

配布先：京都大学記者クラブ、文部科学記者会、科学記者会

報道解禁：なし

2026年3月30日

ゲノムでみえた希少魚ネコギギの集団形成史

—ゲノムに残る最終氷期の河川の痕跡—

概要

近年のゲノムシーケンシング技術の向上は、生物多様性の理解にも革命をもたらし続けています。身近な生物に対してゲノム分析を適用することで、その自然史を解像度高く理解し、保全や利用に応用することが現実的になっています。

大貫溪介 理学研究科博士課程学生（研究当時，現：国立遺伝学研究所・日本学術振興会特別研究員 PD），渡辺勝敏 理学研究科教授，田畑諒一 琵琶湖博物館学芸員，三品達平 九州大学大学院農学研究院助教，西田睦 東京大学大気海洋研究所名誉教授の研究グループは、伊勢湾・三河湾周辺にのみ生息する日本固有種の淡水魚で絶滅危惧種でもあるネコギギ（ナマズ目ギギ科）についてゲノム分析を行い、従来の遺伝分析では見いだせなかった本種の地域集団分化の歴史を明らかにしました。ネコギギは湾周辺の河川の中・上流部に分布し、生息地改変により絶滅の危機に瀕する地域集団を多く抱える種ですが、遺伝的多様性の低さのため、地域集団間の関係はほとんど分かっていませんでした。本研究では、現存するネコギギは、海水準が低下し湾全体が陸地となった最終氷期には単一の集団を形成しており、最終氷期半ばから後氷期の海水準上昇が生じた数千年前にかけて集団分化したことが分かりました。集団分化の過程で、地域集団はまず伊勢湾奥部と湾口部周辺に分化したと推定され、特に湾口部の集団にあたる現在の湾をまたいだ東西の集団が遺伝的に近い関係を示しました。こうした集団分化のパターンは、現在の湾部にかつて存在した、大きな古水系による河川の連結を強く反映していると考えられます。本研究は、古水系が作り出したネコギギの地域集団の多様性をゲノム分析によって解明し、分布形成の歴史を踏まえた生物多様性の保全の重要性を提示するものです。

本研究成果は、2026年3月26日に、国際学術誌「*Ecology and Evolution*」にオンライン掲載されました。



図：ネコギギ（撮影：渡辺勝敏）と本研究で推定された本種の地域集団間の遺伝的關係。白線は現在の河川，青線は最終氷期の古水系と海岸線をそれぞれ表す。

1. 背景

生物多様性の保全は現代的課題です。生物が進化し続ける存在であることを考えれば、生物多様性保全において求められるのは進化的実体自体の保全であり、対象となる生物の進化史を踏まえて行われることが重要です。例えば、対象種がどのようにして現在の分布に至ったのか、その種に含まれるどの集団とどの集団が遺伝的に近縁・遠縁な関係にあるのかを把握し、それらに応じて保全施策を展開する必要があります。1980年代後半に端を発し、生物の種内系統の空間的配置を調べる「系統地理学」^{*1}はその基盤となる研究分野であり、様々な生物種においてミトコンドリア DNA^{*2}やマイクロサテライト^{*3}といった遺伝マーカー^{*4}を用いた多くの研究が蓄積されてきました。しかしながら、こうした遺伝マーカーでは解像度が足りず、種内集団間の関係を知ることができないケースもありました。近年のゲノムシーケンシング技術の進歩と低コスト化は、この課題を解決しつつあります。身近な生物に対しても、全ゲノム配列の新規決定^{*5}、縮約ゲノムシーケンシング^{*6}、全ゲノムリシーケンシング^{*7}などの適用が可能となり、生物集団の歴史や関係性をこれまでにない解像度で解明することが可能になっています。

本研究で着目したナマズ目ギギ科のネコギギ *Pseudobagrus ichikawai*^{*8}は、伊勢湾・三河湾周辺の河川にのみ生息する日本固有の淡水魚であり、生息地改変により絶滅の危機に瀕する地域集団を多く抱える絶滅危惧種でもあります（図1）。本種を保全する単位を明確化し、効果的な保全策を講ずる上でも、各地域集団の歴史や地域集団間の関係性を理解する必要がありますが、ネコギギの非常に低い遺伝的多様性が原因で、系統地理学において使われてきた従来の遺伝マーカーでは、そういった情報を十分に得ることができていませんでした。



