

令和元年5月12日現在

機関番号：10101

研究種目：基盤研究(B) (一般)

研究期間：2015～2018

課題番号：15H04410

研究課題名(和文) ユーラシア中央部・南部でのヒグマ多様性変遷の探求と北海道ヒグマ三系統の起源解明

研究課題名(英文) Study on changes of diversity of brown bears in central and southern Eurasia and origin of three lineages of brown bears in Hokkaido

研究代表者

増田 隆一 (Masuda, Ryuichi)

北海道大学・理学研究院・教授

研究者番号：80192748

交付決定額(研究期間全体)：(直接経費) 13,700,000円

研究成果の概要(和文)：Y染色体DNA分析により、北海道ヒグマ集団とユーラシア大陸ヒグマ集団との間に遺伝的分化があることが見出された。一方、北海道において地域集団間での遺伝的に分化は小さかった。これはヒグマのオスが広い行動範囲をもつことに起因するものであり、ミトコンドリアDNAタイプから検出される北海道の三重構造とは明確に異なっていた。さらに、ブルガリアおよびサハリンの古代ヒグマに関するミトコンドリアDNAタイプも明らかとなり、その動物地理学的歴史を検討した。

研究成果の学術的意義や社会的意義

ヒグマは森林生態系の頂点に立つ食肉類であり、その遺伝的多様性、分子系統ならびに進化的起源を明らかにすることは、生物多様性や生態系の保全を考える上で、重要な生物学的情報をもたらす。さらに、本研究はロシアおよびブルガリアとの国際共同研究であり、大陸レベルでのヒグマの動物地理学的歴史および北海道ヒグマの三重構造の形成過程を解明することに貢献するものである。従来の母系遺伝子ミトコンドリアDNAのデータに加え、父系遺伝子Y染色体DNAのデータを新しく加え、北海道ヒグマの独自性をさらに示した。

研究成果の概要(英文)：The analysis of Y chromosomal DNA showed the genetic differentiation between the Hokkaido population and the continental populations of brown bears. But, the paternal genetic difference among local populations within Hokkaido was small. This could have resulted from wider range of males than females, and was in contrast to the triple structure formed by maternally inherited mitochondrial DNA. In addition, analysis of ancient bear bones clarified mitochondrial DNA haplogroups of of brown bears in Bulgaria and Sakhalin, and discussed the zoogeographical history

研究分野：分子系統進化学

キーワード：ヒグマ ユーラシア 多様性 起源 系統地理学

様式 C - 19、F - 19 - 1、Z - 19、CK - 19 (共通)

1. 研究開始当初の背景

- (1) ヒグマを系統地理学研究の対象とする利点には、以下の点が挙げられる。
- ・北半球の新旧大陸において広く森林とともに分布を拡大した大型食肉類であるため、その動物地理的歴史が過去の植生の変遷も反映している。
 - ・クマ科におけるヒグマの系統的位置は研究されてきたが、種内の地理的変異が大きく未だ進化的特徴に不明点が多く、研究すべき点が多く残されている。
- (2) 北海道を中心としたヒグマについては、本研究グループのメンバーらによって、以下の成果が報告されていた。
- ・北海道全域のヒグマ頭骨計測を行い、ベルクマンの規則に従って南部から北東部の寒冷地に向かって大型化していることが明らかにされた(引用文献)。
 - ・ミトコンドリア DNA (mtDNA) 分析により、北海道ヒグマにおいて道南、道北-道央、道東のグループが別々に、三度、北海道へ渡来したこと(三重構造)が提唱された(引用文献)。
 - ・mtDNA 全ゲノム遺伝情報の決定と分子系統解析・分岐年代計算を行い、全世界ヒグマは東系統と西系統に分かれること、チベットヒグマは独自の系統であること、道南ヒグマがロッキー山脈ヒグマと同系統であること、南千島のヒグマが道東のヒグマと近縁であることが明らかにされた(引用文献)。
 - ・mtDNA 全ゲノム遺伝情報に基づき単一塩基多型 (SNP) を解明し、古い毛皮標本でも解析できる Amplified Product Length Polymorphism (APLP) 法と mtDNA ハプログループ (遺伝子系列) 決定法を確立が確立され、道東ヒグマと同系統がユーラシア中央部に分布していることが報告された(引用文献)。
 - ・北海道礼文島のヒグマ出土骨の古代 DNA 分析を行い、子グマを通じて古代の異文化間交流やクマ儀礼の起源が明らかされた(引用文献)。
 - ・ヒグマと他のクマ科の免疫遺伝子 (主要組織適合遺伝子複合体 MHC) を解析し、正の選択的平衡進化および種を越えた多型性などの分子進化的特徴が報告された(引用文献)。
 - ・ヒグマと他のクマ科の性染色体 DNA の分子進化研究を行い、行動圏が広いオスが駆動する進化が成立している(引用文献)。

