

日本におけるツキノワグマ (*Ursus thibetanus*) の遺伝構造および集団動態の歴史～野生動物管理に向けて～

Genetic structure and demographic history of Asian black bear (*Ursus thibetanus*) in Japan: Implications for wildlife management

小井土 凜々子 (筑波大学 生物学類)

指導教員: Faulks Leanne Kay (筑波大学 生命環境系)

【背景および目的】

国内最大級の野生大型哺乳類であるツキノワグマ (*Ursus thibetanus*) は森林生態系の重要な構成者である一方、本種によって引き起こされる農林業被害や人との遭遇事故の増加が昨今、大きな社会問題となっている。人間の森林や里山の管理、土地利用形態の変化もあり、現在、本種の分布域は多くの地域で拡大しており、個体数も増加傾向の地域が存在する。一方で、他の大型哺乳類に比べて生息密度や繁殖力は低い (環境省 2009)、人間による強い捕獲圧によって個体数が減少すると個体数回復には時間がかかると考えられる。実際にこれまでの人間活動の影響により、現在のツキノワグマの分布は本州と四国のみに限られ、九州ではすでに絶滅が報告されている。そのため本種と人間社会との衝突の緩和、そして共存を目指していくためには、各地域で地域集団の状況に応じた適切な保護管理策を考えることが重要となる。しかし、2000年に提案されたツキノワグマの保護管理ユニット (環境省 2000) は、1991年以前の分布と地形のみから地域集団を評価しており、再考の余地がある。特に、野生動物の適切な保護管理および健全な地域集団維持のためにはその分布や生態だけでなく、遺伝構造や集団の歴史を理解・考慮することも重要である (Tsuda et al. 2015)。そこで本研究では、保護管理ユニットを再考し、管理策の基盤を構築することを目的として、日本のツキノワグマの大規模な集団遺伝学的解析を行い、本種の遺伝構造を詳細に評価し、また集団動態の歴史も推定した。

【材料および方法】

本研究では、1991-2017年の26年間に、青森県から京都府にかけて狩猟または害獣駆除された1290個体のツキノワグマについて、両性遺伝する核DNAマイクロサテライト16遺伝子座 (Ohnishi et al. 2019) の遺伝子型データを用いた。まず地域集団の分布を評価するために、個体ベースで遺伝構造を評価できるSTRUCTURE解析 (Pritchard et al. 2000) を行い、その結果をQGIS3.8.3 (QGIS Development team 2019) を用いて地図化した。STRUCTURE解析ではクラスター数 (K) を1~20まで設定し、各 K につき25回のランを行った。さらにSTRUCTURE解析の結果をもとに、各クラスターの遺伝的多様性を Allelic richness (El Mousadik and Petit 1996)、ヘテロ接合度期待値 (H_e)、固定指数 (F_s) を用いて評価した。また各クラスター間の遺伝的分化程度の評価には F_{st} (Meirmans et al. 2011) を用いた。さらに供試全個体・雄 807 個体・雌 430 個体に分けて、空間自己相関解析を行い、データセット間の空間遺伝構造の異質性 (Smouse et al. 2008) についても評価した。

【結果および考察】

STRUCTURE解析の結果、各ランの事後確率は $K15$ ~ 16 あたりで最も高くなり、実際に15あるいは16のクラスターに分けるまでは生物学的に意味のある明確な遺伝構造が検出された。例えば $K2$ ではクラスター1は中部山脈以西および東北地方中北部に

みられ、中部山脈以東から東北地方南部まではクラスター2が優占していた。但し、 $K3$ では東北地方中北部集団は固有のクラスターを示し、 $K4$ ~ 5 と進むにつれて、これら集団はさらに太平洋側の北上山地、日本海側の秋田県周辺、それ以外の東北地方中北部の集団としてクラスタリングされた。さらにクラスター数を増やすと京都府周辺、南アルプス、関東山地などの地域集団が検出され、また群馬県周辺や白神山地などクラスターの混合個体が多い地域なども検出された。また各クラスター間の遺伝的関係を詳細にみると、大きくは本州中央の中部山脈を境にその北東、南西で集団が遺伝的に分化しているパターンがみられ、核DNAでは中部山脈がツキノワグマの分布変遷において地理的障壁だったことが示唆された。またこのような明確な遺伝構造を反映し、全クラスター間の F_{st} の値も0.412と比較的高い値を示し、地域集団間における遺伝子流動の制限が示唆された。特に北上山地と南アルプス集団では F_{st} が最大の0.604で高い遺伝的分化が検出された。さらに岩手県の北上山地、白神山地など複数の東北地方の地域集団や京都付近で検出された地域集団では、共通祖先から分化してから受けた遺伝的浮動の大きさを表す F_{st} の値が大きく、またこれらの地域集団の遺伝的多様性は他地域よりも低かった。これより、これら地域集団は過去の分布過程あるいは最終氷期最盛期などの過去の氷期に生残した逃避集団が強い浮動の影響を受けたことがわかった。一方で北陸地方の集団は遺伝的多様性が高く比較的安定した集団であることもわかった。空間遺伝構造解析ではいずれのデータセットでも最初の0-100kmの距離階級では有意な正の空間自己相関が検出された。また、0-100kmの距離階級では雌集団の空間自己相関係数が他データセットに比べて有意に高く ($P > 0.05$)、300-400km、400-500kmの距離階級になると、逆に有意に低かった ($P > 0.05$)。これはツキノワグマの雄と雌の行動パターンから、雌の方が出生地に定住するという先行研究 (Ohnishi et al. 2014) の知見と一致した。

このように本研究からツキノワグマの核DNAの遺伝構造を詳細に評価でき、本種の保護管理ユニットを再考するうえで重要な新たな知見を得ることができた。一方、母性遺伝するミトコンドリアDNAを用いた遺伝構造研究 (Ohnishi et al. 2009) では、琵琶湖の北部で遺伝的に大きく東西に分かれるなど、本研究の核DNAで検出された遺伝構造と複数の相違点が明確となり、ツキノワグマは過去に複数回の分布移動を経験し、地域分化および混合、戻し交雑などの複雑な集団動態の歴史を持つことも明らかとなった。今後はこれら集団動態パターンについてより詳細に評価するとともに、地域レベルでの遺伝構造形成要因についても評価を行う。

【謝辞】

本研究は津田吉晃准教授 (筑波大学山岳科学センター菅平高原実験所)、大西尚樹博士 (森林総合研究所東北支所) らとの共同研究として行った。共同研究者の皆様のご指導、ご協力、心より感謝申し上げます。