図1. ネコギギ（撮影：渡辺勝敏）

2. 研究手法・成果

本研究では、ネコギギの精度の高い全ゲノム配列を新規に決定するとともに、現在ネコギギが生息する水系をほぼ網羅する10水系17地点で採集した個体の鱗（ひれ）の一部を用い、従来の遺伝マーカーとしてミトコンドリア DNA 全長配列とマイクロサテライト多型データを取得し、さらにゲノムレベルの遺伝マーカーとして MIG-seq^{*9}法と全ゲノムリシーケンシング法によるゲノムワイド一塩基多型（SNP）データの取得を行いました。これらの遺伝マーカーを用いて系統地理学的な解析を行い、その結果を比較しました。特に新規決定した全ゲノム配列は、一塩基多型データの量と精度を大きく向上させ、また歴史的な集団サイズの変動の推定に役立てられました。

解析の結果、従来の遺伝マーカーでは地域集団間の関係を示すデータが得られなかった一方で、ゲノムレベルの遺伝マーカーを用いることで、地域集団の歴史と集団間の近縁性を明らかにすることができました。MIG-seqによる一塩基多型データを用いた解析では、各水系におけるネコギギ集団が明確な遺伝的グループを形成していることに加え、伊勢湾奥部の集団どうし、あるいは湾口部の集団どうしがそれぞれ近縁であるというパターンも検出されました。すなわち、湾口部の集団にとっては、陸つながりの湾奥部の集団よりも現在の湾をまたいだ東西の対岸集団の方が遺伝的に近い集団であることがわかりました（図2）。

全ゲノムリシーケンシングによる一塩基多型データを用いた解析では、湾奥部と湾口部の集団は最終氷期^{*10}にあたる5-3万年前にかけて分化、また湾奥部の各集団や湾口部の各集団は2-1万年前にかけて分化し、数千年前にかけて完全に遺伝的交流を絶ったと推定されました。これらのパターンには、海水準が低下した最終

氷期に現在の湾部に存在したと推定される大きな古水系による周辺河川間の連結が関係していると考えられます。つまり、上記の結果は、湾奥部と湾口部の集団が古水系の上流と下流で分化したのちに各集団が分化していき、後氷期^{*11}の海水準上昇によって伊勢湾・三河湾が形成されたことで各集団の分化が完成したことを示していると考えられます（図2）。

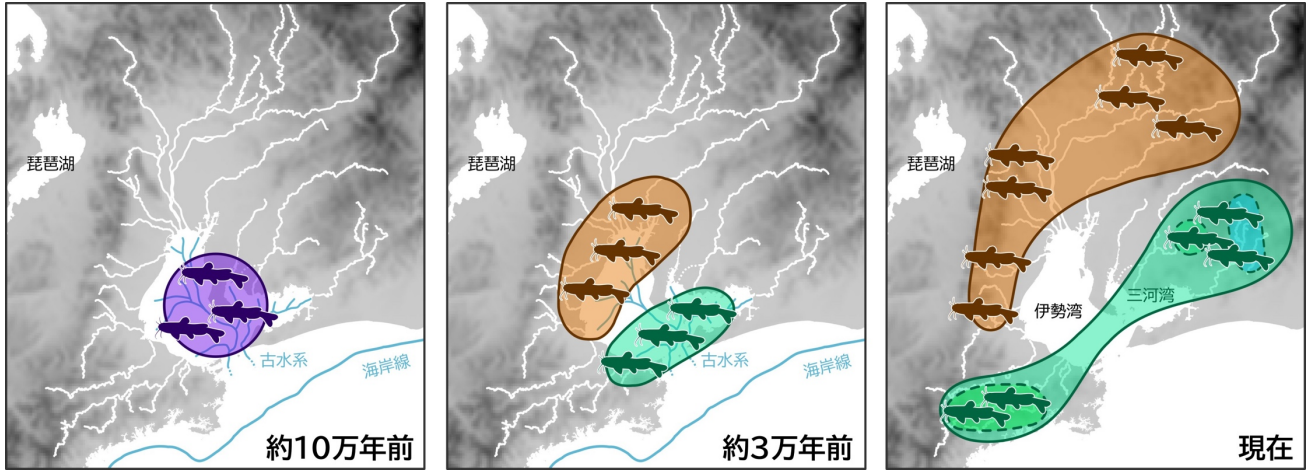


図2. 想定されるネコギギの集団分化過程の模式図。白線は現在の河川，青線は最終氷期の古水系と海岸線をそれぞれ表す。

分化した各地域集団は、後氷期にそれぞれ異なるパターンの個体数の増減を経験したと推定され、なかには他の地域集団に比べてごく小さい集団サイズで存続してきたと考えられるものや、最近大きく数を減らしたと考えられるものも確認されました（図3）。こうした全ゲノム分析から得られた情報は、ネコギギの保全施策を考える上で重要です。

