

長野県木曽地域のツキノワグマの遺伝的多様性と遺伝構造を解析

長野県木曽地域を対象に、ツキノワグマの体毛から抽出した DNA を用いて、その遺伝的多様性および遺伝構造を調べました。その結果、遺伝的多様性の重要な指標となる有効な集団サイズは大きくないと考えられ、今後の継続的な遺伝的多様性モニタリングの必要性が示唆されました。

人間とツキノワグマ（以下、クマ）とのあつれきは、目下、日本社会の大きな問題となっています。クマ保護管理策を提案するには、クマが各地域でどのように集団を形成し、集団間や個体間で移動あるいは遺伝的交流をもっているのかなど、生態遺伝学的特徴の深い理解が不可欠です。

本研究では、長野県木曽地域の約 48 km² の調査区に 35 個の体毛採取トラップを設置し、収集したクマ体毛から DNA を抽出して、母性遺伝するミトコンドリア DNA の塩基配列多型および両性遺伝する核 DNA の遺伝子型の決定と性判別を行いました。その結果、収集したサンプルから 30 個体のクマを識別し、雌雄で分布場所が異なる傾向があることが分かりました。ミトコンドリア DNA の解析の結果、雄の全個体はハプロタイプ（ミトコンドリア DNA 型）E01 のみを示す一方、雌はこれまで東北地方や富山県で報告のあった E07 を含む 3 つのハプロタイプを保有していました。遺伝的多様性の重要な指標となる有効な集団サイズは大きくないと考えられ、今後の継続的な遺伝的多様性モニタリングの必要性が示唆されました。

本研究は、長野県におけるツキノワグマの遺伝構造を初めて明らかにしたもので、実際のクマ保護管理への活用が期待されます。

研究代表者

筑波大学生命環境系

津田 吉晃 准教授

筑波大学理工情報生命学術院生命地球科学研究群生物学位プログラム博士課程後期（研究当時）

小井土 凜々子（現：京都大学フィールド科学教育研究センター瀬戸臨海実験所 特定助教）

長野県環境保全研究所

黒江 美紗子 研究員



研究の背景

種の集団ごとの遺伝的多様性、集団間あるいは個体間の遺伝的な交流や遺伝的血縁性などに関する集団遺伝学的構造^{注1)}の理解は、その種の生態の知見を深めるだけでなく、保護管理を考える上でも重要です。集団遺伝学的構造を含む生物地理学的な構造は、地理的スケールに依存するため、種の分布全域など広域スケールから、都道府県や山脈などの地域スケール、さらに小さい局所スケールなど、異なる地理的スケールで集団遺伝学的構造のパターンを評価することが大切です。

人間とツキノワグマ（以下、クマ）とのあつれきは、目下、日本社会の大きな問題となっています。クマ保護管理策を提案するには、クマが長い歴史の中で、あるいは現在進行形で、全国スケールあるいは地域スケールでどのように集団を形成し、集団や個体間で移動あるいは遺伝的交流をもっているのかなど、生態遺伝学的特徴の深い理解が不可欠です。しかし、クマの生息数が多い長野県では、人間とクマとのあつれきは増加する一方、クマの生態遺伝学的知見は十分に把握できていませんでした。また最近の動物研究では対象個体への痛みを伴わず、また安全に採取できる非侵襲的なサンプル取得の重要性も世界的に認知されています。特に哺乳類では、遺伝試料採取を行う場合、筋肉や血液を用いることが一般的で、高質・高収量の DNA 取得が可能である一方、対象個体の捕獲自体が難しいことや、対象個体と採取者の双方に危険が伴うことなども指摘されています。そのため近年は、体毛、唾液、糞、さらに足跡由来の環境 DNA などが非侵襲的採取サンプルとして使われ、特にクマ研究では、体毛採取トラップを広範囲に設置し、採取した体毛^{注2)}を用いた DNA 解析が行われています。そこで、今回、長野県木曽地域を対象に、クマ集団の遺伝構造、遺伝的多様性や性に偏った移動分散パターンの評価、さらには体毛 DNA 解析の有効性の評価を行いました。

