

## 科学研究費助成事業 研究成果報告書

平成 30 年 5 月 31 日現在

機関番号：15101

研究種目：若手研究(B)

研究期間：2015～2017

課題番号：15K18471

研究課題名(和文) モンゴルのユキヒョウ保全に向けた集団遺伝構造とその形成要因の解明

研究課題名(英文) Revealing the genetic structure and its underlying causes of snow leopard populations in Mongolia

研究代表者

杉本 太郎 (Sugimoto, Taro)

鳥取大学・乾燥地研究センター・プロジェクト研究員

研究者番号：20570493

交付決定額(研究期間全体)：(直接経費) 3,300,000円

研究成果の概要(和文)：モンゴル西部アルタイ山脈に生息するユキヒョウの集団遺伝構造を解明し、生息地間の連結性維持を目指した保全対策の提言を目的として研究を行った。西部山岳地帯の7か所の生息地から採集した糞試料を分析したところ、生息地間の遺伝的分化の程度は低く、また遺伝的多様性に有意な差は見られず、遺伝子交流が維持されていることが示唆された。資源開発が進む中、今後も生息地の連結性を維持できるかが課題である。糞試料の分析方法を確立したことで、ユキヒョウ個体群の継続的なモニタリングが可能になった。

研究成果の概要(英文)：The purposes of this study are to reveal genetic structure of snow leopard populations in western Mongolia and contribute to effective conservation and management of this species. We genetically analyzed fecal samples collected from multiple areas in western Mongolia and found low genetic differentiation and no significant differences in genetic diversity among populations, which suggests that gene flow among populations persists in western Mongolia. To conserve snow leopards in western Mongolia, maintaining the connectivity among patchily distributed habitats is essential. Fecal genetic analyses developed in this study will be useful for genetic monitoring of snow leopard populations.

研究分野：保全生物学

キーワード：保全生物 集団遺伝学 ユキヒョウ

### 1. 研究開始当初の背景

ユキヒョウは、中央アジア 12 カ国の山岳地帯に 4500 ~ 7500 頭が生息する絶滅危惧種である。山岳生態系の頂点に位置するアンブレラ種であり、その保全は生態系の維持にとって極めて重要である。モンゴルには中国に続き世界で 2 番目に多くのユキヒョウが生息している。特にアルタイ山脈のある西部山岳地帯は、モンゴルにいるユキヒョウの大部分が生息しており、ロシアと中国の個体群をつなぐ重要な生息地となっている。

ユキヒョウの生存を脅かす要因として、毛皮や漢方薬の材料を目的とした密猟、そして天然資源開発と道路網の発達による生息地の分断化が挙げられる。密猟の厳罰化や、密猟防止のための啓発教育などの対策が行われているが、警察による毛皮の押収が依然として報告されている。天然資源の開発は活発に行われており、特に中国への天然資源の輸出増加によって、中国へ伸びる舗装道路が急速に整備されている (図 1)。



図 1 . 中国の烏魯木齊まで伸びる舗装道路

世界自然保護基金 (WWF) モンゴル支部による西部山岳地帯の最新の調査では、パッチ状に複数の地域で生息が確認された。痕跡の密度が高い場所も見つかっており、ユキヒョウにとって良好な環境が維持されていることが分かってきた。一方で、生息地の間には舗装道路があり、ユキヒョウの移動を阻害している可能性が考えられる。また複数の山はアルタイ山脈の本体から離れており、一見すると孤立しているように見える生息地も存在する。

モンゴル西部のユキヒョウ個体群を保全するためには、地域集団間の連結性を維持し、孤立化を防ぐことが重要である。集団の孤立化は、近親交配や遺伝的浮動による遺伝的多様性の喪失、劣性有害遺伝子の固定化を引き起こし、絶滅のリスクを高める。そのため、生息数、遺伝的多様性、集団遺伝構造を明らかにし、生息の実態や分断化の影響を評価することが求められている。

### 2. 研究の目的

近年、モンゴル西部では自動撮影カメラを使った調査が行われている。個体毎に毛皮の模様が異なるため、分布調査や個体識別に有効である。しかしカメラの台数は限られており、生息地全体を広くカバーすることは難しい。また険しい山岳環境にカメラを仕掛け、そして回収することは容易ではなく、限られた人的・財政的資源では大規模に実施することが困難であった。そこで痕跡物である糞を利用し、ユキヒョウの生態解明に取り組む研究を計画するに至った。

