

(続紙 1)

京都大学	博士 (理 学)	氏名	内藤 アンネグレート素
論文題目	Genetic diversity assessment and conservation implications for two raptor species (猛禽類2種の遺伝的多様性評価と保全上の意義)		
(論文内容の要旨)			
<p>この論文では、絶滅の危機に瀕するニホンイヌワシ (<i>Aquila chrysaetos japonica</i>) とクマタカ (<i>Nisaetus nipalensis orientalis</i>) の保全に資する情報の獲得のため、遺伝的多様性を解析した。両種は本州において広い面積を占める山岳生態系の頂点捕食者であり、生息環境改善も含む保護管理は生態系内の他種の保全にもつながるため、アンブレラ種として位置付けられている。両種は、生息地の喪失や餌動物の減少の影響を受けており、個体数や繁殖成功率に加え、適応能力や繁殖能力、生存能力に影響を与える遺伝的多様性の現状把握が必要である。本研究では、中立遺伝領域を対象に日本個体群の遺伝的な集団構造や遺伝的多様性を評価するとともに、機能遺伝子として主要組織適合性複合体 (MHC) 遺伝子の多様性と繁殖成績に与える影響を調べた。ニホンイヌワシでは、ミトコンドリアDNA (mtDNA) の調節領域と偽調節領域、核DNAのマイクロサテライトマーカーとMHC遺伝子 (Class IIB DR exon 2領域) の多様性を調査した。ニホンイヌワシの解析では、集団構造の地理的な分化は見られず、国内の集団を単一の保全単位として扱うべきという先行研究を支持する結果が得られた。飼育下生まれの個体では若干の遺伝的な偏りが見られ、飼育下での繁殖成功率のバラツキによる影響が示唆された。mtDNAの多様性は野生下よりも飼育下で低かった。遺伝的多様性を維持するためには、飼育下での繁殖計画も含めた、生息域内・域外の統合的な管理が重要であると考えられた。またニホンイヌワシは、mtDNAの多様性が個体数の多い大陸の亜種より低く、マイクロサテライトマーカーの多様性は、同じく島嶼性で絶滅の危機に瀕しているスコットランドの集団と類似していた。MHCの多様性も他の猛禽類より低く、遺伝的浮動や近親交配の影響が示唆された。ペア間のMHCの遺伝的距離 (アミノ酸の差異) は、飼育下の繁殖成功指標のひとつ (孵化率) と弱い関連がみられ、機能的遺伝子の多様性が繁殖成績に影響することが示唆された。加えて、オスの年齢が受精卵の割合と孵化の成否に負の影響を及ぼすことも示唆された。したがって、将来の個体数維持のためには、若い個体を繁殖させる努力や精子の保存などが推奨される。一方で、クマタカのmtDNAの調節領域では、国内全体の多様性と比較して各地域レベルの多様性が低かった。先行研究と異なり、ニホンイヌワシよりも多様性が顕著に高い結果にはならなかった。しかし、イヌワシと異なりクマタカでは地域固有のハプロタイプが多く検出され、Tajima's <i>D</i>やハプロタイプネットワークから個体群が拡大していることが示唆された。また、MHCの多様性はニホンイヌワシと似ており、両種の間で系統学的、あるいは生息環境の類似性によるものと考えられた。クマタカではmtDNAとMHCの遺伝的多様性は低くはないが、今後、全ゲノム情報などによるさらなる解析が必要である。これらの結果を総合すると、両種とも野外での持続可能な繁殖成功のためには、生息地の保存と再生の強化が必要と考えられる。ニホンイヌワシに関しては、野生下と飼育下で個体を行き来させることによる遺伝子流動が、繁殖ペアの選択肢を拡げ、老化による繁殖成績の低下を避けるのに有用と考えられる。クマタカに関しては、地域集団が遺伝的多様性を生み出し維持する重要な役割を担っていることが示唆され、地域差を考慮した保全戦略の必要性が示唆される。以上のように、この論文では、絶滅の危機に瀕するニホンイヌワシとクマタカの遺伝的多様性、集団構造、保全上の意義に関する情報を提供した。長期的な生存を確保するための、遺伝情報に基づいたオーダーメイドの管理戦略が推奨される。</p>			

