

機関番号：82105

研究種目：基盤研究（B）

研究期間：2008～2010

課題番号：20380098

研究課題名（和文） 遺伝情報に基づいたツキノワグマ保護管理ユニットの策定

研究課題名（英文） Designing management units of Asian black bear based on genetic structure

研究代表者

大西 尚樹 (NAOKI OHNISHI)

独立行政法人森林総合研究所・東北支所・主任研究員

研究者番号：00353615

研究成果の概要（和文）：日本のツキノワグマはアジア大陸から日本に渡来してきた後に、3つの遺伝グループに分岐し、各地域で遺伝的な分化が進んでいることが示唆された。こうした遺伝構造は、近年の大量出没においては一時的に崩れるものの、すぐに回復し維持されることが明らかになり、各地域の遺伝的なまとまりを保護管理ユニットとして適応出来ると考えられた。九州では1987年に捕獲された個体が本州由来であることが明らかになり、1957年以降捕獲がないことから絶滅の可能性が強くなった。

研究成果の概要（英文）：It was suggested that haplotypes of Asian black bear diverged into three clusters after the bears came into Japan from Asian continent, and then genetic structure was locally produced. Even though such genetic structures were temporally changed due to the mass intrusion, they recovered quickly after the mass intrusion. From these results, local genetic structures were proposed to apply for management units. The bear captured in 1987 in Kyushu was revealed to be, in origin, from Honshu. The possibility of the extinction in Kyushu increased because no bear has been captured over 50 years.

交付決定額

(金額単位：円)

	直接経費	間接経費	合計
2008年度	3,100,000	930,000	4,030,000
2009年度	5,000,000	1,500,000	6,500,000
2010年度	2,600,000	780,000	3,380,000
年度			
年度			
総計	10,700,000	3,210,000	13,910,000

研究分野：農学

科研費の分科・細目：森林学・森林科学

キーワード：森林生態・保護・保全

1. 研究開始当初の背景

ツキノワグマは本州および四国に生息しており、九州では絶滅の可能性が示唆されていた。本州における個体群は青森県南部から琵琶湖周辺にかけて連続している。しかし、下北半島および近畿以西では個体群は孤立しており、生息数も少なく、環境省のレッド

データブック（2002）では「絶滅のおそれのある地域個体群」と指定されている。

ツキノワグマの遺伝構造については、研究代表者らにより、西日本の孤立個体群が本州中部の個体群よりも遺伝的多様性が低いこと、本州中部の個体群の遺伝的多様性は北米のアメリカクロクマやグリズリーと比較し

ても十分な遺伝的多様性を維持していること、本州西部の孤立個体群間よりも本州中部の個体群と京都府北部の個体群の方が地理的距離が離れているにも関わらず遺伝子流動の頻度が高いことが明らかになっていた。このように近畿以西の孤立個体群では遺伝的な劣化が懸念されており、一方、近畿以東の個体群では遺伝的な多様性は維持されている。2004年、2006年、本州各地でツキノワグマが人里に大量に出没した。近畿以東の生息数は10,000~15,000頭と推測されているが、2006年だけでも4000頭以上のツキノワグマが駆除され、絶滅の危険性が低い地域でも的確な保護管理計画の作成が求められるようになった。

2. 研究の目的

ツキノワグマの遺伝構造を明らかにし、保護管理計画策定のための基礎データを構築する。

3. 研究の方法

本州・四国・九州全域においてツキノワグマの遺伝解析用の試料を集めた。試料は捕獲個体の組織、ヘアトラップによって回収した体毛、糞などの痕跡、博物館に収蔵されている組織などを用いた。各試料よりDNAを抽出し、ミトコンドリアDNA D-loop領域およびマイクロサテライトDNA領域の解析を行った。

4. 研究成果

(1) 本州および四国におけるツキノワグマのミトコンドリアDNAの遺伝構造を明らかにした。各地域で観察されたハプロタイプは大きく3つのグループに分けられた(図1)。

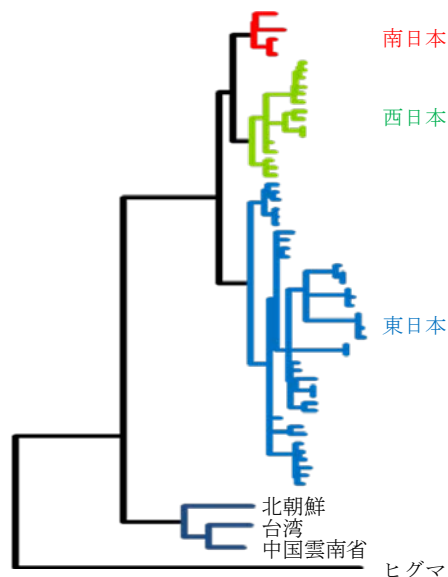


図1：各ハプロタイプの系統関係

これらはそれぞれのタイプが確認された地域から、1つは琵琶湖以東で見られる東グループ、2つ目は琵琶湖から中国地方にかけて見られる西グループ、3つ目は紀伊半島と四国で見られる南グループとされた(図2)