モンゴル西部に点在する生息地で採集した糞試料から、生息数、遺伝的多様性、集団遺伝構造を明らかにし、個体群間の連結性維持を目指した保全対策の提言を本研究の目的とした。

### 3. 研究の方法

#### (1) 糞 DNA 抽出、種判定、個体識別方法

合計 7 か所の生息地から糞の採集を行った (図 2 と 3)。糞 DNA はグアニジンチオシアン酸塩を用いた方法で行い、種判定はミトコンドリア DNA の一部を増幅するユキヒョウ特異的プライマーを使用した。個体識別はユキヒョウで増幅することが確認されている 16 個のマイクロサテライトマーカーから、対立遺伝子の多様性、増幅の成功率、シーケンサーでの波形の読みやすさから選択した。複数のマーカーを混ぜるマルチプレックス PCR の条件を検討し、個体識別用 PCR の実験系を確立した。個体識別の精度を確保するため、ホモの場合は 3 回、ヘテロの場合は 2 回以上遺伝子型決定を行った。

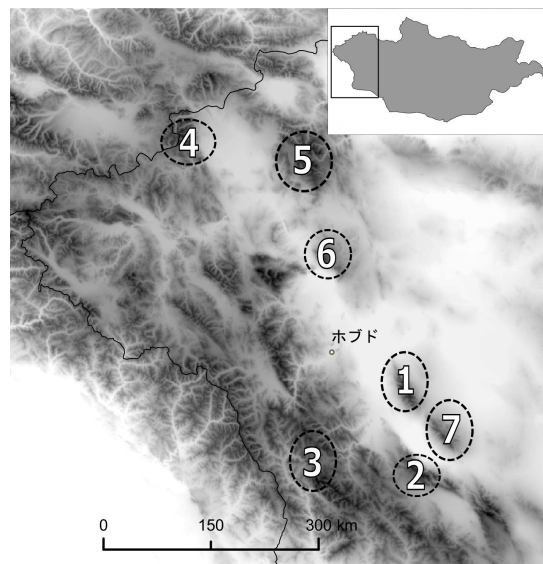


図 2 . モンゴル西部山岳地帯のサンプル採集地点



図3 . 調査地1での試料採集

(2) 生息数、遺伝的多様性・集団遺伝構造  
 個体識別の結果得られる個体毎の糞試料数のデータから、標識再捕獲法を用いて生息数推定を実施した。遺伝的多様性はマイクロサテライト領域の多様性から評価した。集団遺伝構造は、対立遺伝子頻度に基づく方法やベイズ法に基づくクラスタリング法などを用いて行った。

#### 4 . 研究成果

(1) 採集した糞試料(図4)からDNAを抽出後、種判定、個体識別を実施した。



図4 . 調査地で採集したユキヒョウの糞

個体識別は、16個のマイクロサテライトマーカーの中から選択した8個のマーカーを用いて実施した。個体識別の精度を示す指標の一つである Probability of identity (for siblings)は0.004となり、十分な精度を確保した(図5)。

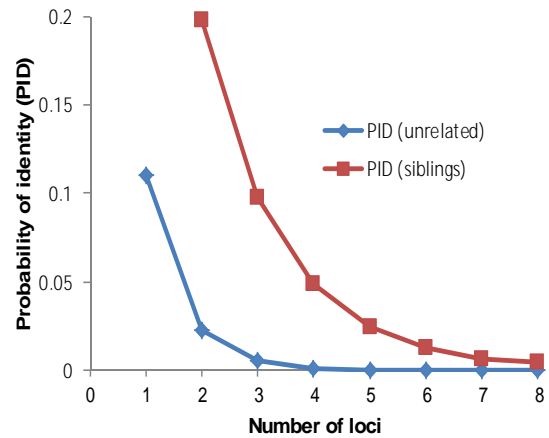


図5 . Probability of identity の累積的变化

(2) 個体識別の成功率は約80%と高かった。季節毎の個体識別成功率に有意差は見られなかった。山岳地帯の乾燥や低温環境が糞の劣化を防いでいるのではないかと考えられる。

(3) サンプル数が少なかった2か所を除く5か所で生息数を推定した(表1)。識別個体あたりのサンプル数が大きかった調査地4では、95%信頼区間が狭く、高い精度での推定が可能だった。一方個体あたりのサンプル数が少なかった調査地3では精度の低い結果となった。

