



HOKKAIDO UNIVERSITY

Title	Genetic variation and diversity in wild small mammals : an analysis on a mutation in coat color-determining gene of Norway rat (Rattus norvegicus) and phylogeography in Japanese moles [an abstract of dissertation and a summary of dissertation review]
Author(s)	角井, 建
Degree Grantor	北海道大学
Degree Name	博士(情報科学)
Dissertation Number	甲第16509号
Issue Date	2025-03-25
Doc URL	https://hdl.handle.net/2115/95130
Rights(URL)	https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/
Type	doctoral thesis
File Information	Takeru_Tsuno_i_abstract.pdf, 論文内容の要旨



学 位 論 文 内 容 の 要 旨

博士の専攻分野の名称 博士(情報科学) 氏名 角井 建

学 位 論 文 題 名

Genetic variation and diversity in wild small mammals: an analysis on a mutation in coat color-determining gene of Norway rat (*Rattus norvegicus*) and phylogeography in Japanese moles (野生小型哺乳類における遺伝的多型と多様性: ドブネズミ (*Rattus norvegicus*) における毛色決定遺伝子の変異解析と日本産モグラ類の系統地理学的解析)

野生動物は多くの表現型・遺伝型の多型を持ち、この生物多様性の遺伝的・進化的背景を調査することは生物学におけるもっとも重要な課題の一つである。この生物多様性は生物的・非生物的要因の影響のもと形成され、生物の進化や適応の遺伝的メカニズムに関する重要な知見を提供する。自然選択、遺伝的浮動、遺伝子流動が複雑に相互作用する野生集団において、このテーマは極めて重要な意義を持つ。ここではこのテーマに取り組むため、大きく分けて以下の二つの研究に焦点を当てる。1) 野生のドブネズミ (*Rattus norvegicus*) における毛色変異の発生に関する遺伝的基盤の検証、2) 地中生物であるアズマモグラ (*Mogera imaizumii*) とコウベモグラ (*Mogera wogura*) の系統地理学的パターンの解明。

PARTI では日本の佐渡島で採集された、黄色い毛色を持つ変異型のドブネズミを対象にその遺伝的基盤を調査した。毛色決定遺伝子の一つである *Mclr* の配列を決定した結果、この表現型を引き起こす責任変異として 1 塩基の欠失が認められた。毛色は測色系を用いて野生型ラットおよびゲノム編集されたマウスのものと比較され、同じような変異を起こしたマウスと比べても有意に毛色が薄いことが示された。このことから、哺乳類の毛色決定には未だ未知のメカニズムが関与している可能性が示唆された。また、哺乳類の *MC1R* における色素減退変異に関する過去の論文を調査し、変異の起こる位置と種類の関係に一定の相関性があり、フレームシフトを引き起こす欠失変異は細胞外領域で、単純な塩基置換は細胞膜内領域もしくは細胞内領域で起こる傾向にあることを見出した。

PARTII ではアズマモグラの遺存個体群の系統地理学的解析をおこなった。アズマモグラは主に東日本に生息するが、コウベモグラが主に優占する西日本においてもアズマモグラの孤立した個体群がパッチ状に分布している。中国地方の比婆山、四国の石鎚山と剣山、および隠岐島後と小豆島に存在するこれらはかつてアズマモグラを東方へ追いやったコウベモグラの侵出を免れた遺存個体群であると言われている。本研究ではこれらの集団が形成された歴史的背景を解明するためにミトコンドリア DNA の *Cytb* 配列を解析した。その結果、これらの遺存個体群の *Cytb* 配列は特徴的なハプログループに属し、東日本に分布する 3 つの主要系統から約 70 万年前に分岐したことが示唆された。このことから西日本におけるアズマモグラとコウベモグラの集団構造は過去 10 万年周期で繰り返された第四紀環境変動に応じた集団の拡大と縮小によって形成されたのではないかと考えられる。

PARTIII では、アズマモグラとコウベモグラの両種に対して縮約ゲノム解析をおこない、その詳細な遺伝的集団構造を明らかにした。縮約ゲノム解析は MIG-seq を用いたリードデータの取得とそれらを新たに作成したコウベモグラのドラフトゲノムにマッピングすることによっておこな

われた。fastSTRUCTURE を用いた集団構造の解析では、アズマモグラは 3 つの遺伝的なクラスターに、コウベモグラは 5 つのクラスターに分類された。アズマモグラのクラスター間の FST 値は 0.376-0.478 と高く、高度な分化が示唆された。コウベモグラのクラスター間の FST 値も 0.291-0.757 と非常に高かったが、中国地方で採集されたサンプルは ncMwo-2 と ncMwo-3 の両方のクラスターに分類されており、これは二つのクラスター間で二次的接触による遺伝子移入が起こったことを示唆している。また、アズマモグラとコウベモグラの双方が集団境界としている近畿地方は現在もしくは過去の地理的障壁と関連している可能性があり、特に地形的障壁、種間相互作用、植生の変化など複合的な要素によって集団の分化が促進されている可能性もある。

PARTIV では PARTIII で定義された遺伝的クラスターの集団史に関して、全ゲノム解析に基づいてより詳しく歴史的背景を解明することを目的としている。ここでは PARTIII で作成されたドラフトゲノムに加えて Omni-C 法を用いたリードを統合してより信頼性の高いリファレンスゲノム配列として、アズマモグラ 6 個体とコウベモグラ 10 個体を対象とした全ゲノムシーケンシングがおこなわれた。PSMC による集団動態推定ではアズマモグラがコウベモグラよりも寒冷地への適応性が高く、寒冷期 (PGM) に集団が拡大したという仮説を支持する結果が得られた。