View metadata, citation and similar papers at core.ac.uk
brought to you by CORE
provided by Kyoto University Research Information Repository
KURENAI 紅
Kyoto University Research Information Repository
KYOTO UNIVERSITY

Title	Genetic research into Japanese golden eagle (Aquila chrysaetos japonica) for conservation managements(Abstract_要旨)
Author(s)	Sato, Yu
Citation	Kyoto University (京都大学)
Issue Date	2019-03-25
URL	https://doi.org/10.14989/doctor.k21614
Right	学位規則第9条第2項により要約公開
Type	Thesis or Dissertation
Textversion	none

Kyoto University

（ 続紙 1 ）

京都大学	博士（理学）	氏名	佐藤　悠
論文題目	Genetic research into the Japanese golden eagle (*Aquila chrysaetos japonica*) for conservation managenemnt （ニホンイヌワシの保全を目指した遺伝解析）		

（論文内容の要旨）

イヌワシ（*Aquila chrysaetos*）は6亜種がユーラシア大陸や北米大陸など北半球に広く分布している大型の猛禽類である。亜種の一つであるニホンイヌワシ（*A. c. japonica*）は日本および朝鮮半島の一部にのみ生息し、日本における個体数は約 500 羽と推定されている。環境省のレッドリストで絶滅危惧 IB に指定されており、保護増殖事業の対象でもある。野生下では 40 年以上にわたり生態が研究されており、繁殖成功率が低下を続けていることがわかっている。また国内の動物園でも飼育されており、繁殖が推進されている。しかし、野生では繁殖成功率の低下に伴う遺伝的多様性の減少が危惧され、また飼育集団でも遺伝的多様性の低下と近親交配が懸念されていた。

そこで本研究では、ニホンイヌワシの野生集団、飼育集団の遺伝的多様性を解析した。飼育集団については Population Viability Analysis（PVA）も行い、200 年間における個体群の持続性をシミュレーションにより解析した。さらにニホンイヌワシの全ゲノム情報より、集団遺伝学的解析を用いて過去の有効集団サイズの変化を推定した。この結果からニホンイヌワシの減少時期を明らかにし、また北米の亜種（*A. c. canadensis*）および英国の亜種（*A. c. chrysaetos*）との系統関係も解析した。

遺伝的多様性を解析した結果、野生と飼育で同程度の多様性を維持しており、飼育集団は野生の遺伝的多様性を反映していることがわかった。また野生では近親交配が懸念されたが、飼育では近交化は生じていないことが示された。飼育集団の PVA の結果、現在の飼育集団は 156 年で絶滅することが示され、持続的ではないことが示唆された。絶滅の回避には、繁殖参加つがい数を増加させて個体数を増やし、10 年に一度程度で新規個体を加え、遺伝的多様性を維持することが必要である。また、全ゲノム情報にもとづく PSMC（pairwise sequentially Markovian coalescent）モデルを用いた解析により、ニホンイヌワシ（の祖先）の有効集団サイズは 10 万年前の約 8 万羽から、1 万年前には約 5 千羽まで減少したことがわかった。さらに、北米の亜種の有効集団サイズは 1 万年前の約 6 千羽から、現在は 400 羽（15 分の 1）まで減少しており、遺伝的多様性が著しく低下していた。個体数がはるかに少ないニホンイヌワシは、他の亜種よりも危機的な状況にあると考えられる。亜種間でのゲノム配列の相違度は、ニホンイヌワシと北米の亜種で 0.14%、ニホンイヌワシと英国の亜種間では 0.17%であり、ニホンイヌワシは系統的に北米の亜種に近縁であることが示された。

本研究により、ニホンイヌワシは野生集団、飼育集団ともある程度の遺伝的多様性を維持しているが、野生集団では近親交配が進行している可能性が示唆された。そのため野生の個体数や遺伝的多様性の回復のためには飼育個体の野生復帰が有効と考えられる。しかし飼育集団も近い将来の絶滅が予測され、維持するためには野生個体の新規加入が必要である。また、ニホンイヌワシの個体数は 10 万年前から減少を続けているが、特にこの 1 万年の間に個体数が危機的に減少していることが示唆された。

