

学 位 論 文 題 名

The genetic population structures
of small rodents in Hokkaido

（北海道に生息する小型齧歯類の遺伝的な個体群構造）

学位論文内容の要旨

1. 近年、開発などによる森林破壊によって森林の分断化が進んでいる。この分断化は、森林を主要な生息場所とする動物の移動・分散の障害となり、地域個体群間の遺伝的交流が制限される。そのため地域個体群の遺伝的な孤立化が進み、遺伝的変異が大きくなると考えられる。このような個体群の遺伝的な構造の変化は個体群の存続に関わる問題として注目されている。

本研究では北海道全域に生息する森林棲の小型齧歯類であるヒメネズミと、同所的に生息するエゾヤチネズミを用いて、小型齧歯類の遺伝的な個体群構造を解析し、地域個体群間の遺伝的変異を引き起こす要因について論議した。

2. マイクロサテライトDNAは各遺伝子座における対立遺伝子数が多く、個体群の遺伝的構造を敏感に反映する遺伝子マーカーであると言われている。エゾヤチネズミはマイクロサテライトDNAマーカーがすでに開発されていた。そこで、本研究ではヒメネズミのマイクロサテライトDNAマーカーを新たに開発して、遺伝的解析に用いた。

3. 個体群内の遺伝的な空間構造は繁殖システムや分散パターンによって異なると考えられる。そこで、ヒメネズミ個体群における個体間の関係と遺伝的な空間構造について研究を行った。

標識－再捕獲法を用いて繁殖期中の行動圏を調査した結果、行動域が重なっている繁殖雄と繁殖雌の組み合わせが繁殖期を通して観察された。親子推定の結果、一夫多妻的な繁殖を行っていることが明らかになった。成体では、雌雄間の血縁度は概して低く、遺伝的に均質化されている状態であった。幼体では個体間の血縁度と地理的距離に負の相関が見られた。成体雌間の血縁度も地理的距離と負の相関を示したが、雄ではそのような相関は見られなかった。当年生まれの雄で長距離の移動が観察されたことから、成体と幼体間の遺伝的な空間構造の違いは雄に偏った出生地分散によってもたらされると考えられた。ヒメネズミは一夫一妻であるといわれていたが、一夫多妻的な繁殖をすることがわかり、地域によって繁殖形態に変異があることが示唆された。

4. 生息域を森林に強く依存するハビタット・スペシャリストであるヒメネズミは、森林の分断化の影響を強く受けると考えられる。北海道中央部に位置する石狩平野は森林を東西に分断している。そのため、この平野を挟んだ東西の地域個体群間では遺伝的交流が妨げられ、遺伝的変異が大きいと予測される。一方、北海道北部や中央部には森林が広範囲にわたって連続して分布している。そこでは地域個体群間の遺伝的交流が維持されていると考えられ、距離による隔離の効果 (isolation-by-distance) が検出されると考えられる。そこで、道内の 5 地域からヒメネズミを捕獲して、その遺伝的構造について地域個体群間で

比較した。

10組の地域個体群の組み合わせのうち5組において、遺伝的浮動の影響を反映する遺伝的距離(F_{ST})は0より有意に高かった。しかし、突然変異を反映する遺伝的距離(R_{ST})は全ての地域個体群間で低かった。無荷重まとめ上げ(UPGMA)法によるクラスター解析から、地域個体群間の遺伝的な構造に地理的な傾向は見られなかった。地域個体群間の地理的距離と遺伝的距離の間に相関はなく、isolation-by-distanceは検出されなかった。

石狩平野を挟んだ東西の両地域個体群間の遺伝的距離は、他の地域個体群間に比べ高くはなく、森林の分断化による影響は検出されなかった。また、地理的距離による影響もなく、長距離(>200 km)に渡る遺伝的交流が維持されていた。 F_{ST} と R_{ST} の結果の違いから、ヒメネズミ個体群の遺伝的構造は遺伝的浮動による影響を受けていることが示唆された。

