

DNAから探るヒグマの渡来ルート

(Genetic variation of the Hokkaido brown bear)

ますだ りゅういち
1960年岐阜県生まれ。1989年北海道大学大学院理学研究科博士課程動物学専攻修了、理学博士。1989年米国立癌研究所・研究員。1991年北海道大学理学部附属動物染色体研究施設・助手、現在に至る。

増田 隆一

本文のねらい

親から子へと伝えられる唯一の遺伝情報「DNA」。そんなDNAの多様性をものさしに使いながら、私たちは北海道のヒグマやその他の動物がたどってきた進化の歴史、そして北海道の自然史を解明したいと考えている。

△DNAをなぜ使うのか？▽

DNA（遺伝子）を調べればその生物について何でもわかると考えるのは見当ちがいである。一方、DNAを調べても大したことはわからないだろうというのもまた誤解である。私たちがDNA分析を行うとき、根底にある原則は「DNAは親から子へ伝えられる唯一の遺伝情報である」ということだ。生命の起源は、DNAのように自己複製する分子であつたらうと考えられている。そして、DNAが伝えられる何世代もの長い年月の間に少しずつ変化（突然変異）していることも事実である。その変化は子孫である現生生物のDNAに進化の歴史として刻み込まれている。子は両親の半分ずつのDNAを受け継いでいる。一方、一卵性の双子は互いに同じDNAをもっている。また、ヒトのDNAはウシのDNAより類人猿であるチンパンジーやゴリラのDNAと類似性が高いこともわかっている。このような個体間や種間の類縁性（または相連性）は目で見た外観からでも大ざっぱに想像できるが、DNAのもつ情報の豊富さは生物の近縁度や進化の距離を詳細にはかる「ものさし」として都合がよい。DNAに基づく進化の過程を探る研究分野は分子進化学、分子系統学とよばれている。さらに詳細を知りたい方は

参考文献¹⁾を参照されたい。

△DNA分析とは何か？▽

最近のDNA分析技術の発展にはめざましいものがあり、遺伝子の研究者自身でさえ日々の情報に注意をはらっていないと新しい技術や専門用語の波に乗り遅れてしまう。そんな中でも、遺伝子増幅法（PCR法）という言葉をご存じの方も多いことだろう。この分析技術では、「温度を定期的に変化させるヒーター」、「耐熱性をもつDNA合成酵素」および「目的の遺伝子をねらうためのプライマー」を用いることにより、微量なDNAを分析可能な量までに複製（DNAクローニングという）することができ、PCR法は短時間のうちに比較的簡便にDNAクローニングすることを可能にしたため、この数年間に研究者の間に爆発的に普及した。適切な条件の下では、1本の髪の毛や1滴の血液からでもDNA情報を得ること

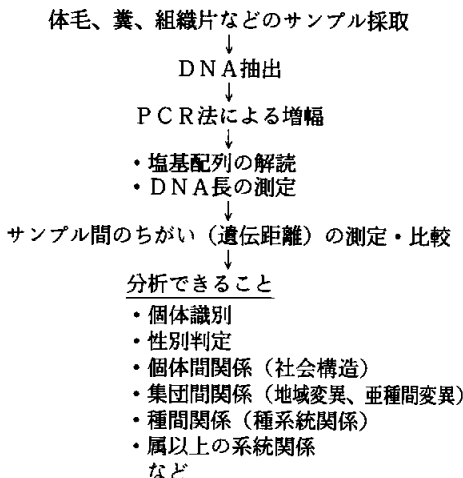


図1 野生動物を対象としたDNA分析

ができるので、法医学分野における個人識別にも用いられている。野生動物の研究分野でも広く用いられており、野外で採取した動物の体毛、糞、骨などからのDNA分析も可能となった。そして次の分析ステップでは、PCR増幅されたDNAを用いて、その塩基配列（DNAを構成する4つの遺伝暗号AGCT）を順番に解読したり、DNAの長さを測定することにより「ちがい」を検出する。その遺伝情報のちがいがサンプル間の「遺伝距離」となる（図1）。

△ヒグマのDNAを調べる▽

私たちは、北海道に生息するヒグマについて、この遺伝的なものをさしを当てることにした。いったい、知床のヒグマと大雪山のヒグマは、どれくらいちがうのだろうか。

ヒグマ (*Ursus arctos*) は北半球に広く分布し、西はヨーロッパから中央アジア、シベリア大陸、さらにはアラスカ、カナダなどの北アメリカまでの分布域をもつ。日本列島では北海道のみに生息し、ヒグマ分布の南限の境界線は津軽海峡である。シマリスやナキウサギも北海道を南限にして分布していることから、生物地理学では北方系動物の分布境界線である津軽海峡のことを提唱者の名にちなんで「ブラキストン線」とよんでいる。ヒグマはサハリンおよび千島列島の一部にも分布しており、陸橋により北海道がシベリア大陸とつながっていた氷河時代（約1万2千年前まで）に、ヒグマの祖先集団がそれらの島々を経て北海道へやってきたのだらうと想像されている。それでは、どのようなルートを通してやって来たのだろうか？ 私たちは、この疑問を明らかにすることを目的