本研究により、ニホンイヌワシの遺伝情報の解明を大きく進展させることができた。本種を保全するためには効果的な対策を速やかに行う必要がある。今後慎重かつ十分な議論が必要ではあるが、野生復帰だけではなく、北米の亜種などニホンイヌワシと同種だが別亜種に属するイヌワシ個体を導入することも保全の手段の一つであるかもしれない。

（続紙　２　）

（論文審査の結果の要旨）

イヌワシ6亜種のうちの1亜種であるニホンイヌワシは、朝鮮半島の一部および日本にのみ生息している大型の猛禽類である。個体数は約500羽と推定されており、環境省より絶滅危惧種（絶滅危惧ⅠB類）に指定されている。古くから日本人にはなじみの深い鳥で、今昔物語集にも登場し、また天狗のモデルという説もある。イヌワシの保全を進めることは、日本の文化の保全にも繋がるといえる。近年、野生での繁殖成功率の低下が深刻化しており、その原因の一つとして遺伝的多様性の低下およびそれに伴う近親交配の進行が懸念されている。過去40年以上にわたり野生での生態研究が行われてきた一方で、これまで本種の遺伝解析はほとんど報告されておらず、早急に遺伝情報を解明する必要があった。

本研究では、ニホンイヌワシの野生集団および飼育集団において、遺伝的多様性や遺伝構造を明らかにするとともに他亜種との比較を行った。さらに、飼育集団の持続性や、野生集団の過去の有効集団サイズの推移を解析した。

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、ニホンイヌワシの野生および飼育下での現状や個体数減少について、また本種における遺伝解析の意義について論述した。第2章では、mtDNAのハプロタイプや核DNAのマイクロサテライトマーカーを用いて遺伝的多様性や近交係数を解析し、野生集団と飼育集団を比較するとともに、他の亜種の先行研究とも比較した。その結果、ニホンイヌワシは野生、飼育とも比較的高い遺伝的多様性を維持している一方で、近親交配の進行が懸念されることを示した。本種の保全には、現在の遺伝的多様性を維持していくことが極めて重要であることを述べている。第3章では、飼育集団の持続性について、Population Viability Analysis（PVA）を用いてシミュレートし、現在の集団の持続性ならびに集団を維持するのに必要な条件を検討した。その結果、現在の飼育集団は156年で絶滅すること、集団を維持するためには繁殖つがい数を増やして個体数を増やすとともに、野生から10年間隔で個体を導入して遺伝的多様性を保つ必要があることを示した。第4章ではニホンイヌワシの全ゲノム情報にもとづく集団ゲノミクス解析により過去の有効集団サイズの変化を推定した。その結果、ニホンイヌワシの有効集団サイズの減少は10万年前から始まり、直近の1万年の間に減少が加速していることを明らかにし、他亜種よりも危機的な状況にあることを示唆した。第5章の総合考察では、2章から4章で得られた知見に基づき、ニホンイヌワシの現在の遺伝的多様性を維持するために効果的な保全を可能な限り早く始めることを提言している。ニホンイヌワシの保全には、飼育個体の野生復帰による野生集団の個体数や遺伝的多様性の回復だけでは不十分であり、野生個体を飼育集団に導入することで飼育集団の個体数と遺伝的多様性を維持していくことが、今後の野生復帰を見据えた保全にとっても必要不可欠である。ニホンイヌワシの野生集団と飼育集団を独立の集団として個別に保全を進めていくのではなく、両集団を統合して包括的に保全方策を行っていくことの重要性を示している。

以上のように、本研究は、これまで遺伝情報がほとんど得られていなかったニホンイヌワシにおいて、遺伝的多様性や集団の持続性を解明しており、学術的に極めて価値が高い。国内の絶滅危惧種で過去から将来まで網羅的に個体数の予測を行った研究例は他になく、ツシマヤマネコやヤンバルクイナ、コウノトリなど他の希少動物の研究にも応用が可能である。希少種かつ深山幽谷の地に生息するニホンイヌワシの試料を収集することは容易ではないが、佐藤氏はイヌワシの保全に関わる研究者や行政、動物園のネットワークを活用して試料や生態の情報を得て、研究を推進した。本研究によって、ニホンイヌワシの遺伝情報の解明は大きく進展し、生息域内、生息域外を統合した包括的な保全の実践に向けて大きく貢献したと認められる。

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、平成30年12月21日に論文内容とそれに関連した口頭試問を行った。その結果合格と認めた。

要旨公表可能日：　２０１９年　３月　２５日以降