研究内容と成果

本研究では、2020 年に木曽地域の約 48 km² の調査区に 35 個の体毛採取トラップ（図 1）を設置し、これにより収集したクマ体毛の毛根組織から DNA を抽出して、母性遺伝するミトコンドリア DNA の塩基配列多型および両性遺伝^{注3)}する核 DNA の遺伝子型の決定と性判別を行いました。得られた計 210 の体毛 DNA サンプルのうち、71 サンプルについては遺伝子型決定に成功し、同一個体由来と考えられるサンプルを精査したところ、最終的に 30 個体のクマを識別しました。また、雄 6 個体、雌 18 個体については性判別決定もできました。解析の結果、性判別に成功した雄 6 個体は全て、調査区北側でのみ検出され、雌 18 個体は雄とは異なる場所に分布していました。これらの場所の植生を見ると、雄がいたのはミズナラ、コナラなどドングリをつけるコナラ樹種からなる広葉樹林である一方、雌がいたのはカラマツなどを主とした針葉樹植栽地でした（図 2）。子育て中の母クマは発情しないことから、雄クマは子連れの母クマを見つけると子クマを殺し（クマの「子殺し」と呼ばれています）、母クマの発情を促進する行動をとります。そのため、子連れの母クマは雄クマから距離を取り遭遇しないようにすることも知られています。従って、本解析において雄と雌個体で分布場所が異なるのは、雄クマはより食料資源に恵まれたコナラ類の広葉樹林にいる一方、子連れの母クマは雄との遭遇を避けるために、食料資源は乏しいがより安全なカラマツ林に生息していると考察しました。

また、ミトコンドリア DNA の解析の結果、雄の全個体はミハプロタイプ^{注4)} E01 のみを示す一方、雌はこれまで東北地方や富山県で報告のあった E07 を含む 3 つのハプロタイプを保有していました（図 3）。特にハプロタイプ E07（雌 2 個体）は長野県で初めて検出されました。富山県と木曽地域には標高 1500 ～ 3000m 級の飛騨山脈があり、本研究で検出されたクマあるいはその祖先個体が飛騨山脈を超えて、富山県から木曽地域に移動してきた可能性が示唆されます。一般に、クマでは雄個体の方が雌個体よりも行

動範囲が広く、雌は定住性が高いことが知られていますが、最近のクマ GPS 追跡調査から、雌の長距離移動も報告され、また必ずしも雌の定住性が高いわけではないことも報告されており、どこかの時代で雌個体の長距離移動があったと考察することは妥当だと思われます。あるいはハプロタイプ E07 をもつクマ個体はもともと木曽地域周辺に分布していることから、先行研究において富山県で検出された個体（性別不明）が長野県から移動した個体あるいはその末裔であることも考えられます。

さらに、両性遺伝する核 DNA では、供試個体から遺伝的グループは検出されず、これら地域全体でおおよそ「1つのクマ集団」であると言えることが分かりました。ただし、ミトコンドリア DNA、核 DNA とともに、検出された場所間の距離が遠くなるほど、遺伝的にも遠縁になるという空間構造が見られました。これは、地理的に近いところにいる個体間で遺伝子流動や繁殖がより頻度高で行われているためと考えられ、生物では一般的な傾向です。

遺伝的多様性の重要な指標となる有効集団サイズ^{注5)}は 44.8 と推定されました。一般に、生物種の保全のために近交弱勢を防ぐためには、少なくとも有効集団サイズは 50～100 以上必要とされており、アメリカクロクマでは 3～49、北米のハイイログマでは 5.6～15.4 と報告されています。日本各地域におけるクマの有効集団サイズの詳細は分かっていませんが、本研究で検出された木曽地域の有効集団サイズは大きくない推定値であり、今後の継続的な遺伝的多様性モニタリングの必要性が示唆されました。