として、北海道環境科学研究センターとの共同研究により、北海道全域から捕獲されたヒグマの組織サンプルを用いて分析を開始した²⁾。前述のPCR法を用いることにより、数ミリ角の筋肉組織や体毛からDNAを増幅することができた。着目したミトコンドリアDNAは細胞質のミトコンドリアに含まれ母系遺伝する遺伝子であるが、突然変異速度は核染色体DNAよりも5〜10倍速いため、その分析は種内や集団間の地理的変異を検出するのに適している。ミトコンドリアDNAの中でも多様性の大きいコントロール領域にスポットを当て、無作為に選んだ50頭以上のヒグマについてPCR増幅DNAの塩基配列を解読した。

△ヒグマの地理的変異▽

次に、各塩基配列間のちがいから遺伝距離を算出し、ヒグマ集団の系統関係を系統樹に描いてみた（図2）²⁾、³⁾。その結果、北海道のヒグマ集団は、3つのグループ（A・B・C）に分かれた。各グループ内では個体差がみられたが、その距離がグループ間の距離を越えるほど大きくはなかった（図2には各グループの代表のみを出している）。さらに興味深いことに、各グループの地理的分布は、Aグループは道央道北地域、Bグループは知床半島を中心とする道東地域、そしてCグループは渡島半島を中心とする道南地域に明瞭に分かれた（図3）。現在の北海道におけるヒグマの生息域は、道路や農地・住宅地の拡大により分断・縮小化されているが、私たちの分析結果は、北海道の開拓以前からこれら3つのグループ間の遺伝的交流が少なかつたことを示唆している。一方、ヒグマのメスの行

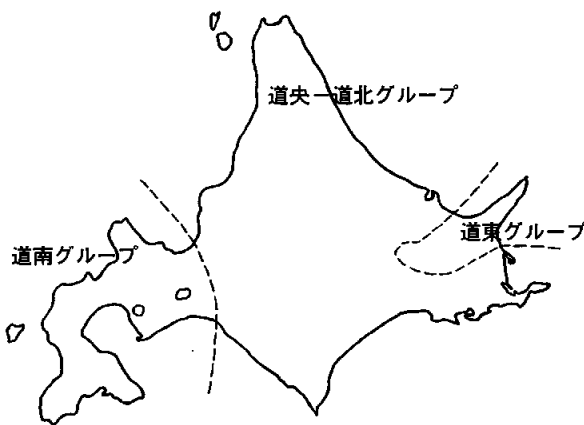


図3 北海道のヒグマ集団における3つの遺伝子グループの分布。

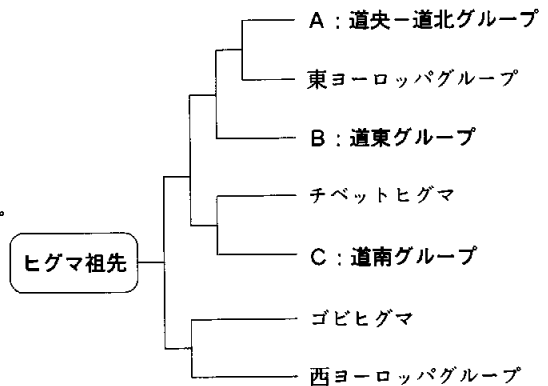


図2 ヒグマの系統樹。ミトコンドリアDNAコントロール領域の塩基配列のちがいに基づいて系統関係を模式的に描いた。

動物はオスよりも小さいことが知られており、母系遺伝するミトコンドリアDNAの分析結果はその特徴を反映しているのかもしれない。また、道南グループの分布は、日本列島におけるブナ林の北限にもほぼ対応しており、ヒグマの分布の移動や地理的隔離に植生や生息環境が関与していた可能性もある。これまでの形態的分析により、道南地域に生息するヒグマの頭骨は道北地域のものに比べて有意に小さいことが明らかにされており、北海道のヒグマ集団において遺伝的分化が進んでいることは確かである。また私たちは、北海道全域におけるエゾシカの同様なDNA分析から、互いにちがいの小さい3つの遺伝子タイプが、主要な針葉樹林帯にほぼ対応して分布していることを見出したが、その分布境界はヒグマのものほど明瞭ではなかった⁵⁾。

△集団の系統関係と渡来ルート▽

さらに、図2の近縁関係から明らかのように、道央―道北グループ(A)は道東グループ(B)とより近かった。ユーラシア大陸のヒグマのデータ³⁾を含めて比較すると、道央―道東グループおよび道東グループがロシアを含む東ヨーロッパグループと極めて近い距離にあることがわかってきた。よって、道央―道北グループおよび道東グループはロシア系列と共通の祖先をもっているものと考えられる。それに対し、道南グループ(C)は中国大陸のチベットヒグマに近い。今のところ、極東シベリア、サハリン、千島列島のヒグマのデータは得られていないので十分な検討はできないが、道南グループの起源が道央―道北グループおよび道東グループとは異なっている可能