< 引用文献 >

- Ohdachi et al. (1992) J. Mamm. Soc. Japan 17:27-47.
Matsushashi et al. (1999) Mol. Biol. Evol. 16: 676-684.
Hirata et al. (2013) Mol. Biol. Evol. 30: 1644-1652.
Hirata et al. (2014) Biol. J. Linn. Soc. 111: 627-635.
Masuda et al. (2001) Zool. Sci. 18: 741-751.
Goda et al. (2010) Tissue Antigens 76: 404-410.
Nakagome et al. (2008) Mol. Biol. Evol. 25: 1344-1356.

2. 研究の目的

上記のように、ユーラシア大陸には特異的な mtDNA タイプや北海道ヒグマと同系統が遺存的に分布していることが明らかになってきた。また、アジアとヨーロッパを分かつバルカン半島にも特異的な系統が分布する。このように、北海道およびアジア、バルカン半島はヒグマ進化のホットスポットと考えられる。そこで、ユーラシア中央部、サハリン、ブルガリアにおける現代ヒグマおよび古代ヒグマを分子系統学的に比較解析し、北海道 3 系統の動物地理的特徴を明らかにすることを目的とした。

3. 研究の方法

- (1) 現代ヒグマ研究については、父系遺伝する Y 染色体 DNA の塩基配列およびマイクロサテライトタイプを決定し、両者の遺伝子タイプについて、既報のユーラシア大陸および新大陸のタイプと比較解析した。そして、既報の母系遺伝子 mtDNA 分析による系統地理学的特徴と比較検討した。
- (2) 出土骨を用いた古代ヒグマ研究については、海外研究者の協力を得て、すでに代表者らのグループが公表した mtDNA の APLP 法を用いて、マルチプレックス遺伝子増幅法 (PCR) を行い、ハプログループを同定した。

4. 研究成果

(1) 海外ヒグマの研究については、ロシア科学アカデミー動物学研究所、同アカデミー動植物生態学研究所、ブルガリア科学アカデミー国立自然史博物館、およびトラキア大学との共同研究として行った。

(2) Y染色体DNA塩基配列に基づいた分子系統解析を行ったところ、北海道ヒグマ集団とユーラシア大陸ヒグマ集団との間に遺伝的分化があることが見出された。さらに、北海道内での地域変異は小さく、地域集団間で遺伝的に分化している傾向は見られなかった。これはヒグマのオスが広い行動範囲をもつことに起因するものであり、母系遺伝するmtDNAタイプから検出される北海道の三重構造とは明確に異なっていた。さらに、南千島のヒグマでは、母系遺伝系列と父系遺伝系列が異なっていることが見出された。これは、島集団の創始者効果とそれに続く遺伝的浮動が関係していることが示唆された。

(3) バルカン半島に位置するブルガリアにおける古代ヒグマについて、mtDNAのAPLP法を適用したところ、ユーラシアヒグマの西系統に分類されることが明らかとなった。さらに、mtDNAコントロール領域の部分塩基配列について、PCR産物ダイレクトシーケンス法によって決定し分子系統解析を行ったところ、現在のバルカン半島に分布するヒグマ系列と同系列であった。

