

学 位 論 文 題 名

Spatial and temporal structures of a sika deer
(*Cervus nippon*) population.

（ニホンジカ個体群の空間的・時間的構造に関する研究）

学位論文内容の要旨

近年、遺伝子マーカーによって、動物の集団構造が調べられるようになってきた。その結果、哺乳類の個体群では、種を問わず集団構造が見られることがわかってきた。これらの構造がつくられる原因は様々であり、地理的な隔離や個体数変動などの過去の個体群の履歴によって原因は異なると考えられる。しかし究極的には、この原因は、自然選択もしくは遺伝子浮動に求めることができる。異なる自然選択圧への適応によって集団が分化するか、もしくは何らかの理由によって自由な遺伝子の交流がさまたげられることによって、より小さな分集団内で交雑し、集団間で独立して遺伝的浮動が起こり、全体としては構造を作るのである。しかし、分集団間で十分な遺伝的交流があれば集団の分化は妨げられ、集団は均一化する。これらの問題については理論的には十分検討されてきたが、雌雄の分散や遺伝子交流に関するパラメータは実際にはほとんど求められていない。

そこで、本研究は、宮城県の金華山島（966ha）内のニホンジカ(*Cervus nippon*)個体群を対象に、遺伝的な構造の有無を調べ、集団構造が形成される原因を推定すると共に、ニホンジカの社会システムに関して遺伝学的な面から情報を得ることを目的とした。

はじめに、地域変異及び父子判定に利用するための手法を開発した。そのため、牛や羊等シカの類縁種で開発されたマイクロサテライトマーカー 17 座位についてニホンジカでも多型があることを確認し、血縁関係が既知の飼育個体群（野毛山動物園）で父子判定を行った。その結果、この個体群ではほぼ父子判定が可能であることが明らかになった。また、家系図から計算した血縁度とマイクロサテライトマーカーによる血縁度（Queller and Goodnight's r ）はよく相関し、このシステムによって個体間の遺伝的な関係を推測することが可能であると推定された。ここで多型が確認されたマーカーを用いて金華山個体群の解析を行った。

金華山島はこれまで報告されているシカの移動能力から見れば、数日で十分移動できる面積であり、シカの移動をさまたげる物理的な障害はない。この島の一地域では、1989 年以来、個体識別に基づくニホンジカの調査が行われ、各個体の移出入、生存／死亡、繁殖等の

パラメータが明らかになっている。本研究ではこの調査地域の DNA サンプル (277 頭分) と、1997 年の大量死の際に得たサンプル (45 頭分) について、17 座位のマイクロサテライトマーカーによるタイピングを行った。調査地域とそれ以外の地域では、13 座位について遺伝子頻度は有意に異なり、また Wright の F_{st} の結果からも、2 地域の交雑が制限されていることが明らかになった。また島の各地域についても同様の結果が得られた。この構造の原因を明らかにするため、雌雄の個体について地理的な距離と遺伝的な距離の関係を二つの指標 (Queller and Goodnight's r , allele sharing rate) で調べた。その結果、メスでは地理的に遠い個体は遺伝的にも遠く、その関係は有意であった。オスではその関係はやや不明瞭であるが、地理的に近い個体が血縁も近いのではないかと示唆された。この研究結果は、メスの定住性についての、過去の報告を遺伝的な側面から裏付けた。また、オスについては、小島内であるにもかかわらず、島内での個体の移動はランダムではなく、定住性が示唆される結果であった。メスの定住性は島内の遺伝的交流をさまたげる働きがあるため、おそらく、遺伝子浮動のプロセスを経て、集団が構造化したものと考えられた。

定住性による構造化に対抗して集団を均一化する要因としては、地域間の遺伝子交流がある。調査地域とそれ以外の地域の遺伝子交流がどの程度起こっているのかを父子判定によって調べた。調査地域で 1989 年から 1998 年に産まれた個体の父子判定を行った結果、36% の個体の父親は、その調査地域を普段の行動圏としていない外部の個体が父親であることが分かった。従って、分集団間の遺伝的交流はかなり多いことが推測された。

さらに、島内に構造が見られ、またその間では遺伝子交流が頻繁に起こっていると考えられることから、集団の遺伝子構成は経時的に変化するだろうと予測し、調査地域の遺伝子構成の変化を調べた。シカの寿命は長く (>10 年)、一度に産む子どもの数は 1 頭と、繁殖力はさほど高くないにもかかわらず、調査期間中調査地域集団の遺伝子構成は徐々に変わっていき、11 年間では集団の遺伝子構成は統計的に有意に異なった。これは、調査地域集団内の遺伝子浮動 (死亡、繁殖) および外部との遺伝子交流によって引き起こされた変化である。

本研究から、ニホンジカの小组内では、物理的障害がなく、十分な遺伝的交流があっても遺伝的な構造が認められることが確認された。その原因となっているのは主にメスの定住性であると考えられる。本研究の結果からは、オスにも弱い定住性があることが示唆されたが、もしオスに定住性があれば、これによって島内の分集団化はさらに促進されるであろう。これについては今後も検討する必要がある。

学位論文審査の要旨

主 査 教 授 木 村 正 人

副 査 教 授 東 正 剛

副 査 教 授 玉 手 英 利 (石巻専修大学理工学部)

副 査 助 教 授 鈴 木 仁

学 位 論 文 題 名

Spatial and temporal structures of a sika deer (*Cervus nippon*) population.

