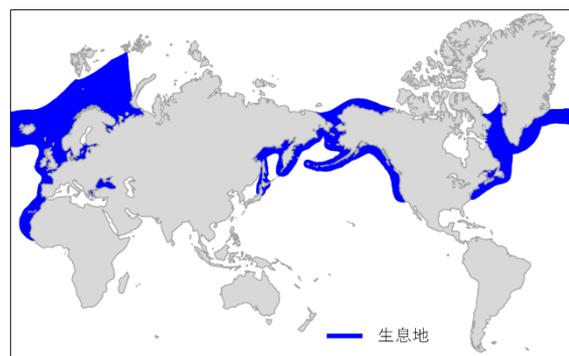


図 1. ネズミイルカ生息地

程度は体系的に評価されておらず、独立した亜種である可能性が示唆されている (Matsui *et al.*, 2021)。内分泌かく乱化学物質による汚染 (Fujii *et al.*, 2018) や混獲 (Gaskin *et al.*, 1993; SNH, 2023) が明らかとなっていることから、具体的な保全対策を実行するためにも、北西太平洋個体群の分化の体系的評価が急務である。

鯨類における亜種分類の定義は、形態学的に有意な差異があることに加え、集団遺伝学的解析によって示される純塩基置換数が 0.0006 以上 0.008 以下であることである。体長や頭骨の計測にもとづく形態の差異は、餌の入手可能性や水温等の物理環境の違いなど複合的な要因が寄与しており (Galatius & Gol'din, 2011)、有意な差が認められれば、長期間異なる環境下で生息していたことが明らかとなり、地理的隔離が示される。集団遺伝学的解析は遺伝的交流の程度を推定し、生殖隔離の有無やその分化の程度を示す。

鯨類の集団遺伝学にはミトコンドリア DNA 調節領域や *Cyt-b* が用いられてきたが、これらの手法は高い相同性により系統樹の解像度を下げ、近縁の分類群の判別精度に問題があった。本研究ではミトゲノムを用いて全ての遺伝子を包括的に解析することから、これらの問題を解決しより詳細に系統関係の推定を行うことができる。ネズミイルカ北西太平洋個体群に対し、初めてミトゲノムを用いて系統関係を推定することにより、東太平洋亜種との系統関係や分化の程度を明らかにできると考えられる。

## 研究方法

本研究では、ネズミイルカ北西太平洋個体群の分類学的地位を、形態学及びミトゲノムを用いた集団遺伝学の 2 つの手法を用いて明らかにする。

### ・形態学分野

(1) ネズミイルカ北西太平洋個体群と東太平洋亜種の標本について、体長データと頭骨の各部位を計測したデータを得る。北西太平洋個体群については申請者が所属する研究室が所有する骨格標本、国立科学博物館に譲渡した骨格標本計 141 個体分について計測を行った。東太平洋亜種についてはスミソニアン博物館に所蔵されている標本を計測する。

(2) 多変量分散分析を用いて生息地間で各測定部位の差異を解析する。

(3) 主成分分析と分散分析を用いて生息地間で各主成分の差異を解析する。

以上から、ネズミイルカ北西太平洋個体群と東太平洋亜種の形態的差異を明らかにする。

#### ・集団遺伝学分野

(1) ネズミイルカ北西太平洋個体群は 21 個体の筋肉サンプルを用いる。サンプルは申請者が所属する研究室が収集した 10 サンプルと, es-BANK に保管されている 11 サンプルを用いる。ミトコンドリア DNA の抽出, PCR までを自身で行い, シーケンスは外注する。東太平洋亜種のデータは GenBank より得る。

(2) ネズミイルカ北西太平洋個体群と東太平洋亜種それぞれについてハプロタイプを決定した後, 進化モデルを選択し系統樹を作成する。

(3) 多型部位の割合, ハプロタイプ多様性, 塩基多様性を用いて遺伝的多様性を要約する。

(4) 有効集団サイズ, 純塩基置換数の推定を用いて人口動態を推計する。

以上から, 集団遺伝学的にネズミイルカ北西太平洋個体群と東太平洋亜種が分化していることを明らかにする。

#### ・分類学的地位の評価

形態学分野, 集団遺伝学分野の解析結果から, ネズミイルカ北西太平洋個体群の分類学的地位評価を行う。形態学的に有意な差異に加え, 隔離の有無を示す集団遺伝学的結果の基準として, 鯨類では純塩基置換数が 0.0006 以上 0.008 未満であることが採用されている。これらの基準に則って分類学的地位を評価し, 基準に合致する場合にはネズミイルカ北西太平洋個体群を新亜種として提唱する。

#### 研究成果

形態学分野では, ネズミイルカ北西太平洋個体群の体長と頭骨の 29 ヶ所について, 雌雄合わせて 141 個体分のデータを取得した。

集団遺伝学分野では、形態学分野で用いた個体の DNA 用筋肉サンプルを *es*-BANK より 11 個体入手し、研究室が所有していた 10 個体と併せ DNA 抽出までを終了した。また東太平洋亜種のミトゲノムデータを GenBank より入手し、予備的な解析として系統樹の作成を試みた。

## 今後の課題

形態学分野では、東太平洋亜種の体長と頭部の測定データを手し、これまでに得られた北西太平洋個体群のデータと共に統計解析を行い、北西太平洋個体群と東太平洋亜種間の形態的差異を明らかにする。

集団遺伝学分野では、今回得られた DNA からさらに実験を重ね、ミトゲノムのシーケンスデータを得る。GenBank から取得済みの東太平洋亜種のミトゲノムと併せ解析を実施する。

形態学分野、集団遺伝学分野の解析結果が得られた後、鯨類の亜種判断基準にのっとり分類学的地位を評価し、基準に合致する場合にはネズミイルカ北西太平洋個体群を新亜種として提唱する。