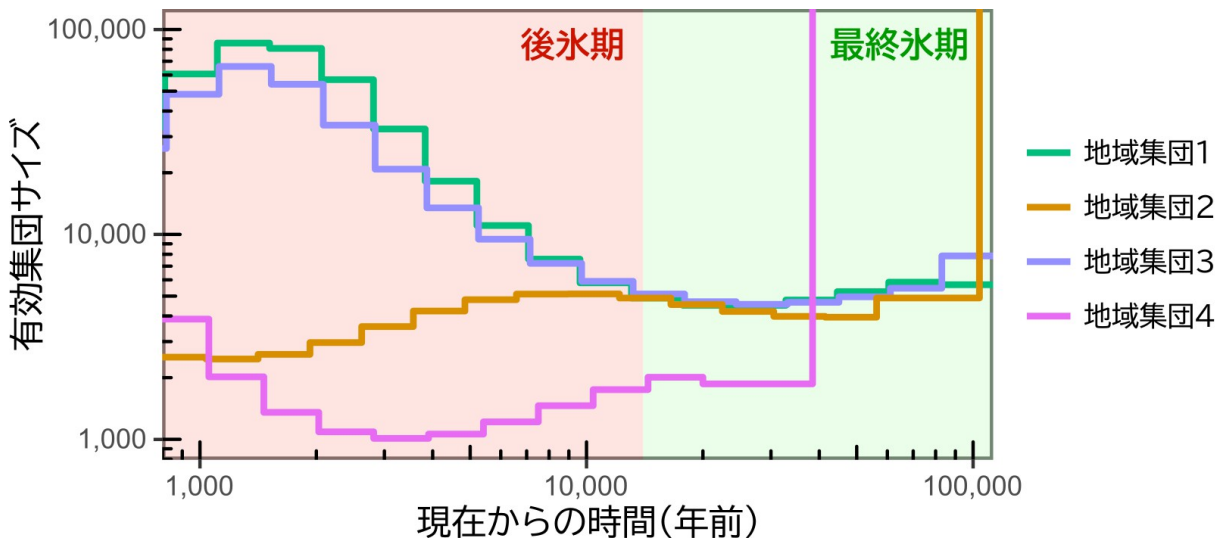


図3. 4つの地域集団についてMSMC法によって推定された過去の集団サイズ変動。

3. 波及効果、今後の予定

淡水生物の多様性が河川構造と深く結びついていることはこれまでも論じられてきましたが、本研究が示した古水系とネコギギの地域集団の関係は、生物が歴史の変遷の産物であることをひととき強く印象付けました。加えて、ゲノム分析を通じて従来の遺伝マーカーでは見いだせなかった遺伝的集団構造を解明したことは、地域集団の歴史を踏まえた生物多様性の保全を進める上でのゲノム分析の有用性を示しました。今

後、全ゲノム配列決定を含むゲノム分析を通じた自然史の解明と保全への応用が、さまざまな生物種において加速することが期待されます。

4. 研究プロジェクトについて

本研究は、日本学術振興会科学研究費助成事業（課題番号：97J05164, 20H03009, 研究代表者：渡辺勝敏；21K14869, 田畑諒一；22J23327, 22KJ2004, 大貫溪介；25K02327, 三品達平）および環境再生保全機構環境研究総合推進費（JPMEERF20224M02, 渡辺勝敏）の助成を受けて実施されました。

<用語解説>

※1 **系統地理学**：ある生物の種内の遺伝子系統の空間的な配置を調べ、生物がどのように現在の分布域を形成してきたのかを解明する学問分野。John C. Avise らにより 1980 年代後半に提唱された。

※2 **ミトコンドリア DNA**：細胞内の小器官であるミトコンドリアに含まれる DNA。核の DNA とは異なり、母親からのみ子へと伝わる特徴をもつ。種や集団の歴史を調べる研究に利用されてきた。

※3 **マイクロサテライト**：ゲノム中に存在する、2～数塩基程度の短い DNA 配列が繰り返し並んだ領域。単純反復配列ともいう。個体ごとに繰り返し回数が異なることが多い。個体識別や集団の遺伝的多様性の評価に用いられてきた。

