

北海道中央部におけるヒグマの遺伝的構造解析

柴田 穂波（野生動物学）

【目的】

ヒグマ (*Ursus arctos*) は日本で北海道のみに生息する大型哺乳類である。行動範囲が広く、単独性、人目を避けるなどの生態的特徴を持ち、直接観察が難しいことから、正確な生息数や集団の空間分布を把握することが難しい野生動物である。北海道のヒグマの分布は、市街地などの空白地帯や森林の分布などをもとに、個体群を5つの地域個体群（渡島半島、積丹・恵庭、天塩・増毛、道東・宗谷、日高・夕張）に区分している（北海道，2022）。北海道中央部は、襟裳岬から宗谷岬まで南北に稜線や丘陵地が続き、森林地帯が連続的に分布している。この地域での保全遺伝学的研究による情報は、Matsushashi et al. (1999) による全道のヒグマのミトコンドリア DNA ハプロタイプの空間分布を明らかにした研究によるものがあるが、マイクロサテライト DNA を用いたヒグマの地域集団の詳細な遺伝的構造についての研究は行われていない。そこで本研究では、北海道中央部におけるヒグマ地域個体群の詳細な遺伝的構造を明らかにすることを目的として、分集団の構成と空間分布および各分集団間の遺伝的分化について解析を行った。

【方法】

2014年から2020年までに道央部68市町村で捕獲されたヒグマ552個体の肝臓および組織のマイクロサテライト DNA 遺伝子座について解析を行った。得られた遺伝子型情報を用いて STRUCTURE 解析を行い、分集団数を推定した。得られた分集団の分布範囲および分布境界線を、固定カーネル法を用いて地図上に示した。また、分集団ごとの遺伝的指標を算出した。

【結果】

解析の結果552個体の遺伝子型情報が得られた。STRUCTURE 解析の結果、2つの分集団に分けられた（図1）。しかし、さらに分集団が細かく分けられる可能性が示唆されたため、得られた分集団を個別に再解析した（図2、図3）。その結果、分集団1は3つ、分集団2は2つに分けられた。分集団1-1は宗谷岬から天塩山地、分集団1-2は北見山地から大雪山系北側、分集団1-3は増毛山地および大雪山系を含めた道東地域に広く分布し、分集団2-1は日高山脈周辺、分集団2-2は夕張山地周辺に分布していた（図4）。これらの分集団の分布は、国道、圃場、市街地、河川などの森林の空白域が分布境界線となっている可能性が示唆された。本研究で得られた Mean H_e （期待ヘテロ接合度の平均）の値は0.57 - 0.68で極度に遺伝的多様性が低い地域は検出されなかった。他地域のヒグマ個体群とマイクロサテライト DNA 5 座位（G10L, G10B, G10P, G10X, G1D）について比較を行った結果、北海道東部のヒグマ6集団（mean H_e = 0.58 - 0.66）やスカンジナビア半島のヒグマ4集団（mean H_e = 0.68 - 0.69）と近い値を示した。