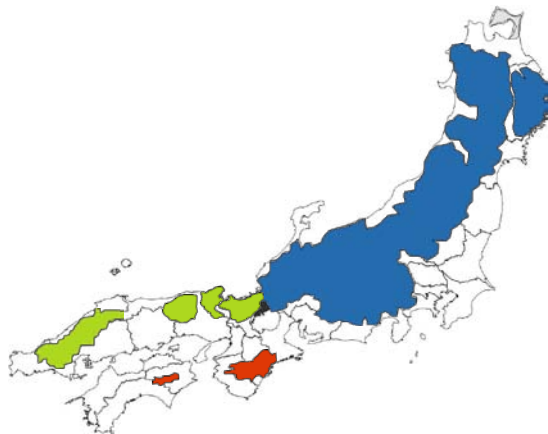


図2：現在のツキノワグマの分布域。青色：東日本グループ。緑色：西日本グループ。赤色：南日本グループ。灰色：下北個体群

さらに大陸のツキノワグマと比較すると、日本の3系統は大陸の系統と大きく離れていることが明らかになった。このことから、ツキノワグマは大陸から1度だけ渡来し、日本の中で3系統に分岐したことが示唆された(図1)。

東日本グループのハプロタイプは、広域に分布する祖先型と、局所的に分布する派生型の2タイプに大きく分けられた。さらに、東北地方では遺伝的多様性が低かったが、動態解析により中部地域と同程度の歴史を持っている集団だとわかった。この結果から、東北地方は氷期中の環境が厳しい時期に個体数を減らし、遺伝的多様性を減少させたことがわかった。一方、西日本・南日本では局所的に分布するタイプのみで、氷期中も個体群は安定していたことがわかった。しかし、これらの地域では現在では開発により個体群は孤立しており、その結果、遺伝的多様性が減少していることが明らかになった。

(2)

九州ではツキノワグマの数は非常に少なくなっており、1957年に幼体死体が発見され、1987年に大分県で最後のオス個体が捕獲されて以降、九州では確実な目撃および捕獲記録が無い。この1987年に捕獲されたオス個体の体組織を入手し、ミトコンドリアDNA解析を行った。九州に元々生息している個体群であれば、南日本か西日本グループのハプロタイプ、もしくはそれらに近いタイプが検出されるはずである。しかし、この個体のハプ

ロタイプは福井県～岐阜県にかけて局所的に分布する東日本グループのものであった(図3)。そのため、この個体は福井県～岐阜県で捕獲されて九州に持ち込まれたもの、もしくはその子孫であることが明らかになった。この結果、九州におけるクマの最後の記録は1957年にまでさかのぼることになり、レッドデータリストの次期見直しの際には個体群の状態が再検討される見通しとなった。

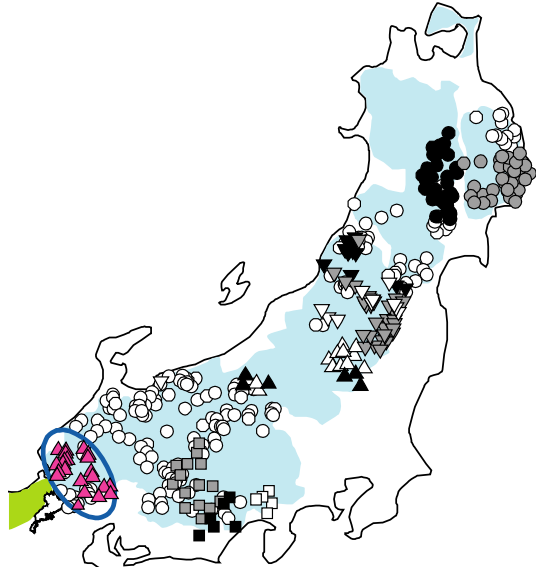


図3：東日本グループのハプロタイプの分布。東日本グループで確認されている全38タイプのうち主要な12タイプの捕獲地点をそれぞれのマークで示す。白丸は琵琶湖から東北地方にかけて広範囲で観察される。他のタイプは局所的に分布している。赤三角と楕円は1987年に大分県で捕獲されたツキノワグマと同じ遺伝タイプを持つ個体の捕獲地点とその分布域を示す。

(3)

近年、多くのクマが人里に出没する“大量出没”が各地で問題となっている。こうした大量出没がツキノワグマの遺伝構造に与える影響について調べた。ツキノワグマの個体群は、通常、個体間の距離が近いと遺伝的な関係性が高く、距離が離れるほど関係性が弱まることが明らかになった(図4上)。一方、大量出没時にはクマがエサを求めて広範囲に移動するため、10kmの範囲内で近隣個体との遺伝的な関係性が弱まった(図4下)。しかし、翌年には遺伝構造は通常時と同じ状態に回復していた。これは、秋に大量出没が起きても、冬眠時には元々生息していた地域に戻り、翌年以降もその地域で行動しているためと考えられる。つまり、大量出没による遺伝構造の変化は一時的なものであると結論づ

