

# 関東近郊における野良猫集団の遺伝的構造

生命科学研究室  
指導教員 倉田薫子講師  
0619013 内田安曇

## 1. 緒言

現在、野生ネコ集団はゴミ荒らしや糞尿による衛生面での被害が社会問題化している。その上、繰り返し起こる繁殖による個体数の増加が被害の拡大を招いている。これらの問題への対策として、一部の野生ネコ集団に餌やりを行ったり、避妊・去勢手術を施したりする NPO もあるが、根本的な解決には至っていない。その背景には、野生ネコ集団がどの程度の移動をするのか、集団がどのように形成されるのかが明らかになっていないことが挙げられる。本研究ではその対策を練る上で必要な情報を得るために、DNA 解析によって集団の遺伝的構造を明らかにする。その結果から、集団の成立過程や集団間での移動を推測し、野生ネコ集団の適正な管理への一助とすることを目的とする。

## 2. 材料と方法

### 2-1 材料

関東近郊の野生ネコ(学名 *Felis silvestris catus*) 7 集団から DNA 解析に用いる毛を採取した。地点と個体数は図 1 及び表 1 に示した。各集団約 10 匹、合計 51 匹の内、DNA が読み取れた 37 個体を解析に用いた。

### 2-2 方法

採取した毛から、DNA エキストラクター FM キット(和光純薬)のプロトコルに従って、DNA を抽出した。ネコのミトコンドリア(mt) DNA にある D-loop 領域の塩基配列に基づいたプライマー(Fe99U:TGC TTG CCC AGT ATG TCC T、Fmt1568:GCC CGG AGC GAG AAG AGG TA)<sup>1)</sup> を使用し、D-loop 領域の一部をサーマルサイクラー(TaKaRa Bio)で増幅した。PCR 産物は ExoSAP-IT で精製し、BigDye Terminator v.3.1 (Applied Biosystem)でラベリングした。精製したサンプルを Hi-Dye Formamid で溶解し、オートシーケンサー ABI3100 (Applied Biosystem)で泳動した。得られた塩基配列データは、解析ソフト ChromasPro v. 1.5 (Technelysium Pty Ltd, 2009) および Bioedit v. 7.0.5 (Hall & Therapeutics, 2005) を用いて解析した。

## 3. 結果

37 個体の mtDNA は、281 塩基対のうち 11 箇所で見られ、10 種類のハプロタイプ(H)が検出された。ハプロタイプ多様度は 0.755 であった。

### 3-1 ハプロタイプの頻度

ハプロタイプの出現頻度を表 2 に示した。H1, 2 は出現頻度が高く、この 2 つのタイプで全体の約 70% を占めた。H3, 7-10 はそれぞれ 1 個体ずつしか検出されず、集団固有であった。



図 1 サンプルサイト

表 1 サイトごとのサンプル数

以下地点名は略号で示す。

サイト	略号	個体数
稲毛海浜公園	ING	5
幕張海浜公園	MKH	6
上野公園	UEN	9
とどろき公園	TDR	5
江ノ島	ENO	8
熱海市	ATM	2
初島	HAT	2
合計		37

### 3-2 ハプロタイプの構成

各サイトにおけるハプロタイプ構成を図2に示した。H1はINGを除く全集団で、H2はHATを除く全集団で存在し、広域に分布していることが明らかになった。それぞれの集団では、ハプロタイプの構成比率が異なっていた。

### 3-3 ネットワーク解析

H1とH2は1塩基の違いしか見られず、遺伝的に近縁であった。ほとんどのハプロタイプは、H1かH2から1-2塩基の置換だったが、H4とH9は4-5塩基と遺伝的に遠かった(データは示さない)。

表2 ハプロタイプの頻度

H	個体数	頻度(%)
1	11	29.7
2	15	40.5
3	1	2.7
4	2	5.4
5	2	5.4
6	2	5.4
7	1	2.7
8	1	2.7
9	1	2.7
10	1	2.7

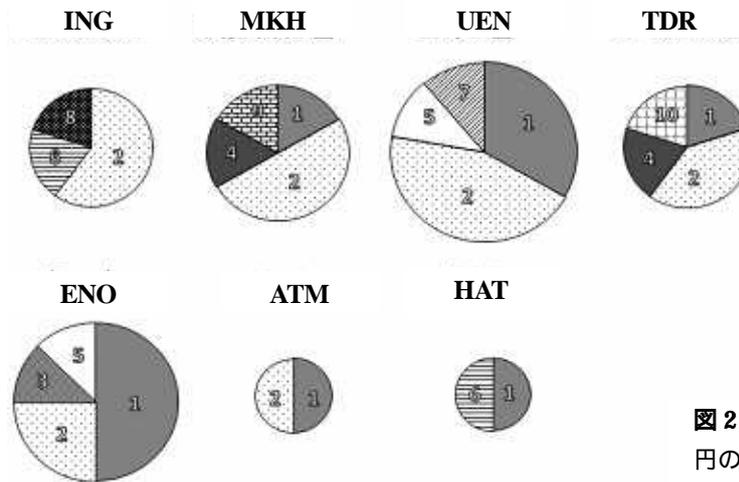


図2: サイトごとのハプロタイプの構成

円の大きさはサンプルサイズを、グラフ内の数字はハプロタイプ(H) 1-10を示す。

## 4. 考察

関東近郊の野生ネコのハプロタイプ多様度は0.755と高い値を示した。同じ哺乳類であるツキノワグマを用いた研究では、北関東と静岡北部で高いハプロタイプ多様度(0.783-0.888)であった<sup>2)</sup>。クマは山林に生息し行動範囲が広いため、遺伝子流動が生じやすいと考えられる。野生ネコにおいても、ネコ自身あるいは人の移動に伴って個体が長距離を移動し、各地で遺伝子流動を起こしていると考えられる。ただし地理的に近いINGとMKHで集団のハプロタイプ構成が異なっていることから、一度集団が形成されると、集団間での移動が自由には起きていないと考えられる。同一ハプロタイプが遠い集団で共有される(ex. H4, H5, H6)ように、地理的距離と遺伝的距離には相関がなかった。またINGでは集団がほとんど近縁個体で構成されるのに対して、MKHとTDRの集団は遺伝的に遠い個体が多く含まれていた。INGでは避妊・去勢手術を一部しか行っておらず集団内で繁殖するのに対して、MKHとTDRは手術をしているため集団内で繁殖が起こらず、外部からの移入でのみ集団が維持されていると推察できる。ネコ集団は広範囲に連続的に分布し、集団間での移動交雑が起こる可能性があるため、現状の局地的な管理では効果がないことが示唆された。しかし集団の移動距離は本研究からは明らかにならなかったため、適切な管理を提言するには更なる研究が必要である。野生ネコが人間社会で共存していくには、繁殖・移動を抑制する必要がある。そのため、野生ネコの集団成立過程を明らかにすると共に、国や自治体などの協力が必要である。本研究はその基礎情報になるであろう。

## 参考文献

- 1) 村上賢・藤谷英男: ネコの毛からのミトコンドリアDNA(D-loop領域)分析による個体識別、DNA多型(2):16-17, 2004.
- 2) Ohnishi N., Uno R., Ishibashi Y., Tamate H.B. and Oi T: The influence of climatic oscillations during the Quaternary Era on the genetic structure of Asian black bears in Japan. Heredity (102):579-589, 2009.