今後の展開

本研究成果は、長野県におけるツキノワグマの地域内の遺伝構造を初めて明らかにしたものであり、今後、実際のクマ保護管理への活用を進める予定です。また、長野県全域の過去約 35 年に渡る遺伝構造と個体数管理の関係や、南信地域における景観とクマの遺伝構造の調査を継続するとともに、日本全国スケールでクマの遺伝的多様性およびその形成史の解明を進めていく予定です。さらに、本種が分布する西アジア～日本まで、大陸スケールでの国際的なクマ保全策提案に向けた国際ネットワーク構築にも取り組みます。

参考図



図1 ツキノワグマの体毛採取トラップ（わな）。1辺 3-5m の正方形を作り、中心に誘引物（餌）を設置し、各辺および対角線上を有刺鉄線とすることで、有刺鉄線をくぐったクマの体毛を採取する。（写真：長野県）



図2 雄個体が検出されたコナラ類を主体とした林（左）、および雌個体が検出されたカラマツ等を主とした人工林（右）。(写真：長野県)

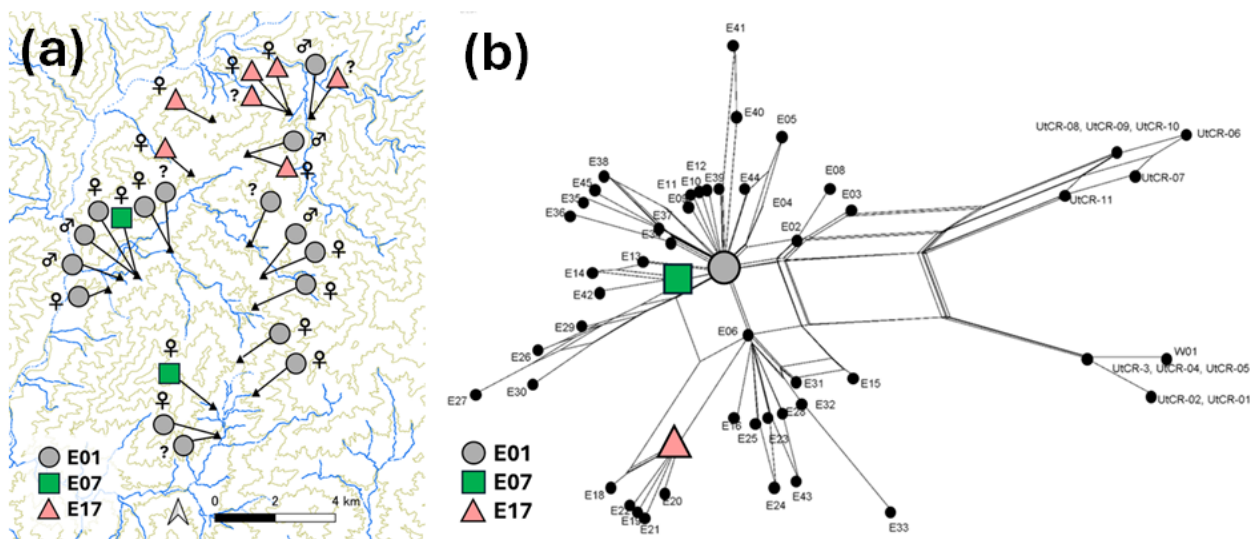


図3 (a) 本研究で設置した体毛採取トラップからの遺伝解析で検出された3つのミトコンドリア・ハプロタイプE01、07およびE17の雌雄別の分布、および、(b) 全国で検出された52のハプロタイプも含めた遺伝的系統関係。ハプロタイプE17をもつ個体は調査地北側に集中し、7個体中5個体は雌であった。他2個体は性判別決定できなかった。ハプロタイプE01およびE07がこれら地域に分布することは、全国スケールの先行研究(Ohnishi et al. 2009)と比較しても矛盾はなかった。E07については、富山県や東北地方での分布が知られているが、長野県では本研究が初の検出となった(2個体とも雌)。

