



TITLE:

Genetic Assessment of the Malayan Tapir
(*Tapirus indicus*) for Its Conservation
Implications(Abstract_要旨)

AUTHOR(S):

LIM, Qi Luan

CITATION:

LIM, Qi Luan. Genetic Assessment of the Malayan Tapir (*Tapirus indicus*) for Its Conservation Implications. 京都大学, 2023, 博士(理学)

ISSUE DATE:

2023-03-23

URL:

<https://doi.org/10.14989/doctor.k24471>

RIGHT:

学位規則第9条第2項により要約公開

(続紙 1)

京都大学	博士 (理学)	氏名	LIM Qi Luan
論文題目	Genetic Assessment of the Malayan Tapir (<i>Tapirus indicus</i>) for Its Conservation Implications (マレーバク (<i>Tapirus indicus</i>) の保全を目指した遺伝解析)		

(論文内容の要旨)

マレーバク (*Tapirus indicus*) は、東南アジアの固有種である。マレー半島では、生息地の分断や交通事故により、絶滅の危機に瀕しており、保全対策のためには遺伝的状况の評価が急務である。世界全体で150個体以上が飼育されており、これらは野生個体群の補完として重要である。日本では数十年前から飼育下繁殖が開始されているが、2009年以降、遺伝的研究は行われていない。本研究では、遺伝マーカーを組み合わせ、野生および飼育下の個体群の遺伝的状况をさまざまな側面から調査し、保護管理計画に有用な知見を提供することを目的とした。

マレー半島を含む東南アジアにおける遺伝的多様性と集団構造の解明のため、ミトコンドリアDNA (mtDNA) 調節領域 (1237bp) を、マレーシア由来の44個体 (野生28 : 飼育下生まれ5 : 不明11) およびタイ由来の37個体のデータベース登録配列を用いて解析した。また、マレーシア野生動物局、動物園、保護センターから提供された67個体 (野生39 : 飼育下11 : 不明17) について、種間共通マイクロサテライト9マーカーを用いて、性による分散と有効集団サイズ (N_e) の推定を行った。日本国内で飼育されている31個体については、先述のmtDNAや種間共通マイクロサテライトマーカーに加え、新規開発したマイクロサテライト32マーカーを用いて、遺伝的多様性や遺伝構造を解明した。さらにタイ、マレーシア、スマトラに由来する各2個体、計6個体について、全ゲノム配列のリシーケンスを18.92~30.20倍の深度で行い、300万以上の一塩基多型 (SNP) マーカーを抽出して、 N_e の変遷と分岐の歴史を推定した。

その結果、野生個体群では23種類のmtDNAハプロタイプが見いだされ、マレー半島とタイを含む大陸の遺伝構造が2つに分かれていること ($F_{st} = 0.511$)、塩基多様性はマレー半島 (0.00703) の方がタイ (0.00362) よりも高いことが示唆された。分散における性差は見られなかった。 N_e は507-690個体と推定された。日本の飼育個体群では9種類のmtDNAハプロタイプが見いだされた。マイクロサテライトマーカーの多様性は、日本の飼育個体群 ($A_r = 2.753$, $H_o = 0.495$, $H_e = 0.461$) は、マレーシアの野生個体群 ($A_r = 2.316$, $H_o = 0.299$, $H_e = 0.333$) に比べて高かった。日本の飼育個体群はマレーシア、タイ、スマトラに由来しており、異なる地域に由来する個体同士を飼育下で繁殖させたために多様性が高いと考えられた。過去からの N_e の変化は、マレー半島とスマトラ島の個体群間で類似していた。 N_e は当初の20,000~30,000から、スンドラランドの水没や露出といった古環境の変化に伴って変化し、完新世に入ると2,000まで減少した。さらに、マレー半島とスマトラ島の個体群は、11,000~14,000年前に分岐したと推定された。これはマラッカ海峡の海面上昇の時期と一致していた。

本研究の成果にもとづいて、マレー半島の森林を連結させて孤立個体群の近親交配を防ぐ、飼育下で繁殖した個体を遺伝的に近縁な野生個体群の生息地に導入する、機能遺伝子等の詳細が明らかになるまでスマトラとマレー半島に由来する個体の交配を制限する、など保全のための管理策が立案できる。さらに本研究により、世界各地で絶滅の危機に瀕しているバク科各種の野生個体群や飼育個体群の保全についても情報が提供できると考えられる。

(続紙 2)

(論文審査の結果の要旨)

マレーバク (*Tapirus indicus*) の生息数は激減しており、タイ西部のタイ・ミャンマー国境、タイ・マレー半島、スマトラ島にわずかな残存個体群が残るのみとなっている。推定個体数は2,500個体に満たない。保全対策のためには、遺伝的状況の理解が必須である。また野生個体群を補完するために飼育個体群を健全に保つことも重要である。本申請論文では、マレー半島の野生個体群および日本の飼育個体群の遺伝的多様性を解析・比較し、有効集団サイズの変遷を推定した。

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、マレー半島に生息する個体群の遺伝的多様性、個体群の遺伝的構造、マレーバクの現在および過去の有効集団サイズの推定、日本の飼育下個体群の遺伝的多様性、遺伝的評価に基づく保全管理の改善策、といった課題を提示した。第2章では、マレー半島に由来する個体群について検討した結果、遺伝的多様性が低いことや遺伝構造が分断している可能性が示唆された。日本では、全世界で飼育されている約150個体のうち約20%を占める、31個体が飼育されている。第3章では、この飼育個体群の遺伝的多様性を調査し、第2章の野生個体群の結果と比較したところ、飼育個体群の多様性が高いことがわかった。マレーシア、タイ、スマトラの3地域に由来する個体同士が交配されているためと考えられた。第4章では、3地域に由来する個体のゲノム解析によって有効集団サイズの過去からの変化を推定し、スンドラランドの水没や露出などの古環境条件の変化と連動していることがわかった。マレー半島とスマトラ島の集団は、マラッカ海峡の海面上昇によって約11,000~14,000年前に分岐したことが明らかになった。第5章の総合考察では、第1章で提示した課題に対する回答として、第2章から第4章までの知見をまとめ、その意義について論考した。

本研究は、それまでのミトコンドリアDNAに加え、核DNAのマイクロサテライトマーカーや全ゲノム配列を用いて、本種の遺伝的多様性を調査した最初の研究であり、原産国マレーシアの野生個体群と日本国内の飼育個体群に関する情報を得ることができた。結果に基づいて、マレー半島の個体群の分断の状況や、飼育下繁殖においてスマトラ島とマレー半島の個体の交配は慎重にすべきといった示唆が得られた。このように、本研究で得られた新たな遺伝学的・ゲノム学的情報は、生息域内と域外の両方において、保全管理戦略の策定に有用である。さらに本研究で用いた解析手法や得られた情報は、バク科の他種をはじめ、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5年1月20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5年1月25日に霊長類学・野生動物系教員会議で合格と認めた。

要旨公表可能日： 年 月 日以降