

ミトコンドリア DNA 部分配列に基づく群馬県ツキノワグマの集団構造

中野 敬太¹・和久 大介¹・米澤 隆弘²・姉崎 智子³・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復旦大学生命科学学院： 上海市邯鄲路 220

³群馬県立自然史博物館： 〒370-2345 群馬県富岡市上黒岩 1674-1

群馬県にはおよそ 1,000 頭のツキノワグマが生息すると推定され、群馬県ツキノワグマ適正管理計画（特定鳥獣保護管理計画・第一期）（以後、適正管理計画）では、県内に生息するツキノワグマ個体群を越後・三国個体群と関東山地個体群の 2 つに区分している（図 1）。この計画のもとで群馬県は年間に越後・三国個体群から 95 頭（推定生息頭数の 12%以内）、関東山地個体群から 22 頭（推定生息頭数の 8%以内）の狩猟、有害捕獲を認めている。しかしながら、野生動物の自然集団は地域ごとに繁殖集団を形成しており、群馬県といえどもツキノワグマは複数の繁殖集団に分かれている可能性が考えられる。著者らのグループは群馬県ツキノワグマ 63 個体のミトコンドリア DNA 調節領域の部分配列を用いて集団構造解析を行った。その結果、関東産地個体群に嬭恋村のツキノワグマを加えた集団（南西部集団）、中之条町の集団（中之条集団）、残りの群馬県中央部から東側にかけての集団（北東部集団）の 3 集団で構成される可能性を示唆した。これにより適正管理計画による管理区分の越後・三国個体群と関東産地個体群といった集団の認識は群馬県に生息するツキノワグマの自然集団を繁殖しないものである可能性が示唆された。しかし、著者らが調査に用いた標本は大量出没年の 2010 年が主であり、標本に偏りがあると考えられる。そこで本研究は新たに 2011 年と 2012 年の群馬県産ツキノワグマ標本を解析に用い、過去 3 年分の記録をもとに群馬県ツキノワグマ集団の遺伝的構造を明らかにすることを目的とした。

群馬県で捕獲・駆除された 2011 年の 23 個体と 2012 年の 47 個体を用い、ミトコンドリア DNA 調節領域の部分配列 706bp を配列決定した。決定した配列の変異から派プロタイプを同定したところ、2011 年に捕獲された群馬県ツキノワグマで同定された 6 ハプロタイプのうちの 5 つは UtCR-E01、E10、E11、E31、E34 に該当することが判明した。残り 1 つのハプロタイプは既知の 38 ハプロタイプのどれにも該当しない新たなハプロタイプ（UtCR-E39）であった。各ハプロタイプの個体数は、E01 が 10 個体、E10 が 2 個体、E11 が 6 個体、E31 が 1 個体、E34 が 3 個体、E39 が 1 個体であった。一方、2012 年のもので同定された 6 つのハプロタイプは UtCR-E01、E06、E10、E11、E31、E34 に該当することが判明した。各ハプロタイプの個体数は、E01 が 17 個体、E06 が 2 個体、E10 が 9 個体、E11 が 12 個体、E31 が 2 個体、E34 が 5 個体であった。

平常出没年である 2011 年のハプロタイプの分布は先攻研究で示唆された 3 つの集団分化をほぼ支持した（図 1A）。南西部集団の嬭恋村で E31 が記録されているが、これは群馬県の南西部集団からは初めての記録であり、近傍に存在する F 集団（Ohnishi et al., 2009）でも報告がない。この個体が他集団からの移動によるものなのかどうかは今後の調査で明らかにしていく必要がある。集団間の遺伝的分化を評価したところ、南西部集団と北東部集団で F_{st} 値が 0.379 ($p < 0.01$) となり集団間の遺伝的交流の値を示す N_m 値は 0.820 であった。このことより南西部集団と北東部集団は遺伝的に分化し、遺伝的交流もないことがいえる。中之条集団と北東部集団では F_{st} 値が 0.513 ($p < 0.01$) となり、 N_m 値が 0.475 で同様の結果となった。

