



Title	The long-term effect of sex-biased dispersal on the population demographic history of the brown bear <i>Ursus arctos</i> in Hokkaido, Japan, and around areas based on genome sequencing analysis [an abstract of dissertation and a summary of dissertation review]
Author(s)	遠藤, 優
Citation	北海道大学. 博士(理学) 甲第15744号
Issue Date	2024-03-25
Doc URL	<a href="http://hdl.handle.net/2115/92475">http://hdl.handle.net/2115/92475</a>
Rights(URL)	<a href="https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/">https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/</a>
Type	theses (doctoral - abstract and summary of review)
Additional Information	There are other files related to this item in HUSCAP. Check the above URL.
File Information	Yu_Endo_review.pdf (審査の要旨)



[Instructions for use](#)

# 学位論文審査の要旨

博士の専攻分野の名称 博士（理 学） 氏 名 遠藤 優

審査担当者 主査 准教授 加藤 徹  
副査 教授 柁原 宏  
副査 教授 高木 昌興  
副査 准教授 長田 直樹（情報科学研究院）

## 学位論文題名

The long-term effect of sex-biased dispersal on the population demographic history of the brown bear *Ursus arctos* in Hokkaido, Japan, and around areas based on genome sequencing analysis  
(ゲノム解析に基づく北海道を中心としたヒグマ個体群における雌雄の分散様式の違いが長期にわたって集団史に与えた影響)

## 博士学位論文審査等の結果について（報告）

雌雄で分散様式が異なる現象は幅広い生物群で確認され、集団構造に影響を与えることが指摘されている。しかし、従来の狭い DNA 領域を指標とした集団遺伝学的解析では、遺伝子流動のシグナルを高感度で検出するのが難しいことから、この違いが集団構造の形成に対し、具体的にどう影響を与えるかが見過ごされてきた。本研究は、雄で顕著な移動分散が認められるヒグマを対象に、全ゲノムを指標とした集団遺伝学的解析を適用することで、本種における地域集団の形成過程を詳細に調査するとともに、分散様式の違いが集団構造に与える影響を評価した。

最初に、北海道では、大陸系統と異なる3つのミトコンドリア DNA 系統が、道南、道央、および道東地域に分かれて存在することから、大陸集団と北海道集団の遺伝的特徴、および道内のミトコンドリア DNA 系統間における核ゲノム上の違いを明らかにするため、大陸の個体を含むヒグマ 17 個体の全ゲノムデータを用い、集団遺伝解析を実施した。その結果、道内の集団間における常染色体ゲノムの遺伝分化は明瞭でなかったことから、北海道では大陸から渡来後、雄が広範に移動分散して独自の集団を形成したことが示唆された。また、各集団における有効集団サイズの変化を推定したところ、大陸の集団では 13 万–11 万 4000 年前の最終間氷期に集団サイズの増加が認められた一方、北海道集団では集団サイズの顕著な増加が認められなかったことから、北海道集団の祖先は、少なくとも最終間氷期までに大陸から渡来したことが示唆された。これらの結果を踏まえると、雄に偏った分散は、異なるミトコンドリア DNA 系統間の交流を促進することで、集団内の遺伝的均一化を生じさせる効果があるといえる。

次に、北海道集団の形成史に着目し、北海道のヒグマ 49 個体を対象に、縮約ゲノム解析の一種である ddRADseq を実施した。そして、遺伝的特徴と環境要因との関連性から、雄に偏った分散が集団構造の形成に与える影響を評価した。その結果、北海道ではすでに遺伝的均一化がある程度進行しているものの、わずかな遺伝的差異も認められた。また、集団動態を推定したところ、およそ 2 万年前に一度集団サイズが縮小した後、最近になって集団サイズが回復したというモデルが支持された。さらに、X 染色体と常染色体の遺伝的分化度の比からは、大陸から北海道への渡来時に、雄に偏った分散が大きな貢献を果たしたことが示唆された。加えて、これらの結果と

地形と気候変動の関係を検証したところ、低地がヒグマの分散の障壁となっていること、および約2万年前の最終氷期最盛期に、北海道内でヒグマの生息に適した土地が減少し南下したことが推定された。従って、北海道では、最終氷期最盛期に生息適地の縮小に伴って個体数が減少し、ミトコンドリア DNA 解析で認められる3系統の祖先が残ったそれぞれの生息適地から、雄に偏った分散によって急速に北海道内に拡散し、現在の特徴的な遺伝構造が形成されたと推定された。

最後に、ユーラシア大陸および周辺地域に点在するヒグマ集団の全ゲノム情報を取得し、古代試料の情報も合わせて集団遺伝学的解析を実施することで、現在ヒグマ個体のゲノムに、祖先および最近分散した個体の遺伝的特徴がどの程度反映されているかを検証した。その結果、西アジア、およびカザフスタンとチベットを中心とする中央アジアの集団では、他の集団と異なる遺伝的特徴が認められ、これらの集団は分散の影響をあまり受けていないことが示唆された。さらに、近縁種との交雑の影響を検証したところ、北海道と択捉島の集団では、北米集団に次いでホッキョクグマ由来のアレルが多く残っていることが示された。そして、ホッキョクグマ由来のアレルが多く残る背景には、大陸集団ほど最近の分散の影響を受けてない状況を反映すると示唆された。

これらの結果は、ヒグマの遺伝的特徴は雄の分散によって影響を受けるという仮説を支持するとともに、異なる時期の遺伝的特徴の複合的結果が、現生ヒグマの集団遺伝構造に顕著に反映されていることを示唆する。

これを要するに、筆者は、雌雄で分散様式に違いがあるヒグマを対象に、全ゲノムを指標とした集団遺伝学的解析を行い、その結果、本種地域集団の形成過程の詳細を解明するとともに、雌雄の分散様式の違いが、新規環境への進出、急速な個体群の形成、および遺伝子流動や交雑のパターンに大きく関与したことを明らかにした。このことは、分散様式の違いが集団構造に具体的にどう影響を与えるかについて新知見を得たものであり、哺乳類における地域集団の形成と遺伝分化の過程を理解する上で貢献するところ大なるものがある。

よって著者は、北海道大学博士（理学）の学位を授与される資格あるものと認める。