(4) サハリンの古代ヒグマについて申請者らが以前に開発したAPLP法を用いて解析したところ、東ヨーロッパ系統のハプログループに含まれることが示唆された。現在、北海道に分布しているヒグマ集団の祖先は、サハリンを経由して北海道に渡ってきたと考えられるが、分析したサハリンの古代ヒグマからは北海道の道北-道央系列と同一のタイプは見つからなかった。さらに、ユーラシア大陸内部の古代ヒグマについて、道南系列の有無に着目して解析を進めたが、同系列は見出されなかった。

(5) 研究成果の一部は、学術論文として公表した。その他のデータは、現在、投稿準備中である。さらに、これまでの研究内容を一般に向けてわかりやすく公表するために、著書『哺乳類の生物地理学（東京大学出版会、2017年）』、『日本の食肉類（編著、東京大学出版会、2018年）』および、紀行文として『ユーラシア動物紀行（岩波新書、2019年）』を刊行した。

5. 主な発表論文等

〔雑誌論文〕(計 5 件)

増田隆一 (2019) 哺乳類の系統地理を探る～ヒグマの移動史. 生物科学 70: 25-30 (査読有).

増田隆一 (2018) 遺伝子が解き明かす北海道の生物地理. ビオヒストリー 30号: 12-15 (査読無).

Hirata, D., Mano, T., Abramov, A.V., Baryshnikov, G.F., Kosintsev, P.A., Murata, K., and Masuda, R. (2017) Paternal phylogeographic structure of the brown bear (*Ursus arctos*) in northeastern Asia and the effect of male-mediated gene flow to insular populations. Zoological Letters 3: 21. (DOI: org/10.1186/s40851-017-0084-5) (査読有).

増田隆一 (2016) 動物の進化をひもとく ～ 都会でくらす動物たちの遺伝的多様性. どうぶつと動物園 Autumn: 32-33 (査読無).

増田隆一 (2016) 夏期講演会DNAからみたヒグマの系譜—世界に発信！考古学と分子系統学のコラボレーション. 北海道立埋蔵文化財センター年報17: 38-45 (査読無).

〔学会発表〕(計 6 件)

増田隆一, 哺乳類食肉目の種多様性と生物地理的歴史, 第65回日本生態学会シンポジウム「系統地理学と地質学からせまる日本列島の生物多様性形成史」(於, 北海道札幌市), 2018年3月.

増田隆一, ヒグマの遺伝的多様性と移動の歴史, 北海道自然保護協会講演会(於, 北海道札幌市), 2017年5月.

増田隆一, ヒグマの多様性と北海道への渡来の歴史, 第23回氷海の民シンポジウム(第32回北方圏国際シンポジウム市民公開講座)(道民カレッジ連携講座)(於, 北海道紋別市). 2017年2月.

平田大祐, 間野勉, Abramov A.V., Baryshnikov G.F., Kosintsev P.A., 村田浩一, 増田隆一, Y染色体DNA多型に基づく北海道およびユーラシア大陸ヒグマの父系集団構造, 日本進化学会第18回大会(東京都), 2016年8月.

増田隆一, 動物の進化をひもとく～都会に暮らす動物たちの遺伝的多様性～, 井の頭自然文化園開園記念日講演会(於, 東京都武蔵野市), 2016年5月.

増田隆一, DNAからみたヒグマの系譜: 世界へ発信 考古学と分子系統学のコラボレーション, 北海道立埋蔵文化財センター・夏期講演会(於, 北海道江別市), 2015年6月.

〔図書〕(計 3 件)

増田隆一, 岩波新書, ユーラシア動物紀行, 2019, 195 pp.

増田隆一 編著, 東京大学出版会, 日本の食肉類: 生態系の頂点に立つ哺乳類, 2018, 302 pp.

増田隆一, 東京大学出版会, 哺乳類の生物地理学, 2017, 183 pp.

6. 研究組織

(1) 研究分担者

研究分担者氏名: 大舘 智志

ローマ字氏名: (OHDACHI, satoshi)

所属研究機関名: 北海道大学

部局名: 低温科学研究所

職名: 助教

研究者番号(8桁): 60292041

科研費による研究は、研究者の自覚と責任において実施するものです。そのため、研究の実施や研究成果の公表等については、国の要請等に基づくものではなく、その研究成果に関する見解や責任は、研究者個人に帰属されます。