大量出没年である 2012 年においては、2010 年や 2011 年でみられた 3 集団の地理的分布が崩壊

しているように思われる (図 1B)。特にこれまで中之条町でしか認められなかった E10 タイプがみなかみ町や川場村、渋川市といった北東部集団にまで確認された。さらに、E11 タイプは北東部集団でのみ観察されていたハプロタイプであるが、2012 年では中之条町で捕獲されている。一方で、南西部集団の嬭恋村でも E10 タイプが捕獲されているが、先攻研究 (Ohnishi et al., 2009) で嬭恋村付近から E10 タイプの生息が報告されているため、この結果は先攻研究の結果を確認したものであると言える。2012 年の 3 集団の遺伝的分化を評価したところ、南西部集団と中之条集団の F_{st} 値は 0.479 ($p < 0.01$) となり N_m 値は 0.543 であった。 F_{st} 値が少し高い値であるが、 N_m 値が 1 を下回っているため、両集団の遺伝的分化は認められる。一方、南西部集団と北東部集団の F_{st} 値は 0.220 ($p < 0.01$) となり、 N_m 値は 1.770 で、 F_{st} 値は低いものの、 N_m 値が 1 を超えているため、この集団間に遺伝的交流が起きていると考えられる。

3 年間にわたってツキノワグマのハプロタイプの動態を追ったところ、大量出没年と一括りにされている 2010 年と 2012 年の間にもハプロタイプの分布に違いが認められた。2010 年は捕獲個体数は多いもののその分布パターンは平常年である 2011 年と同様に 3 集団の地理的境界を示唆するものであった。しかし、2012 年では特に中之条集団のオス個体で大規模な移動があったと考えられる。ミトコンドリア DNA は母系遺伝するため著者らが見いだした 3 集団の構造はオスの集団間をまたぐ移動が起きたとしてもその影響は次世代には残らない。ミトコンドリア DNA から見える集団構造はある程度明らかにされたが、今後は核の遺伝子を用いることでオスの移動と集団構造の関わりを明らかにしていくことが必要である。

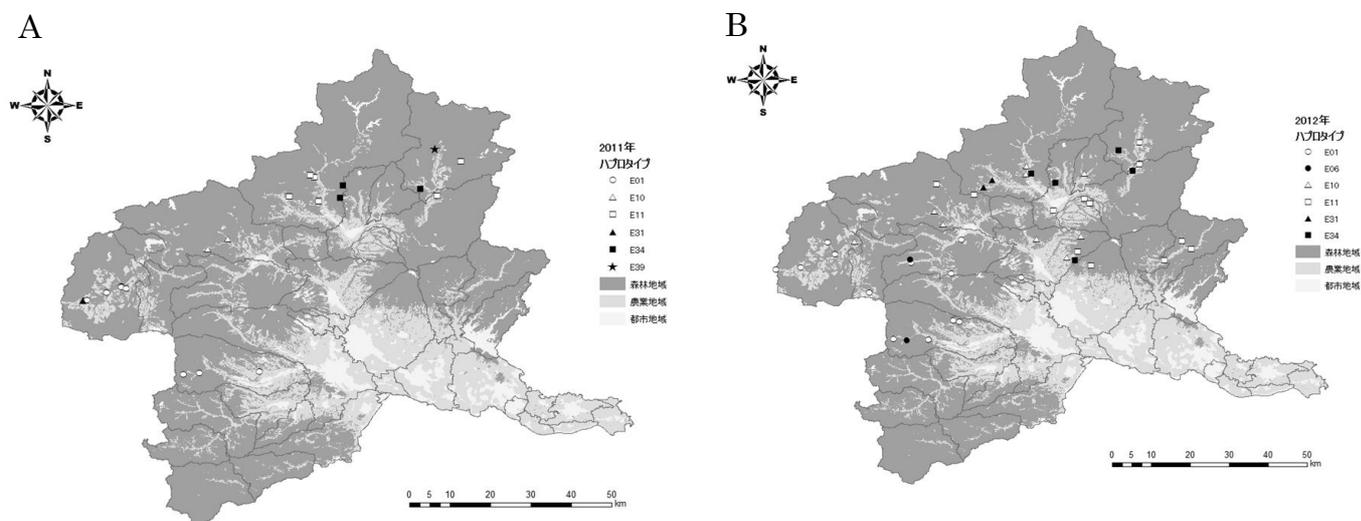


図 1. 2011 年(A) と 2012 年(B)における群馬県ツキノワグマのハプロタイプの分布。

参考文献

群馬県環境・森林局自然環境課 (2011) : 群馬県ツキノワグマ適正管理計画 (特定鳥獣保護管理計画・第一期)

Ohnishi, N., Uno, R., Ishibashi, Y., Tamate, H.B. and Oi, T. (2009): The influence of climatic oscillations during the Quaternary Era on the genetic structure of Asian black bears in Japan. *Heredity*, 102: 579-589.