5. 遺伝的浮動の強さは個体群密度の影響を受ける。個体数が周期的に変動する個体群では、数年に一度の個体数の減少によって遺伝的浮動の影響が強まり、地域個体群間の遺伝的変異が大きくなると考えられる。そこで、遺伝的浮動の影響を明らかにするために、個体数変動パターンがよく研究されているエゾヤチネズミを用いて遺伝的解析を行った。

エゾヤチネズミの個体群密度は、北海道北東部では3–5年の周期的変動をし、その変動幅も大きい。一方、北西部および中部から南部にかけて、個体群密度に周期的変動は認められず変動幅も小さい。そこで、周期的変動をする北東部の3地域個体群、周期的変動をしない北西部の2、および南部の4地域個体群で捕獲を行い、周期的な個体数変動が地域個体群間の遺伝的な違いを大きくしているという仮説を立て、検証した。

北海道北東部の地域個体群間では遺伝的距離(F_{ST})は低かったが、北西部の1地域個体群(遠別)と北東部の地域個体群との間では F_{ST} は0より有意に高かった。北西部の別の地域個体群(佐久)と北東部の地域個体群との間では F_{ST} は低かった。アサインメントテストの結果から、個体群密度が周期的変動をする地域個体群から佐久への遺伝子流出の頻度は高かったが、周期的変動をしない佐久から他の地域個体群への遺伝子流出の頻度は低いことが明らかになった。個体群密度に周期的変動が認められない北海道南部では全ての地域個体群間で F_{ST} は0より有意に高かった。アサインメントテストの結果から、南部の地域個体群では遺伝子流出の頻度が低いことが明らかになった。

これらの結果から、仮説とは逆に、個体群密度が周期的に変動する地域個体群間では遺伝的変異が小さいことが明らかになった。個体群密度が周期的に変動する個体群では、高密度期に分散頻度が高まり、その分散によって地域個体群間の遺伝的交流が維持されていると考えられた。

6. ヒメネズミの地域個体群間の遺伝的な構造がエゾヤチネズミと同じように個体数変動の影響を受けているかどうかを明らかにするため、エゾヤチネズミの解析と同じ地域から捕獲を行い、遺伝的解析を行った。

北海道北部では10組の地域個体群の組み合わせのうち5組において F_{ST} は0より有意に高かった。南部では6組の地域個体群ペアのうち F_{ST} が0より有意に高かったのは1組だけであり、 F_{ST} の平均値は北部のそれに比べ有意に低かった。北部・南部ともに、UPGMA法によるクラスター解析から、地域個体群間の遺伝的構造に地理的な傾向は検出されなかった。

北海道北部では地域個体群間の遺伝的交流頻度が低く、各地域個体群が遺伝的に独立していた。一方、南部では遺伝的交流が維持されており、各地域個体群は遺伝的に類似した構造となっていた。この北部と南部の遺伝的な個体群構造の違いが個体数変動によるものなのかどうかは明らかではなかった。この違いが生じた理由として、氷河期以降の個体群の分布過程の違いによる影響や繁殖システムの違いによる影響について論議した。

7. 本研究では、エゾヤチネズミの個体数が周期的に変動することで地域個体群間の遺伝的交流頻度が高まり、そのことが個体群の遺伝的構造を均質化させていることを明らかにした。しかし、ヒメネズミの遺伝的な個体群構造に影響する要因は明らかにできなかったことから、今後、様々な外的要因、および生態学的要因からの研究が必要であることを総合的に論議した。

学位論文審査の要旨

主査	教授	前川	光司
副査	教授	齋藤	裕
副査	助教授	齋藤	隆
副査	助教授	綿貫	豊

学位論文題名

The genetic population structures of small rodents in Hokkaido

(北海道に生息する小型齧歯類の遺伝的な個体群構造)

本研究は84ページの英文論文で、引用文献93を含み、5章で構成されている。他に参考論文3編が添えられている。

森林の分断化は、森林を主要な生息場所とする動物の遺伝的交流を妨げ、個体群の遺伝的構造を変化させると考えられる。この遺伝的構造の変化は個体群の存続性に関わる重要な問題である。本研究では北海道全域に生息する森林棲の小型齧歯類であるヒメネズミと、同所的に生息するエゾヤチネズミを用いて、遺伝的な個体群構造を解析し、地域個体群間の遺伝的変異を引き起こす要因について論議した。