(論文審査の結果の要旨)

ニホンイヌワシとクマタカの生息数は低下傾向にあり、保全対策のためには、野生個体群の遺伝的多様性の情報が必須である。また野生個体群を補完するために、飼育個体群の遺伝的多様性を健全に保つことも重要である。本申請論文では、両種の遺伝的多様性を野生個体群と飼育個体群間、および種間で比較した。

申請論文の主要部分は5つの章から成っている。第1章の序論では、各種の遺伝情報を生態学的情報と合わせることで、各種の保全に関して考察するという目的を示した。第2章では、ニホンイヌワシについて、先行研究から個体数や解析地域を増やし、中立遺伝領域のミトコンドリアDNAおよびマイクロサテライトマーカを用いて、集団構造と多様性を調査した。遺伝構造の地理的分化は見られず、国内の集団を単一の保全単位として扱うべきという先行研究を支持する結果が得られた。一方で、飼育個体群における遺伝的な偏りとmtDNAの多様性の減少も確認された。また、mtDNAの多様性は大陸の亜種と比べて低く、マイクロサテライトマーカールの多様性は絶滅の危機に瀕しているスコットランドのイヌワシと類似していたことから、ニホンイヌワシで遺伝的多様性が減少している兆候が示唆された。第3章では、ニホンイヌワシの機能遺伝子に着目し、免疫能力と配偶者選択に影響を与えるMHC Class II領域の多様性と繁殖成績の関連について調査した。野生個体と飼育個体の両方で、Class IIの高度多型領域の次世代シーケンシングを行い、遺伝子の構造や多様性を解析した。遺伝的多様性は野生と飼育で同程度であった。飼育個体の繁殖成功指標との関連を調べたところ、ペア間のMHC配列の違いが孵化率に影響することがわかった。ペアのオスの年齢が繁殖成績に負の影響を与えることも示した。第4章では、クマタカにおいて、mtDNAおよびMHC遺伝子を指標として、日本全国の集団構造や地域個体群の多様性を解析し、ニホンイヌワシや他の猛禽類と比較した。その結果、地域個体群のmtDNAの遺伝的多様性は全国レベルと比べて低かった。またハプロタイプに地域特性が見られ、また個体群が拡張傾向にあることも示唆された。一方で、個体数が多いにもかかわらず、遺伝的多様性はニホンイヌワシよりも顕著に高いわけではないことが示唆された。第5章の総合考察では、遺伝情報が両種の保全管理戦略に与える影響について議論し、研究の今後の発展性にも触れた。

本研究では、日本の山岳地帯に生息する絶滅危惧の大型猛禽類のニホンイヌワシとクマタカを対象として、両種の遺伝的多様性を比較した。さらに、これまで用いられてきた中立な遺伝領域に加えて、機能遺伝子のMHCの多様性を調査した最初の研究であり、長年にわたる野外での生態研究や飼育施設の繁殖記録を活用して、生息域内および域外での保全繁殖に有用な情報を見出したことが、本研究の新規性といえる。共同研究者と築いたネットワークにより、本研究で得られた遺伝情報を、両種の保全管理戦略の策定に活用していくことが期待される。また本研究の解析手法や得られた情報は、他の多くの絶滅危惧種の保全にも応用が期待できる。

よって、本論文は博士(理学)の学位論文として価値あるものと認める。また、令和6年1月19日、論文内容とそれに関連した事項について試問を行い、その結果をもって令和6年1月24日に系会議で合格と認めた。

なお、本論文は、京都大学学位規程第14条第2項に該当するものと判断し、公表に際しては、当該論文の全文に代えてその内容を要約したものとすることを認める。

要旨公表可能日：令和 年 月 日以降