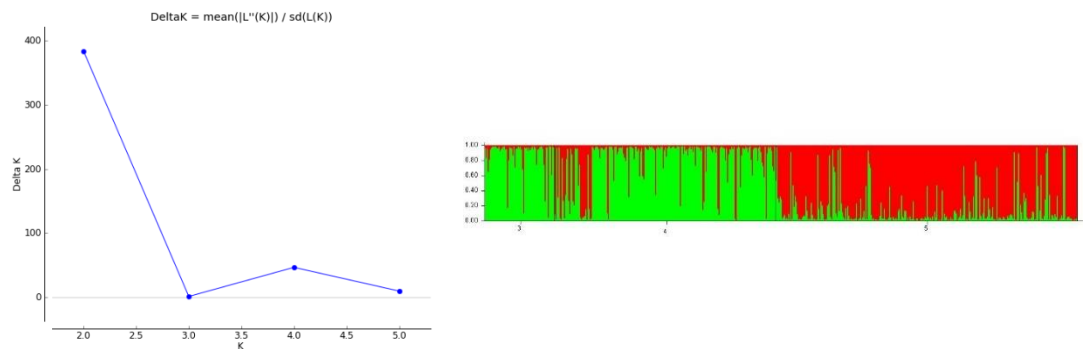


図 1. ΔK の値とバープロット図の結果（全個体, $K=2$ ）

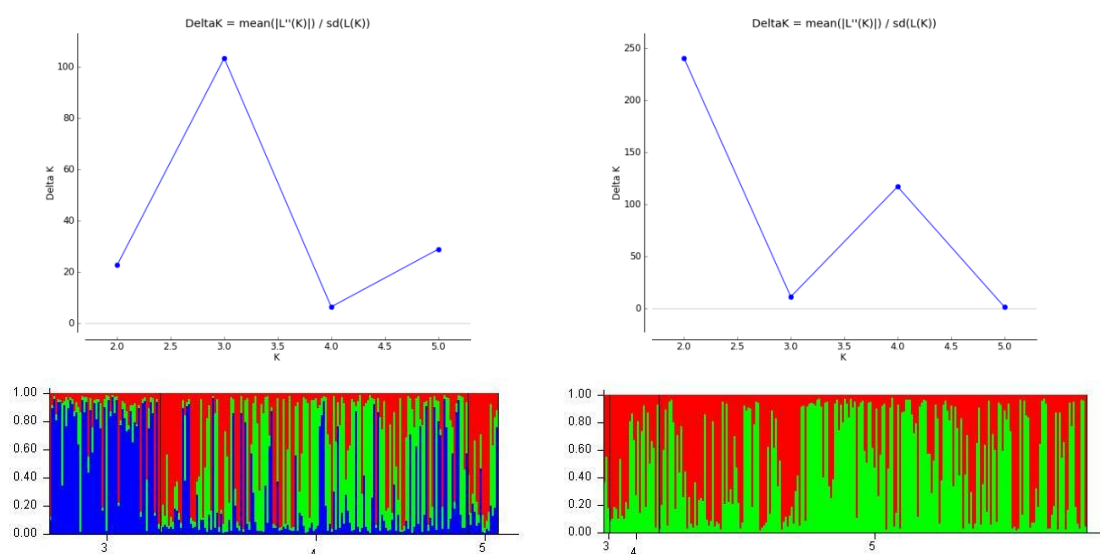


図 2. ΔK の値とバープロット図の結果およびバープロット図の結果（分集団 1, $K=3$ ）

図 3. ΔK の値とバープロット図の結果およびバープロット図の結果（分集団 2, $K=2$ ）

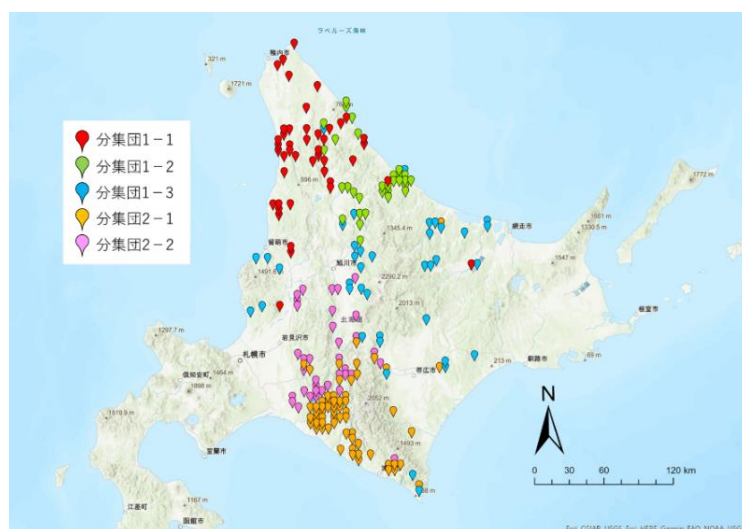


図 4. STRUCTURE 解析により推定された北海道中央部のヒゲマ分集団の空間分布