

DNA を用いてツキノワグマの木曽地域集団の特徴を初めて解明しました

長野県環境保全研究所、筑波大学及び京都大学による研究グループが、長野県木曽地域を対象にツキノワグマの遺伝的集団構造を初めて明らかにしました。

【研究の概要】

- ツキノワグマは近年、人との軋轢が社会的課題です。この軋轢の低下とクマの生存を両立するには、その地域のクマが将来も健全に存続できるよう、**遺伝的多様性や地域間のつながりを知ることが重要です。**
- 本研究では、木曽地域 35 か所に体毛採取トラップを設置し、クマの体毛を集めました(図1)。体毛の毛根から得られた DNA を解析したところ、30 個体が識別されました。
- オスは広葉樹林、メスはカラマツ林に生息しており、**オスとメスでは利用空間が異なることが明らかになりました。**
- 富山県や東北地方のクマ集団と共通する遺伝子(図2の■)が県内で初めて検出され、大きな山脈を越えた遺伝的なつながりが示されました。
- **次世代に遺伝子を渡すことができるクマは 44.8 頭とやや少ない値が推定(100 頭以上だと安定)**されました。捕獲を続けていく場合は、この数が下がらないようモニタリングしていく必要があります。

【研究の意義】

本研究では DNA 解析により、ツキノワグマの遺伝的つながりやオスとメスの利用場所の違いが明らかになりました。夏のカラマツ林は子連れメスと遭遇しやすく、十分な注意が必要なこと、捕獲を続けていく地域では、遺伝モニタリングでクマの健全性を確認することで地域絶滅を回避できるなどの保護管理への応用が考えられます。

本成果は3月25日付けで学術誌 Mammal Study に掲載されました。

論文掲載サイト



図1 林内に設置した体毛採取トラップ

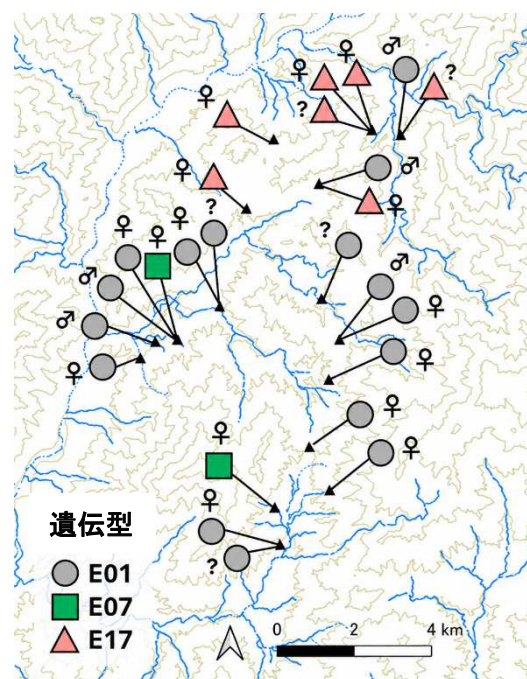


図2 識別されたクマの家系と性別
(●■▲がそれぞれ家系を表す)

※詳細は、別紙(共同プレスリリース資料)をご覧ください。