生息数の違いに関わる要因として、遊牧民や家畜の存在、野生草食動物の密度、生息地の景観などが考えられる。どのような要因が重要なのかは、今後の研究課題である。

表1 . 調査地ごとの生息数推定結果

調査地 No.	生息数推定値
1	29 (95%CI 19-38)
2	31 (95%CI 20-42)
3	27 (95%CI 11-61)
4	6 (95%CI 6-7)
5	28 (95%CI 13-42)

(4) 平均対立遺伝子数は4個、ヘテロ接合度(期待値)は0.59となり、中程度の遺伝



の多様性を維持していることが分かった(表2)。7個体以上識別された4地域の間では、対立遺伝子数やヘテロ接合度に有意な差は見られなかった。

表2. 個体識別に用いた8個のマイクロサテライトマーカーの多様性

Locus	No. of Allele	Ho	He
1	4	0.57	0.58
2	4	0.70	0.59
3	6	0.70	0.73
4	3	0.33	0.33
5	4	0.57	0.60
6	3	0.55	0.64
7	5	0.47	0.61
8	3	0.47	0.62
Average	4	0.54	0.59

(5) 地域間の遺伝的分化の程度は低く、地域固有の対立遺伝子は3個と少なかった。クラスタリング解析では2つの遺伝的クラスターが検出されたが、同じ地域内に各クラスターに帰属する個体が存在しており、明瞭にクラスターが分かれることは無かった。

(6) モンゴル西部山岳地帯では、遺伝的障壁となりうる道路が生息地を分断しているが、低い遺伝的分化や中程度の遺伝的多様性、そして遺伝的多様性に地域差が無い点を考慮すると、生息地間で遺伝子交流が維持されていることが示唆された。アルタイ山脈本体から離れて孤立しているように見える生息地でも、個体の移出入が起きていると考えられる。

モンゴル西部の道路の多くは近年舗装が進んでおり、また天然資源開発も活発になっていることから、今後も生息地間の連結性を維持できるかどうかは課題である。

(7) 本研究は、観察が困難なユキヒョウの研究に糞試料を使ったアプローチが有効であることを示した。モンゴルでは今後、糞試料を使った継続的なモニタリングが期待できる。また本研究が確立した一連の分析手法は、研究が遅れている他の中央アジアの生息地での応用が期待できる。

## 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 1 件)

Sugimoto T, Ito TY, Taniguchi T, Lkhagvasuren B, Oyunsuren T, Sakamoto

Y, Yamanaka N. (2018) Diet of sympatric wild and domestic ungulates in southern Mongolia by DNA barcoding analysis. *Journal of Mammalogy* 99: 450-458. 査読有  
DOI: 10.1093/jmammal/gyx182

[学会発表](計 4 件)

杉本太郎, Chimeddorj B, Erdenebaatar S, 伊藤健彦, Munkhtogtokh O. モンゴル西部山岳地帯に生息するユキヒョウの集団遺伝構造, 第65回日本生態学会, 札幌市, 2018年3月

杉本太郎, 伊藤健彦, 谷口武士, Lhagvasuren B, Oyunsuren T, 坂本有実, 山中典和. DNA バーコーディングを用いたモンゴル乾燥地域における野生草食動物と家畜の食性重複の解明, 第64回日本生態学会, 東京都, 2017年3月

白木彩子, 杉本太郎. 風車に衝突死したオジロワシの帰属集団の推定, 日本鳥学会 2015年度大会, 神戸, 2015年9月

Sugimoto T, Ito TY, Taniguchi T, Lhagvasuren B, Oyunsuren T, Sakamoto Y, Yamanaka N. Food overlap between wild ungulates and livestock in the southern Mongolia examined by next-generation sequencing. The Vth International Wildlife Management Congress, Sapporo, Japan, July 2015

## 6. 研究組織

### (1) 研究代表者

杉本太郎 (SUGIMOTO, Taro)  
鳥取大学・乾燥地研究センター・プロジェクト研究員  
研究者番号: 20570493

### (2) 研究分担者

なし

### (3) 連携研究者

なし

### (4) 研究協力者

Buyanaa Chimeddorj  
WWF モンゴル・プログラム実行マネージャ