

群馬県ツキノワグマのマイクロサテライト遺伝子座を用いた集団構造解明へ

和久大介¹、佐々木剛¹、谷本真樹¹、米澤隆弘²、姉崎智子³

¹ 東京農業大学農学部バイオセラピー学科, ² 中国・復旦大学, ³ 群馬県立自然史博物館

<キーワード> ツキノワグマ, 集団構造, マイクロサテライト

群馬県内には1000頭を超えるニホンツキノワグマ *Ursus thibetanus japonicus* (以下, クマ) が生息していると推測されている. クマは本州と四国の森林に分布している大型哺乳類で野生化では木の芽や花, 木の実など植物性のものを主に食べ, アリなど昆虫類も比較的食べていることが知られている. しかし, 群馬県内でも毎年のように農作物被害が出ており, 住民とクマの間で軋轢が生じている. 群馬県ツキノワグマ適正管理計画第二種特定鳥獣管理計画・第一期計画(以下, 適正管理計画)では県内に生息するクマを越後・三国个体群と関東山地个体群の2个体群に区分し管理している(図1, 太線). これら2个体群について, 毎年一定数を狩猟できることとなっている. 捕獲許可頭数は越後・三国个体群では推定生息頭数のうち12%にあたる95頭, 関東山地地域个体群では推定生息頭数のうち8%にあたる22頭とされている. しかし, 危険と判断された個体の有害捕獲だけでなく誤捕獲などもあり, 捕獲許可頭数よりも多くの個体が獲られている現状がある. 加えて个体群の区切りは森林事務所の区分けを利用したもので, 遺伝的集団など実際の个体群を反映していない. 実際の遺伝的集団を考慮していない状況で多くの個体を駆除すると, 遺伝的多様性が減少・消失してしまう可能性がある.

そこで, 分子遺伝学的に研究が行われ, ミトコンドリア DNA のハプロタイプ分布から2010年と2011年に捕獲された個体から3集団が存在することが示された一方, 2012年は3集団構造が変化し, 適正管理計画の具区分とは異なる境界で2集団構造となる可能性が示された. この結果がある一方で, 核DNAに散在するマイクロサテライトを元に推定する遺伝的集団は, ミトコンドリアと異なる場合が報告されている. そこで我々は3集団構造を示した2010年のうち20個体から試験的にマイクロサテライトを3遺伝子座増幅し遺伝的集団構造を調べた. 本発表ではこの試験的に行った研究の結果を報告する.



図1. 群馬県のツキノワグマの集団境界線. 適正管理計画で区分されている2个体群の境界線を太線で示す. 2010年と2011年に捕獲された個体のハプロタイプから検討した3集団の境界を点線で示す.