

報道解禁日時

2002年11月21日(木)
米国東部標準時、午後2時

問合せ先：大永理沙
+1-202-326-7088
lonaga@aaas.org

**かつての獰猛なオオカミが今やヒトの最良の友に
東アジアから新世界までのイヌの起源
- サイエンス誌掲載論文 -**

家畜化されたイヌは、まず東アジアにおいて見られ、その後アジアやヨーロッパに広がり、12,000~14,000年前にヒトとともに新世界に渡った。米国科学振興協会(AAAS)発行のサイエンス誌に掲載される2件の論文において、このような説が示されている。

新世界と旧世界におけるイヌの起源をそれぞれ調べた2つの研究チームは、ユーラシアオオカミがイヌの祖先である可能性を発見した。ストックホルムの王立工科大学のPeter Savolainenは、種々の遺伝的起源ではなく、過去500年にわたる飼育により、大きさと体格の劇的な変化がもたらされ、現代のイヌに至ったとしている。

旧世界のイヌに関するSavolainenの研究によると、家畜化は15,000年前に起こったという。スウェーデン、ウプサラ大学のCarles Vilàは、新世界のイヌに関する研究結果では起源はさらに古いとしている。最古と考えられているイヌの遺物は14,000年前のものであるが、Vilàはそれより以前にイヌとヒトが一緒に暮らしていたと考えている。

「我々は、旧世界に由来するイヌがヒトの移住とともに新世界に渡ったことを発見した。したがって、今日知っているような取引の発達以前でさえ、ヒトはイヌの交換を行っていたはずである」とVilàは述べている。

ヒトがイヌを家畜化した理由や方法についてはまだ明らかになっていない。しかし、イヌが繁殖し多様化したと思われるスピードから、イヌがヒトにとって何らかの重要な役割を果たしていたことが理解できるとVilàは述べている。

「例えばイヌが狩猟の質を高めていたなら、それはヒトにとって非常に有益であったと想像できる。さらに、新世界の植民地化を容易にした可能性もある。これらのイヌに何らかの有利性があったことは確実であり、その有利性によりイヌは非常に繁栄し世界中

に広がることができた」と同氏は述べている。

Savolainen らは、アジア、ヨーロッパ、アフリカ、および北極圏アメリカ大陸のイヌから採取した DNA サンプルを解析した。その結果、ほとんどのイヌは共通の遺伝子プールを共有しているが、遺伝子多様性は東アジアで最も高く、イヌがこの地方で最も古くから家畜化されてきたことが示唆された。Savolainen によると、これまで研究者らは一般的に、動植物の家畜化・栽培品種化の場所として中東に注目していた。

「これまではたいていの場合、イヌの起源として中東に焦点が当てられていたが、これらの根拠となる既知事実はほとんどなく、同地域で発見されたわずかな考古学的証拠や、他の数種類の動物がこの地域で家畜化されたという事実だけであった」と Savolainen は述べている。

東アジアの同じヒト集団が異なる数種のオオカミに由来するイヌを家畜化したようであるが、「これは偶然ではない」と同氏は述べている。

Vilà らは、新世界のイヌが同地域のオオカミから家畜化されたものであり、旧世界のイヌとは異なるのか、あるいは両者が関連しているのかどうかを確かめるべく調査に乗り出した。

研究者らは、新世界と旧世界のイヌの DNA 配列を比較したが、これにはアメリカ大陸にヨーロッパから最初の開拓者が到着する以前の中南米やアラスカのイヌも含まれた。その結果、塩基配列が類似していることから、すべてのイヌが共通の祖先を持つことが示唆された。

古代中南米のイヌにおけるある一定の塩基配列群は、現代のイヌのいずれとも適合しなかった。そのため研究者らは、おそらくヨーロッパの植民地開拓者たちは、私たちが今日知っている品種を作るためにアメリカ先住民のイヌを用いなかったのであろうとの結論を下した。

「これらのイヌは現代の育種プログラムから置き去りにされた」と Vilà は述べている。

双方の研究チームは、イヌのミトコンドリア DNA の遺伝子配列を研究したが、この DNA

は細胞核 DNA とは異なり、母親から直接遺伝する。科学者らは特に、「コントロール領域」、すなわち比較的速く突然変異を蓄積することで知られている一連の DNA に注目し、イヌとオオカミの差違を探索するのに適切な部分とした。

コンピュータープログラムを使って、共に受け継がれた遺伝子配列、すなわち「ハプロタイプ」をその類似性別に分類した。ハプロタイプは、両方の研究においておおよそ類似している4つの主要な「クレード」と、さらに Savolainen の研究における別の2つの小さなクレードを構成した。

Savolainen の研究対象となったイヌの95%が、すべての領域において同様の割合で3つの主要なクレード、「A」、「B」および「C」に属していた。したがって、今日の主要なイヌ集団はある時点で、3つのクレードを含む単一遺伝子プールに由来する共通の起源を持っていたと著者らは示唆している。

比較的大規模なクレード A ハプロタイプの詳細な解析から、塩基配列がいくつかの亜種に密集することが示された。コントロール領域での突然変異が一定の割合で生じたと仮定することで、研究者らは、亜種の進化にかかった期間を推定できるかもしれない。

こうした亜種が複数のオオカミに由来した結果であるとすれば、家畜化はおよそ15,000年前に始まったはずであると研究者らは考えている。もし1匹のオオカミに由来していたなら、家畜化ははるか40,000年前に遡る可能性がある。イヌの最古の考古学的証拠は14,000年前のものであるため、15,000年の方が可能性が高いと Savolainen らは結論づけている。

Vilà の研究におけるアメリカ先住民のイヌの塩基配列も、いくつかの亜種に集まったが、これらのハプロタイプは旧世界のイヌのハプロタイプと類似する、あるいは同一のものであった。これら亜種は、約12,000年~14,000年前に最初にベーリング海峡を渡ったヒトに連れられてきた多様な血統であろうと Vilà らは結論づけている。

* * *

Savolainen の共著者：Ya-ping Zhang and Jing Luo at the Chinese Academy of Sciences, in Kunming, China; Joakim Lundeberg at the Royal Institute of Technology, in Stockholm,

Sweden; and Thomas Leitner at the Swedish Institute for Infectious Disease Control, in Solna, Sweden.

研究支援機関：Swedish Research Council, the Swedish Kennel Club, the State Key Basic Research and Development Plan of China, and the Natural Sciences Foundation of China

Vilà の共著者：Jennifer Leonard and Robert K. Wayne at the University of California, Los Angeles, in Los Angeles, CA; Jane Wheeler at CONOPA in Lima, Peru; Raúl Valadez at Universidad Nacional Autónoma de México, in Mexico D. F., Mexico; and Sonia Guillén at the Bioanthropology Foundation Peru, in Lima, Peru.

研究支援機関：UC-MEXUS and the National Science Foundation