まず、ヒメネズミのマイクロサテライトDNAマーカーを新たに開発し、遺伝的解析に用いた。ヒメネズミ個体群において、親子推定の結果、従来の知見とは異なり、一夫多妻的な繁殖を行っていることが明らかになった。幼体において、個体間の血縁度と地理的距離に負の相関が見られた。成体雌間の血縁度も地理的距離と負の相関を示したが、雄ではそのような相関は見られなかった。成体と幼体間の遺伝的な空間構造の違いは雄に偏った出生地分散によってもたらされと考えられた。

生息域を森林に強く依存するハビタット・スペシャリストであるヒメネズミは、森林の分断化の影響を強く受けると考えられる。そこで、道内の5地域からヒメネズミを捕獲して、その遺伝的構造について地域個体群間で比較した。10組の地域個体群の組み合わせのうち5組において、遺伝的浮動の影響を反映する遺伝的距離(F_{ST})は0より有意に高かった。しかし、突然変異を反映する遺伝的距離(R_{ST})は全ての地域個体群間で低かった。地域個体群間の遺伝的な構造に地理的な傾向は見られなかった。また、地域個体群間の地理的距離と遺伝的距離の間に相関はなく、isolation-by-distanceは検出されなかった。これらの結果から、ヒメネズミ個体群の遺伝的構造は遺伝的浮動による影響を受けていることが示唆された。

エゾヤチネズミの個体群密度は、北海道北東部では3-5年の周期的変動をし、その変動幅も大きい。一方、北西部および中部から南部にかけて、個体群密度に周期的変動は認められず変動幅も小さい。そこで、周期的な個体数変動が地域個体群間の遺伝的な違いを大きくしているという仮説を立て、検証した。北東部の地域個体群間では遺伝的距離 (F_{ST}) は低かったが、北西部の1地域個体群(遠別)と北東部の地域個体群との間では F_{ST} は0より有意に高かった。北西部の別の地域個体群(佐久)と北東部の地域個体群との間では F_{ST} は低かった。統計的解析から、個体群密度が周期的に変動する地域個体群から佐久への遺伝子流出の頻度は高かったが、周期的変動をしない佐久から他の地域個体群への遺伝子流出の頻度は低いことが明らかになった。個体群密度に周期的変動が認められない北海道南部では全ての地域個体群間で F_{ST} は0より有意に高かった。また、南部の地域個体群では遺伝子流出の頻度が低いことが明らかになった。これらの結果から、仮説とは逆に、個体群密度が周期的に変動する地域個体群間では遺伝的変異が小さかった。個体群密度が周期的に変動する個体群では、高密度期に分散頻度が高まり、その分散によって地域個体群間の遺伝的交流が維持されていると考えられた。

次に、ヒメネズミの地域個体群間の遺伝的な構造がエゾヤチネズミと同じように個体数変動の影響を受けているかどうかを明らかにするため、上記と同じ地域で捕獲したヒメネズミ個体群を用いて遺伝的解析を行った。北海道北部では10組の地域個体群の組み合わせのうち5組において F_{ST} は0より有意に高かった。南部では6組の地域個体群ペアのうち F_{ST} が0より有意に高かったのは1組だけであり、 F_{ST} の平均値は北部のそれに比べ有意に低かった。北部・南部ともに、地域個体群間の遺伝的構造に地理的な傾向は検出されなかった。北海道北部では地域個体群間の遺伝的交流頻度が低く、各地域個体群が遺伝的に独立していた。一方、南部では遺伝的交流が維持されており、各地域個体群は遺伝的に類似した構造となっていた。この北部と南部の遺伝的な個体群構造の違いが個体数変動によるものなのかどうかは明らかではなかった。個体群構造の違いを説明する要因として、地史的、生物的要因について論議した。

以上のように、本研究は、生息タイプの異なるエゾヤチネズミとヒメネズミを用いて、その遺伝的構造と生態的要因の関係を分析したものであり、得られた成果は学術的に貴重なものであり、その保全のための基礎資料としても高く評価される。よって審査員一同は、大西尚樹が博士(農学)の学位を受けるに十分な資格を有するものと認めた。