※4 **遺伝マーカー**：個体や集団の違いを識別するための目印となる DNA 配列の総称。集団構造や系統関係、遺伝的多様性などを調べるために利用される。

※5 **全ゲノム配列新規決定**：ある生物種について、1 個体の全ゲノムの DNA 配列を解読すること。

※6 **縮約ゲノムシーケンシング**：ゲノム全体のうち、特定の領域のみを選んで効率的に解読する手法。コストを抑えながら多数の遺伝マーカーを取得できる。

※7 **全ゲノムリシーケンシング**：すでに解読されている全ゲノム配列を基準に、同種の別個体の全ゲノム配列を読み取り、基準となる配列との違いを網羅的に調べる手法。

※8 **ネコギギ *Pseudobagrus ichikawai***：伊勢湾・三河湾周辺の河川にのみ生息するナマズ目ギギ科の淡水魚。1957 年に当時三重大学の岡田弥一郎博士と窪田三郎博士により「ギギモドキ *Coreobagrus ichikawai*」として新種記載された。その和名が朝鮮半島産の種に使われていたことから、1963 年に中村守純博士により「ネコギギ」と改称された。学名は最近 *Tachysurus ichikawai* とされる場合もある。

※9 **MIG-seq**：簡便で小規模な縮約ゲノムシーケンシング手法の 1 つ。ゲノム中に広く分布するマイクロサテライトを利用し、その間に挟まれた領域（Inter-Simple Sequence Repeat）だけを選択的に解読する。Multiplexed ISSR Genotyping by Sequencing の略称。

※10 **最終氷期**：地球の歴史の中で繰り返されてきた寒冷期のうち、最も新しいもの。約 260 万年前に始まった第四紀には、寒冷な「氷期」と温暖な「間氷期」が周期的に繰り返されてきた。その最後の氷期である最終氷期は、約 11 万 5 千年前から約 1 万 2 千年前まで続き、約 2 万年前に寒さのピークを迎え、氷床や氷河が大きく拡大した。この気候変動は、海水準の低下や生物の分布変化を引き起こし、現在の生態系の形成に大きな影響を与えた。

※11 **後氷期**：約 1 万 2 千年前に最終氷期が終わった後の温暖な時代。氷河の後退とともに海水準の上昇や生物の分布域の拡大が生じた。氷期に挟まれていないので、同じく温暖な時代である間氷期とは区別して呼ばれる。

<研究者のコメント>

夜の川に現れるネコギギは、流れに逆らってゆらゆらと、ときに力強く進む姿がユニークな魚です。この魚がもつ歴史の一端を知ることができたことを嬉しく思います。本研究で用いたサンプルの中には、私が生まれた頃に収集されたものもありました。生き物たちの長い歴史に思いを馳せながら、自然史研究の歴史も繋いでいきたいです。(大貫溪介)

ネコギギの研究を始めた学部生のころから 40 年近い年月が流れました。ポストク時代に集め始めた貴重なサンプルを使って、若い人たちと一緒に最新の手法で解析し、まとめ上げることができました。ネコギギと共にあった若き日の研究生生活を熱く思い起こします。(渡辺勝敏)

<論文タイトルと著者>

タイトル : Genome-wide analysis successfully resolves population structure shaped by recent divergence in the endangered bagrid catfish *Pseudobagrus ichikawai* (ゲノムワイドな解析が明らかにした絶滅危惧種ネコギギの後期更新世の分化によって形成された集団構造)

著者 : Keisuke Onuki, Ryoichi Tabata, Tappei Mishina, Mutsumi Nishida, Katsutoshi Watanabe (大貫溪介, 田畑諒一, 三品達平, 西田睦, 渡辺勝敏)

掲載誌 : *Ecology and Evolution* DOI : <https://doi.org/10.1002/ece3.73263>

<研究に関するお問い合わせ先>

渡辺 勝敏 (わたなべ かつとし)

京都大学大学院理学研究科・教授

E-mail : watanak@terra.zool.kyoto-u.ac.jp

X : http://twitter.com/watanak_tweet

大貫 溪介 (おおぬき けいすけ)

情報・システム研究機構 国立遺伝学研究所・日本学術振興会特別研究員 PD

E-mail : fwfonk0238@terra.zool.kyoto-u.ac.jp

Bluesky : <https://bsky.app/profile/fwfonk.bsky.social>

<報道に関するお問い合わせ先>

京都大学 広報室 国際広報班

E-mail : comms@mail2.adm.kyoto-u.ac.jp

情報・システム研究機構 国立遺伝学研究所 広報室

E-mail : prkoho@nig.ac.jp