

## 長野県ツキノワグマ个体群における遺伝的構造の究明

早川美波 (信州大院・理工学系), 林秀剛 (NPO 法人信州ツキノワグマ研究会), 岸元良輔 (長野県・環境保全研), 伊藤建夫 (信州大・理学部), 東城幸治 (信州大・山岳総合研)

ツキノワグマ *Ursus thibetanus* は、アジア広域に生息する中型のクマで、生息地域ごとに7亜種に区分されている。日本国内には、本州および四国にニホンツキノワグマ *U. t. japonicus* が生息している (九州では絶滅)。これら地域のうち、中部山岳域はツキノワグマの個体密度が比較的高く、長野県におけるツキノワグマの推定生息数は約 3,600 頭 (2011 年, 長野県による推定値) と重要な生息地の一つと考えられる。一方で、農林漁業被害や人里への出没、人身事故など、人とツキノワグマとの軋轢が生じているため、長野県特定鳥獣保護管理計画 (長野県) では、狩猟と個体数調整による捕殺数を年間約 150 頭に制限し、対応しているものの、ツキノワグマの大量出没年には 150 頭を大きく上回る個体が捕殺されている (例えば、2006 年には 558 頭、2010 年には 361 頭のツキノワグマが捕殺されている)。本研究では、長野県広域から採取されたツキノワグマ約 170 個体を対象に、mtDNA 制御領域約 626-bp の塩基配列を解析し、長野県ツキノワグマ个体群における遺伝的構造について考察した。

本研究から、長野県ツキノワグマ个体群は、先行研究よりも比較的高い遺伝的多様性をもつことが示され、長野県北部で特に遺伝的多様性が高いことが示された。長野県の特定鳥獣保護管理計画において8区分される地域个体群のうち、「南アルプス」、「中央アルプス」、「北アルプス南部」では、静岡・山梨の個体と同じハプロタイプが、「長野北部」、「越後・三国」では、新潟・群馬・栃木の個体と同じハプロタイプが検出された。分子分散分析 (AMOVA) では長野県北部、中部、南部それぞれの地域个体群間で遺伝子流動が起きていることが示された。特に「長野北部」と「越後・三国」との間では、共通ハプロタイプが多く検出されたことから、これら地域个体群は、遺伝的流動が認められるメタ个体群構造が維持されていると考えられる。一方で、長野県南部地域 («南アルプス」、「中央アルプス」、「北アルプス南部») と長野県北部地域 («長野県北部」、「越後・三国») 間では、東日本に広域に分布する祖先的な1つのハプロタイプを除くと、検出されたハプロタイプ組成が大きく異なることから、これらの地域間での遺伝子流動 (すなわちツキノワグマの移動) は極めて少ないものと考えられる。



ニホンツキノワグマ (成獣)