

DNA を用いた長野県ツキノワグマ個体群における遺伝的構造の究明 The genetic structure of the Japanese black bear *Ursus thibetanus japonicus* in the 'Japanese Alps' region

○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 (長野県環境保全研究所), 伊藤建夫 (信州大), 東城幸治 (信州大・理・生物)

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、7 亜種に区分されている。日本には、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; 以下「ツキノワグマ」と表記する)。中でも、本研究の対象地域である長野県は、日本アルプスを含む中部山岳域に囲まれていること、長野県におけるツキノワグマの推定生息数が約 3600 頭 (長野県 2011 年) と高い密度であることから本種の生息地の中でも重要な地域の一つであると考えられる。長野県内には独立した山塊がいくつかあり、盆地には都市が広がっているため、ツキノワグマの生息地が必ずしも連続しているとは言えず、また、山塊間の移動の程度や遺伝的多様性の評価などの研究が十分行われていないことから、一概にも安定した個体群が維持されているとは言えない。

ツキノワグマは植物食傾向の強い雑食性であるが、秋には冬眠に必要なエネルギーを確保するため、1 日あたり 5,500kcal (60kg の個体) の餌を摂取する必要があるが、その餌の大部分はブナ属木本類の堅果、いわゆるドングリである。そのため、ドングリの凶作年には、餌を求めてツキノワグマの行動範囲が広がり、人里まで下りてくるクマも増え、大量出没、人的被害の一因となっている。一方で、ツキノワグマの生息範囲が、市街地近くにまで広がっているという指摘もあり、松本市市街地 (2010 年 11 月)、長野市市街地 (2012 年 10 月) への出没が起こるなど、長野県内でのツキノワグマの出没には複合的な要因があるとも考えられている。また、長野県では、ツキノワグマによる果樹やトウモロコシなどの農業被害、林業、漁業、畜産への被害も多く報告されており、長野県はツキノワグマと人との行動圏が大きく重複し、多くの軋轢が生じていると考えられる。このことから、長野県野生鳥獣保護管理計画においてツキノワグマの年間捕殺数 (狩猟・有害駆除含む) の上限を約 150 頭に設定して保護管理が行われているが、ツキノワグマの大量出没年には、結果として上限捕殺数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、2012 年には約 400 頭のツキノワグマが捕殺されている)。しかしながら、保護管理計画において、遺伝情報を背景とした検討がなされていないため、長野県のツキノワグマにおける個体群構造には不明確な部分が多い。

本研究では、2006 年から 2012 年に捕獲されたツキノワグマ約 200 個体を用いて、mtDNA 制御領域 626-bp 及び、核 DNA MHC クラスター II ベータ遺伝子 2 領域 270-bp を解析し、長野県ツキノワグマ個体群における遺伝的構造の究明を行った。mtDNA 制御領域の解析では、12 のハプロタイプが検出された。ハプロタイプの地理的分布は、東日本広域に分布する祖先的なハプロタイプ E01 を除くと長野県の北部と南部では解析した個体から検出されるハプロタイプが異なったため、長野県の北部と中南部間での遺伝子流動、すなわちツキノワグマの移動分散が起きていない、あるいは非常にまれであることが示唆された。一方、核 DNA MHC クラスター II ベータ遺伝子 2 領域 (270-bp) からの結果では、14 のハプロタイプが検出されたが、ハプロタイプの地理的分布に特徴的な傾向はみられなかった。



クルミの木に登るコグマ (六波羅 氏撮影)

A young bear (Photo by Mr. Rokuhara)