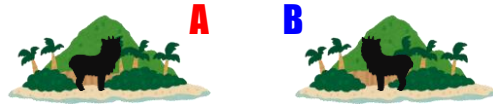


## 研究の背景と目的

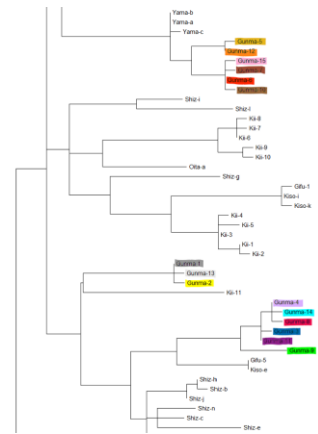
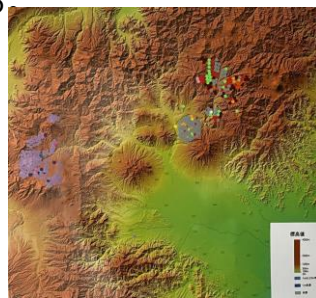
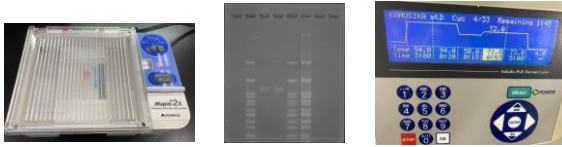
A島、B島に分布している野生動物種XがA島では絶滅の危機に、B島では繁栄しています。この時、A島で野生動物種Xを絶滅させないため、B島から移動させて個体数を多くしても良いのだろうか。

集団遺伝学は、個体群内の遺伝的多様性を測定し、このような遺伝的多様性を扱うための基礎となる。本研究では群馬県の4つの地点から採取されたカモシカのサンプルを用いてカモシカの集団遺伝について研究することが目的である。



## 研究・調査方法

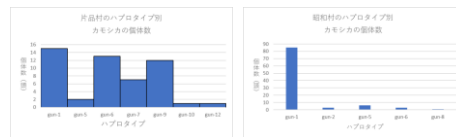
本プロジェクトでは、国立科学博物館、群馬自然史博物館での学習を通して集団遺伝学を学び、群馬県で捕獲された二ホンカモシカのサンプルを遺伝子解析、ハプロタイプごとに捕獲地域に印をつけ、分布を調査する



## 結果と考察

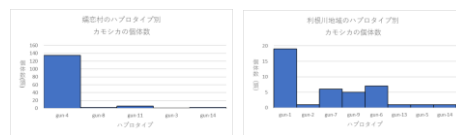
### 結果

嬬恋村と昭和村ではお互いに全く異なったハプロタイプのカモシカが生息しており、多様性は小さかった。しかし、昭和村から南西にある利根川周辺地域と片品村は順に多様性が大きかった。



### 考察

これらのことから、南西部から北東部に移動した個体群と北東部から南西部に移動した個体群が片品村、利根川周辺、昭和村で交雑し、資源利用目的による乱獲や特に南西部に残った個体は浅間山の大噴火によるボトルネック効果でハプロタイプがかなり狭まったと考えられる。



## これから

今回は群馬県の4つの地域に限定して解析を行ったが、それらの地域だけでもカモシカのハプロタイプごとの分布域に明確な違いがあることが確認できた。

→ならば他の群馬県の地域ではどのような分布がみられるのか、他の県ではどうか等さらに解析範囲を拡大し、遺伝的多様性を追跡するとともに、カモシカの保護管理に向けた活動を進めていく。