(ニホンジカ個体群の空間的・時間的構造に関する研究)

近年、遺伝子マーカーによって、動物の集団構造が調べられるようになってきた。その結果、哺乳類の個体群では、種を問わず集団構造が見られることがわかってきた。これらの構造がつくられる直接的な原因は様々であり、地理的な隔離や個体数変動などの過去の個体群の履歴によって原因は異なると考えられる。これらの問題については理論的には十分検討されてきたが、雌雄の分散や遺伝子交流に関するパラメータは実際にはほとんど求められていない。

そこで、申請者は、宮城県の金華山島 (966ha) 内のニホンジカ (*Cervus nippon*) 個体群を対象に、遺伝的な構造の有無を調べ、集団構造が形成される原因を推定すると共に、ニホンジカの社会システムに関して遺伝学的な面から情報を得ることを目的として研究を行った。

はじめに、地域変異及び父子判定に利用するための手法を開発した。そのため、牛や羊等の類縁種で開発されたマイクロサテライトマーカー 17 座位についてニホンジカでも多型があることを確認し、血縁関係が既知の飼育個体群 (野毛山動物園) で父子判定を行った。その結果、このマーカーによって父子判定や集団構造の検討が可能であると推定された。ここで多型が確認されたマーカーを用いて金華山個体群の解析を行った。

金華山島はわずか 966ha の面積であり、シカの移動をさまたげる物理的な障害はない。この島の一地域では、1989 年以来、個体識別に基づくニホンジカの調査が行われ、各個体の移出入、生存/死亡、繁殖等のパラメータが明らかになっている。本研究ではこの調査地域の DNA サンプル (277 頭分) と、1997 年の大量死の際に得たサンプル (45 頭分) について、17 座位のマイク

ロサテライトマーカーによるタイピングを行った。遺伝子頻度からも、Wright の F_{st} の結果からも、2 地域の交雑が制限されていることが明らかになった。また島の各地域についても同様の結果が得られた。この構造の原因を明らかにするため、雌雄の個体について地理的な距離と遺伝的な距離の関係を二つの指標 (Queller and Goodnight's r , allele sharing rate) で調べた。その結果、メスでは地理的に遠い個体は遺伝的にも遠く、その関係は有意であった。オスではその関係はやや不明瞭であるが、地理的に近い個体が血縁も近いのではないかということが示唆された。この研究結果は、メスの定住性についての、過去に報告を遺伝的な側面から裏付けた。また、オスについては、小島内であるにもかかわらず、島内での個体の移動ランダムではなく、定住性が示唆される結果であった。メスの定住性は島内の遺伝的交流をさまたげる働きがあるため、おそらく、遺伝的浮動のプロセスを経て、集団が構造化したものと考えられた。

定住性による構造化に対抗して集団を均一化する要因としては、地域間の遺伝子交流がある。調査地域とそれ以外の地域の遺伝子交流がどの程度起こっているのかを父子判定によって調べた。調査地域で 1989 年から 1998 年に産まれた個体の父子判定を行った結果、36% の個体の父親は、その調査地域を普段の行動圏としていない外部の個体が父親であることが分かった。従って、分集団間の遺伝的交流はかなり多いことが推測された。

さらに、島内に構造が見られ、またその間では遺伝子交流が頻繁に起こっていると考えられることから、集団の遺伝子構成は経時的に変化するだろうと予測し、調査地域の遺伝子構成の変化を調べたところ、11 年間では集団の遺伝子構成は統計的に有意に異なった。申請者は、これを調査地域集団内の死亡、繁殖および外部との遺伝子交流によって引き起こされた変化であると結論した。

このように、申請者の研究の結果、ニホンジカの小さな集団内では、物理的障害がなく、十分な遺伝的交流があっても遺伝的な構造が認められることが確認された。その原因となっているのは主にメスの定住性であると考えられた。また、結果からは、オスにも弱い定住性があることが示唆されたが、これについては今後も検討する必要があると結論している。

このように申請者の研究は、集団の遺伝子構造とその形成要因について、遺伝学的側面だけでなく、行動学的にも検討した。また、時間的要因については、これまで研究例はまれであり、今後のさらなる発展が期待される。

よって審査員一同はこれらの成果を高く評価し、また研究者としての資質や、大学院課程における研鑽や単位取得なども併せて考慮し、申請者が博士 (地球環境科学) の学位を受けるのに十分な資格を有するものと判断した。