

東日本大震災後に生じた家畜ブタと野生イノシシにおける交雑

Hybrid analysis between domestic pigs with wild boar after Great East Japan Earthquake.

代表者 共生システム理工学類 准教授 兼子伸吾

○成果の概要

研究の背景

2011 年、東北地方太平洋沖地震の影響で福島第一原子力発電所の事故が発生し、福島県内では広範囲に避難区域が設けられた。避難区域内では、人間の生活が規制されたことにより形成された耕作放棄地や空き家が、ニホンイノシシやアライグマ、ハクビシン等の野生哺乳類の増加に寄与していることが指摘されている(Lynos et al. 2020)。中でもイノシシは、野生化した家畜ブタと交雑している可能性を指摘されており問題となっている(小林ほか 2013)。

イノシシ *Sus scrofa leucomystax* と家畜ブタ *Sus scrofa domesticus* の交雑による遺伝子汚染は、世界各地で深刻な問題となっており、その背景にはイノシシと家畜ブタにおける交配の生じやすさが関係している。世界のイノシシおよび家畜ブタは分子系統学的にアジア型とヨーロッパ型に分かれ、アジア型とヨーロッパ型のイノシシがそれぞれ独立して家畜化した(高橋ほか 2011)。また、イノシシと家畜ブタとの間には生殖隔離が存在せず、ブタの品種改良の過程でイノシシを用いる等、人工的な交雑個体の生産も一般的である。その結果、国内外の多くの地域でイノシシへの家畜ブタの遺伝子の流入が確認されている(Grossi et al. 2006、Koutsogiannouli et al. 2010、高橋ほか 2011)。これは、人間による管理の有無が、野生動物に大きな影響を与える可能性があることを示唆し

ている。

しかし、帰還困難区域やその周辺地域におけるニホンイノシシとブタの交雑の現状や交雑個体の頻度について遺伝解析に基づいた報告はなされていない。そこで本研究では、福島県内の避難区域に生息するイノシシ個体群と家畜ブタの交雑の現状を明らかにするための遺伝解析を行っている。母系遺伝するミトコンドリア DNA のコントロール領域および、両性遺伝する核マイクロサテライトマーカーの解析により、交雑個体の分布や頻度、その時間の経過を明らかにすることを目指している。

結果の概要

2016 年から 2018 年に福島県内で捕獲されたイノシシ 166 個体と、2006 年から 2011 年にかけて山形県で捕獲された 7 個体、宮城県で捕獲された 10 個体、2000 年から 2004 年にかけて茨城県で捕獲された 27 個体から筋肉片を採取した。また、家畜ブタとの比較のため地元食肉流通センターやスーパーマーケットで購入したブタを 10 個体加え、合計 220 個体で解析を行った。

ミトコンドリア DNA のコントロール領域における 712bp の塩基配列に基づくハプロタイプを決定した結果、10 種類のハプロタイプが得られた(図 1)。イノシシからは 3 種類のハプロタイプ (J10, J3, H1) が検出され、家畜ブタからは 7 種類のハプロタイプが検出された (P1, P2, P3,