けられた。クマの繁殖期は夏であることから、こうした秋の出没が起きても、遺伝構造が次世代で変化することは無いと考えられる。

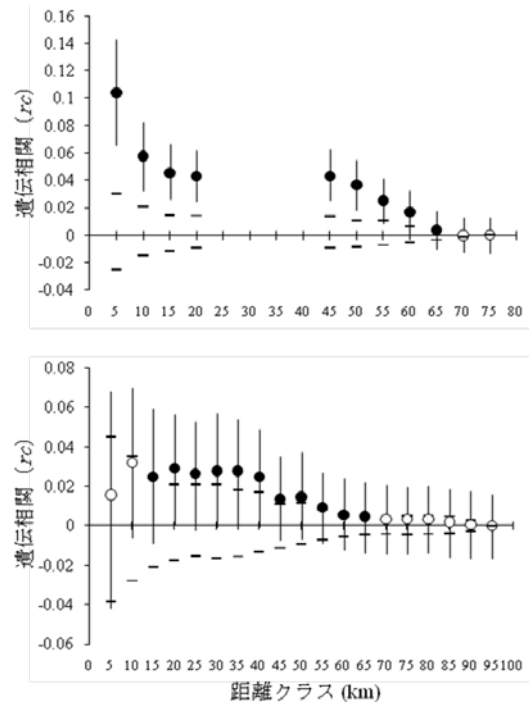


図4：各距離クラスごとの遺伝相関係数(r_c)のコログラム。●：期待値よりも有意に遺伝相関が高い。○：期待値より有意に遺伝相関が高くない。

(4)

琵琶湖以東の個体群が連続している地域では、地域的な遺伝的構造化が進んでいることが明らかになった(図3)。例えば、岩手県では従来、奥羽山脈と北上高地では頭骨の形態的な違いから異なる個体群と認識されていたが、今回の結果から北上高地の中でも南北に異なる遺伝構造が保持されていた。こうした遺伝構造に基づいて、保護管理計画を進めることが求められる。

5. 主な発表論文等

(研究代表者、研究分担者及び連携研究者には下線)

[雑誌論文] (計4件)

- ① Naoki Ohnishi, Takashi Yuasa, Yoshiki Morimitsu and Toru Oi (2011) Mass-intrusion-induced temporary shift in the genetic structure of an Asian black bear population. Mammal Study 36、査読有、印刷中(掲載確定)

- ② 大西尚樹・安河内彦輝 (2010) 九州で最後に捕獲されたツキノワグマの起源. 哺乳類科学. 50(2): 177-180. 査読有
- ③ Naoki Ohnishi, Reina Uno, Yasuyuki Ishibashi, Hidetoshi B. Tamate and Toru Oi (2009) The influence of climatic oscillations during the Quaternary Era on the genetic structure of Asian black bears in Japan. Heredity. 102: 579-589 査読有

[学会発表] (計7件)

- ① 大西尚樹・安河内彦輝. 九州で最後に捕獲されたツキノワグマは九州産ではなかった “日本哺乳類学会大会” 2010.9.18. 岐阜大学 (岐阜市)
- ② Naoki Ohnishi, Takashi Yuasa, Yoshiki Morimitsu and Toru Oi. The shift in genetic structure due to seasonal intrusion in a black bear population. “American Genetic Association Annual Symposium” 2010.7.26. ハワイ大学 (ハワイ)
- ③ 鶴野レイナ・大西尚樹・東英生・玉手英利. 山形県と近隣山系におけるツキノワグマの集団構造の解明 “日本哺乳類学会大会” 2009.11.22. 台湾大学 (台北市).
- ④ Naoki Ohnishi, Reina Uno, Yasuyuki Ishibashi, Hidetoshi B. Tamate and Toru Oi. The influence of climatic oscillations during the Quaternary Era on the genetic structure of Asian black bears in Japan. “The 10th International Mammalogical Congress” 2009.8.10. メンドーサコンベンションセンター (アルゼンチン)

[図書] (計1件)

- ① 大西尚樹 (2011) 個体群のなりたちと遺伝的構造 - 東日本と西日本を比較する (山崎晃司・坪田敏男 (編): 日本のクマ - ヒグマとツキノワグマの生物学). 東京大学出版会, 東京. pp189-208

6. 研究組織

(1) 研究代表者

大西 尚樹 (OHNISHI NAOKI)
独立行政法人森林総合研究所・東北支所・主任研究員
研究者番号: 00353615

(2) 研究分担者

玉手 英利 (TAMATE HIDETOSHI)

山形大学・理学部・教授

研究者番号: 90163675

岡 輝樹 (OKA TERUKI)

独立行政法人森林総合研究所・野生動物研究領域・チーム長

研究者番号: 80353621

石橋 靖幸 (ISHIBASHI YASUYUKI)

独立行政法人森林総合研究所・北海道支所・主任研究員

研究者番号: 80353580

(3) 連携研究者

鶴野 レイナ (UNO REINA)

慶應義塾大学・先端生命科学研究所・博士研究員