HOKKAIDO UNIVERSITY

Title	Morphological and population genetical studies on the red fox (Vulpes vulpes) of Hokkaido Island [an abstract of dissertation and a summary of dissertation review]
Author(s)	天池, 庸介
Degree Grantor	北海道大学
Degree Name	博士(理学)
Dissertation Number	甲第12692号
Issue Date	2017-03-23
Doc URL	https://hdl.handle.net/2115/65450
Rights(URL)	https://creativecommons.org/licenses/by-nc-sa/2.1/jp/
Type	doctoral thesis
File Information	Yosuke_Amaike_abstract.pdf, 論文内容の要旨

Hokkaido University Collection of Scholarly and Academic Papers : HUSCAP

学 位 論 文 内 容 の 要 旨

博士の専攻分野の名称　博士（理　学）　氏　名　　天　池　　庸　介

学 位 論 文 題 名

Morphological and population genetical studies on the red fox (*Vulpes vulpes*) of Hokkaido Island

（キタキツネ集団の形態学的および集団遺伝学的研究）

日本列島に生息するアカギツネ（*Vulpes vulpes*）は、津軽海峡（いわゆる“ブラキストン線”）を境に、一般的に北海道に生息するキタキツネ（*V. v. schrencki*）と本州・四国・九州に生息するホンドギツネ（*V. v. japonica*）の 2 つの集団に区別されている。これら 2 つの集団間の差異に関しては、これまでいくつかの先行研究で報告されてきたが、北海道集団内における差異に関する研究例はあまりない。そこで、北海道内の詳細な地理的変異に着目した多様性評価を行った。

第 1 章では、形態学的観点からキタキツネの多様性評価を行った。その形態学的な変異を調査するために、225 個の頭骨標本を用い、頭骨部位 25 か所と歯牙部位 24 か所を計測した。ベイジアン主成分分析の結果から、3 つの地域集団間の違いは小さいことが示唆された一方で、分散分析の結果では、機能的には重要な 2 つの計測部位において明確な地域変異が検出された。一つは、側頭筋の大きさに相関する後眼窩間幅で、その大きさが北海道の西から東へ漸増するという形態的変異を発見した。もう 1 つは、体サイズに相関する上顎第四前臼歯長で、道南 - 道央集団間で異なる形態的変異を発見した。相関分析では、後眼窩間幅は年最低平均気温や積雪量等の気象条件と関係している可能性が示唆された。

第 2 章では、適応的遺伝マーカーである主要組織適合遺伝子複合体（MHC）を分析することにより、集団遺伝学的側面からキタキツネの遺伝的多様性を解析した。その多様性を評

価するために、232 個体由来の DNA サンプルを用い、MHC class II *DRB* 遺伝子のエクソン 2 領域の塩基配列を決定した。その結果、17 種類の対立遺伝子を特定することに成功した。その対立遺伝子頻度の違いから、道南集団は道央・道東集団から遺伝的に分化していることが判明した。これは道南地域が地理的かつ生態学的に隔離されていることが起因し、その対立遺伝子に対して地域固有の自然選択がはたらいた可能性が考えられる。さらに、同遺伝子領域上の抗原結合部位において、非同義置換率が同義置換率を上回った。これはキタキツネの同遺伝子が正の自然選択下で進化してきたことを示唆している。ベイジアン系統解析においては、キタキツネ由来の *DRB* アレルのほとんどは“fox-like canids”クレードに属することが明らかとなった。同系統樹内において、“trans-species polymorphism”が見られ、キタキツネの *DRB* 対立遺伝子は平衡選択下で進化してきたことを示唆した。

第 3 章では、道南の南端に位置する函館山における隔離されたキタキツネ集団を対象にして、その遺伝構造や集団動態を分析した。2009 年から 2011 年の期間に非侵襲的な方法で採集された糞サンプルを用い、その糞由来 DNA に対してマイクロサテライト解析を行った。個体識別の結果、雄 16 個体、雌 13 個体、性別不明 6 個体の計 35 個体が判明した。個体識別結果に基づいて推定された集団サイズは、2009 年 20 個体、2010 年 25 個体、2011 年 44 個体と推定された。同様に推定された各年の集団密度をみると、その数値は一般的な郊外に分布する集団のものよりもはるかに大きく、さらに都市ギツネのものと比べても高い部類に入ることが判明した。北海道の他地域集団との遺伝距離および遺伝構造の比較においては、函館山集団は他の集団から分化していることが示された。すなわち、周辺を囲む海と都市部が地理的な障壁として作用し、それにより集団が完全に隔離され、他集団との交流が殆どないことが示された。

本研究の結果から、北海道に生息するキタキツネの集団内における多様性の地域的差異は、環境による影響が大きいことが明らかとなった。また、その環境因子は、キツネの分散を制限している可能性も示唆された。しかしながら、それらの分断されたキツネ集団は、その生息域の環境に適応的に進化し、現代までにその集団を維持している。これは、キツネの極めて高い適応力を示すと同時に、北海道という地が 1 つの島でありながらも多種多様かつ豊かな環境を有することを示すものであると考えられた。