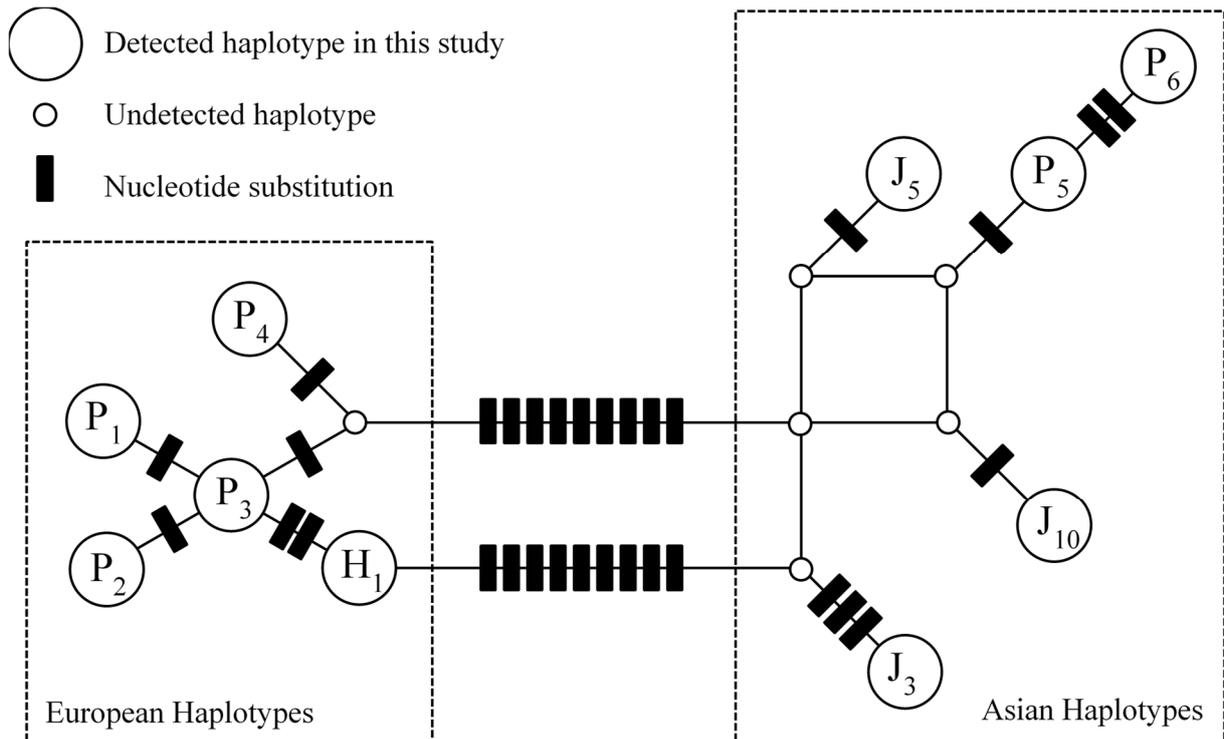


図 1 . 本研究で検出されたミトコンドリアのハプロタイプとその遺伝的關係 . 一部の福島県内のイノシシから検出された H1 ハプロタイプが明確にヨーロッパの系統すなわち家畜ブタ由来であることがわかる .

P4, P5, P6, H1)。このうちの 1 種類 (H1) については、家畜ブタとイノシシの双方から検出された。最節約法に基づくハプロタイプネットワークの結果において、H1 は明確に家畜ブタの系統に属したことから、イノシシから検出された H1 ハプロタイプは逸出した家畜ブタに由来すると想定できる (図 1)。つまり、これらのイノシシは母系の祖先に家畜ブタが含まれることを意味する。H1 を示した個体は、大熊町から 7 個体、浪江町から 7 個体、双葉町から 1 個体、二本松市から 2 個体であった。また、2015 年採取のサンプルからは 1 個体、2016 年からは 7 個体、2018 年からは 9 個体であった。これらの家畜ブタに由来するハプロタイプの分布状況は、交雑した系統が次第に分布を拡大していることを示唆している。その一方で、ブタのハプロタイプを持つ交雑系統であっても、形態的には

他のイノシシと区別はできなかった。これはイノシシとの戻し交雑が繰り返されており、核ゲノムはイノシシに近い組成を有している可能性が高いことを示している。

現在、母系遺伝するミトコンドリア DNA に加え、父系と母系の双方の交配状況を反映するマイクロサテライト解析も実施している。マイクロサテライト解析により、父系に由来する家畜ブタとイノシシの交雑および家畜ブタ由来の遺伝子が各イノシシ個体のゲノム中に占める割合についても評価できるようになる。福島県内の帰還困難区域およびその周辺地域の集団において、これらのマイクロサテライトマーカーを用いた解析を行うことにより、イノシシ集団中におけるブタ遺伝子の浸透の状況について、より詳細な把握が期待できる。今後、それらのデータが出揃えば、総合的なデータ解析

と交雑の状況把握のための検討が可能になる。具体的には、解析が過去に逸出したブタと交雑したイノシシはどの程度いるか、イノシシ集団におけるブタ由来の対立遺伝子の頻度とその時間的経過、交雑個体の分布とその時間的経過など、をデータとして示すことが可能になると期待される。これらの情報は、福島県内のイノシシ集団の管理指針を検討するうえで重要な基礎情報を提供できる。また、茨城県や宮城県などは、個体数が増加した福島県内のイノシシ集団からの移入を心配している。これらの隣県に対して、交雑個体を含む福島県からのイノシシの移入について、その現状や対策の必要性などについても情報提供が可能となる。

mutations. *Mammalian Biology*, 75(1), 69-73.

Lyons, P. C., Okuda, K., Hamilton, M. T., Hinton, T. G., & Beasley, J. C. (2020). Rewilding of Fukushima's human evacuation zone. *Frontiers in Ecology and the Environment*.
高橋遼平, 石黒直隆, 姉崎智子, & 本郷一美. (2011). 群馬県に生息するニホンイノシシの DNA 解析. *Bull. GunmaMus. Natu. Hist*, 15, 129-136.

引用文献

Grossi, S. F., Lui, J. F., Garcia, J. E., & Meirelles, F. V. (2006). Genetic diversity in wild (*Sus scrofa scrofa*) and domestic (*Sus scrofa domestica*) pigs and their hybrids based on polymorphism of a fragment of the D-loop region in the mitochondrial DNA. *Genetics and Molecular Research*, 5(4), 564-568.

小林栄治, 奥村直彦, 湊和之, 黒木政博, 安田康明, 新居雅宏, & 松橋珠子. (2013). 成長ホルモン遺伝子におけるニホンイノシシへの豚遺伝子の流入. *日本養豚学会誌*, 50(3), 137-141.

Koutsogiannouli, E. A., Moutou, K. A., Sarafidou, T., Stamatis, C., & Mamuris, Z. (2010). Detection of hybrids between wild boars (*Sus scrofa scrofa*) and domestic pigs (*Sus scrofa f. domestica*) in Greece, using the PCR-RFLP method on melanocortin-1 receptor (MC1R)