

ミトコンドリア DNA の D-loop 領域部分配列に基づいた 群馬県ツキノワグマの集団構造

和久大介¹・中野敬太¹・姉崎智子²・佐々木剛¹

¹ 東京農業大学農学部バイオセラピー学科:〒243-0034 神奈川県厚木市船子 1737

² 群馬県立自然史博物館:〒370-2345 群馬県富岡市上黒岩 1674-1

ニホンツキノワグマ *Ursus thibetanus japonicus* (以下, クマ) は本州と四国の森林に分布している大型哺乳類で, 群馬県にも約 1,082 頭が県内に生息していると推測されている. しかし毎年のように人や農作物への被害が相次いでおり, クマと人との間に軋轢が生じている. 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・三国個体群と関東山地個体群の 2 個体群に区分し管理している (図 1, 太線). 特に, 人的・農作物的被害を出す恐れのある個体を対象に, 越後・三国個体群では推定生息頭数のうち 12%にあたる 95 頭, 関東山地地域個体群では推定生息頭数のうち 8%にあたる 22 頭の有害捕獲・駆除を認めている. しかしながら, この 2 つの地域個体群は森林事務所の区分けを利用したものであり, 遺伝的集団など保全すべき単位を検証し設定していない. 加えて, 設定されている捕獲許可頭数よりも多く有害捕獲と誤捕獲による駆除が行われている現状がある. この状態が続けば, 本来保全が必要な集団が見過ごされ, 遺伝的多様性が失われる可能性がある. 保全遺伝学から検討すると, 遺伝的多様性の消失は地域個体群や種の絶滅につながると言える. これまでに筆者らは群馬県内で捕獲された 63 頭 (2009 年の 4 頭, 2010 年の 59 頭) のクマから mtDNA D-loop 領域部分配列を決定し 7 つのハプロタイプを見出し, 南西部集団・中之条集団・北東部集団の 3 集団の存在を示唆した (佐々木ら 2014) (図 1, 点線). この 3 集団はそれぞれ, 適正管理計画の関東山地個体群に加えて嬭恋村を加えた南西部集団, 中之条町の中の条集団, 越後・三国個体群から中之条町と嬭恋村を除いた北東部集団が示唆された. このように, 適正管理計画で設定された 2 個体群は遺伝的集団に対応していない可能性がある. しかしながら, これまでに解析された個体は全国的にクマが大量出沒年した 2010 年にほぼ限られており, 県内の集団動態を把握できていない. クマの大量出沒の原因は複数あるが, ブナやミズナラなどの堅果類の凶作・並作地域と, クマの大量出沒・有害鳥獣捕獲数が例年に比べ多かった地域は全国的に一致する傾向が見られている (自然環境センター 2005). 群馬県内の堅果類は 2011 年が豊作で, 2012 年が凶作だったため (片平 2015), 2010 年とは異なる集団構造を示す可能性がある.

そこで我々は 2011 年に捕獲された 23 頭と 2012 年に捕獲された 47 頭から mtDNA D-loop 領域部分配列を決定した. これらの情報を用いて, 年別に 3 集団間の分散分析 (AMOVA) と, 近親交配度を示す固定指数 (F_{ST}) を算出した. 本解析ではハプロタイプの分布から長野原町, 東吾妻町, 榛東村を南西部集団に含めて解析を行った. AMOVA の結果, 3 集団間の変異量は 2010 年が 34.19%, 2011 年が 48.29% となった一方で, 2012 年では 18.08% と低下した. すなわち, 2012 年には集団間の遺伝的差違が低くなったことを示す. F_{ST} 値を確認すると, 南西部-北東部集団間では 2010 年が $F_{ST}=0.414$, 2011 年は $F_{ST}=0.404$ となったが, 2012 年には $F_{ST}=0.240$ と低下した. 加えて F_{ST} から一世代の移住個体数 (N_m) を算出したところ, 2010 年と 2011 年はそれぞれ $N_m=0.709$ と $N_m=0.737$ となったが, 2012 年で