性がある。本州においては、ヒグマの化石記録があるので、大胆な推測としては、道南グループの祖先は、朝鮮半島あたりから本州を経由し、ブラキストン線を越えて北海道へ渡来したのかもしれない。そして、前述のように、ブナ林などの生息環境に適応した結果、さらに東へは進出できなかったことも推測される。

さらに興味深いことは、北海道のヒグマ集団は地域面積からすれば、ヨーロッパヒグマ分析⁶⁾における1つのサンプリング地点に過ぎないにもかかわらず、極めて大きな遺伝的多様性を有していることである。これは北海道のヒグマ集団が極めて特異的な進化・適応の経過を経験していることを示唆している。グループ間の遺伝距離に基づく、各グループは最終氷期以前に大陸において分歧し、その後、陸橋を経て北海道へ渡ってきたものと考えられる。各グループ内の小さな多様性は北海道に定着後、各地域で形成されていった。これらの進化の謎は、今後、サンプリング地点を増やしたDNA分析や古生物学・生態学研究によってさらに解き明かされていくであろう。

△今後の課題▽

ヒグマはヒトや家畜を襲う恐ろしい動物というイメージが強いが、一方では、人間活動によりその生息域がせばめられつつあることも事実である。また、ヒグマは北海道の自然生態系において食物連鎖の頂点にたつ重要な役割を果たしている。ヨーロッパでは狩猟による乱獲や森林伐採のために、すでにヒグマが絶滅した国も多い。今、北海道の大自然に育まれたヒグマがたどってきた進化や自然環境の中でのかれらの自然史を明らかにしてお

くことは、今後の種の保全や共存を考える上で極めて重要な指針を与えてくれるものと考ええる。

△参考文献▽

- 1) 宮田隆(一九九四)分子進化学への招待。講談社ブルーバックス。
- 2) Matsubashi, T., Masuda, R., Mano, T., and Yoshida, M.C. (1999) Microevolution of the mitochondrial DNA control region in the Japanese brown bear *Ursus arctos* population. *Mol. Biol. Evol.* (in press)
- 3) Masuda, R., Murata, K., Aizuraniin, A., and Yoshida, M.C. (1998) Phylogenetic status of brown bears *Ursus arctos* of Asia: A preliminary result inferred from mitochondrial DNA control region sequences. *Hereditas* 128 : 277-280.
- 4) Ohdachi, S., Aoi, T., Mano, T., and Tsubota, T. (1992) Growth, sexual dimorphism, and geographical variation of skull dimensions of the brown bear *Ursus arctos* in Hokkaido. *J. Mamm. Soc. Japan* 17 : 27-47.
- 5) Nagata, J., Masuda, R., Kajii, K., Kaneko, M., and Yoshida, M.C. (1998) Genetic variation and population structure of the Japanese sika deer (*Cervus nippon*) in Hokkaido Island, based on mitochondrial D-loop sequences. *Mol. Ecol.* 7 : 871-877.
- 6) Taberlet, P. and Bouvet, J. (1994) Mitochondrial DNA polymorphism, phylogeography, and conservation genetics of the brown bear *Ursus arctos* in Europe. *Proc. R. Soc.*

△お願い▽

サハリンまたは千島列島（北方四島を含む）のヒグマおよびその標本（毛皮・骨など）について情報をもちの方は、左記の筆者までご連絡いただきますよう、お願い申し上げます。

増田 隆一（ますだ りゅういち）

北海道大学理学部

附属動物染色体研究施設

〒060-0810

札幌市北区北十条西八丁目

電話 011-706-1354

FAX 011-736-6304

北大グループ 4年かけDNA分析

道内のヒグマ 3系統と判明

渡来別ルートか

道南はチベットの類縁

道内のヒグマが、渡来・渡北、道南のそれぞれ異なるDNA系統をもち、渡・渡北と道南のヒグマはヨーロッパの系統、道南はチベット系の系統と判明した。北大理学部付属動物染色体研究施設（増田・吉田）の研究グループが、道南のヒグマをDNAで分析した。道南のヒグマはチベット系の系統と判明した。道南のヒグマはチベット系の系統と判明した。道南のヒグマはチベット系の系統と判明した。

回研究施設の増田・吉田、道南のヒグマのDNAを分析し、道南のヒグマはチベット系の系統と判明した。道南のヒグマはチベット系の系統と判明した。道南のヒグマはチベット系の系統と判明した。道南のヒグマはチベット系の系統と判明した。



道内のヒグマをDNAで分析した北大理学部付属動物染色体研究施設の研究グループ。左から増田隆一助手と松橋珠子さん、吉田通弘教授

道内のヒグマをDNAで分析した北大理学部付属動物染色体研究施設の研究グループ。左から増田隆一助手と松橋珠子さん、吉田通弘教授