用語解説

注1) 集団遺伝学的構造 (population genetic structure)

遺伝的多様性の分布の時空間的構造のこと。生物種は長い歴史の中で、気候や地殻などさまざまな環境変動を経験し、分布域を縮小、拡大、分断化などして、また環境に適応することで、現在の分布を形成している。種レベルでは、このような分布移動の歴史の中で、長期間、集団が各地域に分断化することで、遺伝的多様性にも地域性が生じることが知られている。同様に生物(科、属、種などのさまざまなレベル)、生態系、植生などの地理的な変異や分布などに着目した構造は生物地理学的構造と呼ばれる。

注2) 体毛由来の DNA (hair-derived DNA)

一般に「体毛（ヒトの場合は毛髪）から抽出した DNA」とされるが、厳密には、抽出される DNA のほとんどは毛根周辺の細胞に由来する。

注3) 母性遺伝・両性遺伝 (maternal inheritance, biparental inheritance)

母親の遺伝情報だけが子供に伝わる遺伝様式を母性遺伝、両親（父・母）それぞれの遺伝情報が半分ずつ引き継がれる様式を両性遺伝という。ツキノワグマのような哺乳類などの動物の場合、基本的にミトコンドリアゲノムは母性遺伝様式を持ち、核ゲノムは両性遺伝様式を持つ。

注4) ハプロタイプ (haplotype)

ツキノワグマは2倍体（体細胞が、両親から1組ずつ受け継いだ、計2組の染色体を持つ）生物であり、核ゲノムについては遺伝子型 (genotype) という用語が用いられる。一方、ミトコンドリアゲノムは、染色体を1組しか持たない半数体（ハプロイド、haploid）であり、その遺伝子型はハプロタイプと呼ばれる。一般に、ミトコンドリアの DNA 型のことをハプロタイプと呼ぶ。

注5) 有効集団サイズ (Effective Population size)

生物集団内で繁殖に関わる個体数を推定した値。種あるいは集団のもつ遺伝的多様性を表し、繁殖様式、環境選択などにより、値は時空間的に変動する。一般的に、集団の維持のためには500個体以上の有効集団サイズが必要とされている。

研究資金

本研究は、長野県令和3年度県単ツキノワグマ生息状況調査、日本学術振興会 (JSPS)・DC 特別研究員 (23KJ0253)、科研費・基盤研究 B (22H02370, 25K02037)、公益財団法人住友財団・2021 年度環境研究助成、環境研究総合推進費 (JPMEERF20254002)、筑波大学山岳科学センター機能強化・重点課題研究助成による研究プロジェクトの一環として、また、株式会社環境アセスメントセンターから筑波大学への受託事業契約に基づいて実施されました。

掲載論文

【題 名】 Local genetic diversity and structure of Asian black bear, *Ursus thibetanus*, populations in Nagano, Japan

(長野県に生息するツキノワグマ *Ursus thibetanus* 集団の地域的な遺伝的多様性と遺伝構造)

【著者名】 小井土凜々子 (研究当時：筑波大学理工情報生命学術院生命地球科学研究群生物学位プログラム博士課程後期／現：京都大学フィールド科学教育研究センター瀬戸臨海実験所 特定助教)、柳生将之 (研究当時：株式会社環境アセスメントセンター北信越支社／現：長野県諏訪湖環境研究センター 研究員)、宮澤明日加 (株式会社環境アセスメントセンター北信越支社)、大西尚樹 (国立研究開発法人森林研究・整備機構森林総合研究所東北支所 チーム長)、黒江美紗子 (長野県環境保全研究所 研究員)、津田吉晃 (筑波大学生命環境系／山岳科学センター菅平高原実験所・八ヶ岳演習林 准教授)

【掲載誌】 *Mammal Study*

【掲載日】 2026 年 3 月 25 日

【DOI】 10.3106/ms2025-0029