

ヤクシカの高い遺伝的多様性に数千年前の巨大噴火が影響

～火砕流によるボトルネックからの回復が多様性増加をもたらした～

ポイント

- ・屋久島のヤクシカ個体群がボトルネックを経験していたことが明らかに。
- ・火砕流の影響が大きかった地域でも、高い遺伝的多様性。
- ・特に西部の世界遺産地域の集団は島内の他の集団と異なる遺伝的特徴を持つことが判明。

概要

北海道大学北方生物圏フィールド科学センターの揚妻-柳原芳美研究員、揚妻直樹教授、同大学大学院地球環境科学研究院の早川卓志助教の研究グループは、世界自然遺産地域を含む鹿児島県屋久島の全域を対象に、ニホンジカの固有亜種であるヤクシカの遺伝的多様性を調査しました。屋久島は標高 1,800m を超す山々が連なる山岳島のため、捕獲個体から遺伝子試料を採取する従来のやり方では全島的な遺伝解析は困難でした。しかし、研究グループはシカの糞から遺伝子解析する手法を独自に開発していたため、山岳部を含む屋久島全域での遺伝解析をすることができました。糞から抽出したミトコンドリア DNA^{*1} の中でも変異速度の速い領域を分析した結果、ヤクシカは大きく二つの遺伝的集団に分かれることが示されました。この二つの集団は、約 7,300 年前に屋久島の北西沖で起こった海底火山の巨大噴火による火砕流の影響が大きかった地域と、比較的小さかった地域とにそれぞれ分布が一致していました。火砕流の影響が大きかった地域のヤクシカ集団は、壊滅的な個体数の減少（ボトルネック^{*2}）を経験したものの、植生の回復とともに急速に増加し、噴火の影響が小さかった地域には見られない新たな遺伝子タイプを獲得していました。さらに、唯一、海岸部まで世界遺産地域に指定されている西部地域は、火砕流の影響が大きかったにもかかわらず、比較的小さかった地域の特徴を示すだけでなく、どの地域とも異なる遺伝的特徴を有していました。このことからヤクシカの遺伝的多様性の維持には、西部地域の集団の保全が重要となることが示唆されました。

なお、本研究成果は、2025 年 11 月 12 日（水）公開の Scientific Reports 誌にオンライン掲載されました。



ヤクシカの 0 歳児。ヤクシカは、ニホンジカの中で最も小型の亜種で、屋久島と口永良部島にのみ生息する。

【背景】

約 7,300 年前、屋久島の北西沖にある鬼界カルデラと呼ばれる海底火山（図 1）が巨大噴火しました。この噴火により、島南部の一部を除いて火砕流が襲い、広く堆積しました。ヤクシカと同所的に生息しているヤクシマザル（屋久島固有のニホンザルの亜種）個体群では遺伝的多様性が低いことが分かっており、このときに大きな被害を受けたと考えられています。これに対し、ヤクシカの遺伝的多様性は高いことが指摘されていました。

そこで揚妻-柳原研究員らの研究グループは、ヤクシカはボトルネックを本当に経験したのかどうか、そして、いつどのようにして現在の遺伝的多様性を獲得したのかを検証しました。

【研究手法】

2004 年から 2017 年にかけて屋久島全域から採集したシカの糞サンプルなどからヤクシカのミトコンドリア DNA を抽出しました。その中でも、特に変異速度の速い制御領域の部分配列 894 塩基対について、ボトルネックの痕跡がないかを調べました。また、他の日本列島のニホンジカとの遺伝的な関係を調べることで、遺伝的变化がいつごろ起きていたのか検討しました。さらに、島内を九つの地域（図 1；A-I）に区分して空間的な遺伝構造を解析しました。

【研究成果】

得られた 303 サンプルの塩基配列には、18 種類のタイプがありました。これらは島内に一様に分布しているわけではなく、地域ごとに偏在していました。この 18 タイプの分布状況から、九つの地域に分けたシカ集団は、大きく北部（B/C/G/I）と南部（A/D/E/F/H）の二つの集団にまとめられました（図 2）。北部集団は火砕流の影響の大きかった地域と、南部集団は影響の小さかった地域と分布が重なりました。しかし、西部の海岸地域（A）は火砕流の影響が大きかった地域にもかかわらず、北部集団には含まれず（図 2）、さらに詳しく調べると他の八つの地域全てと遺伝的に異なっていました（表 1）。

集団ごとにボトルネックの痕跡を調べたところ、火砕流の影響が大きかった地域の北部集団はボトルネックを受けていたことが分かりました。北部集団の遺伝的多様性は、影響の小さかった南部集団よりも高かったので、ボトルネック後に急速に個体数が増加したことが示唆されました。その時期は、他の日本列島のニホンジカとの遺伝的な関係から、4,900–6,500 年前以降と推定され、火砕流による壊滅的な被害の後に植生が回復したとされる時期と一致していました（図 3）。

【今後への期待】

本研究によって、シカ個体群がボトルネック経験後にどのように遺伝的多様性を回復させ、そして地域的な遺伝構造が再構築されたか明らかになりました。数千年前に起きた火砕流の影響の地域差は、現在の地域的な遺伝構造に反映されていました。これらの知見は、遺伝的に異なる集団をそれぞれ独立した保全管理単位として分けて扱う保全生態学の考え方を支持しています。南部集団の中でも西部海岸部の個体群は、他の 8 地域全てと遺伝的に異なっていたことから、ヤクシカの遺伝的多様性の維持には、この集団の保全が特に重要になると考えられます。

論文情報

論文名 Post-bottleneck increase in mitochondrial DNA diversity in Yaku sika deer (*Cervus nippon yakushimae*) on Yakushima Island, Japan (屋久島におけるヤクシカ (*Cervus nippon yakushimae*) のミトコンドリア DNA 多様性のボトルネック後の増加)

著者名 揚妻-柳原芳美^{1,2}、早川卓志³、揚妻直樹¹ (¹北海道大学北方生物圏フィールド科学センター、²Waku Doki サイエンス工房、³北海道大学大学院地球環境科学研究院)

雑誌名 Scientific Reports (自然科学全般の専門誌)

D O I 10.1038/s41598-025-23191-9

公表日 2025 年 11 月 12 日 (水) (オンライン公開)

お問い合わせ先

北海道大学北方生物圏フィールド科学センター 学術研究員

揚妻-柳原芳美 (あげつま-やなぎはらよしみ)

T E L 011-706-2588 F A X 011-706-3450 メール ageyoshi@fsc.hokudai.ac.jp

配信元

北海道大学社会共創部広報課 (〒060-0808 札幌市北区北 8 条西 5 丁目)

T E L 011-706-2610 F A X 011-706-2092 メール jp-press@general.hokudai.ac.jp

【参考図】

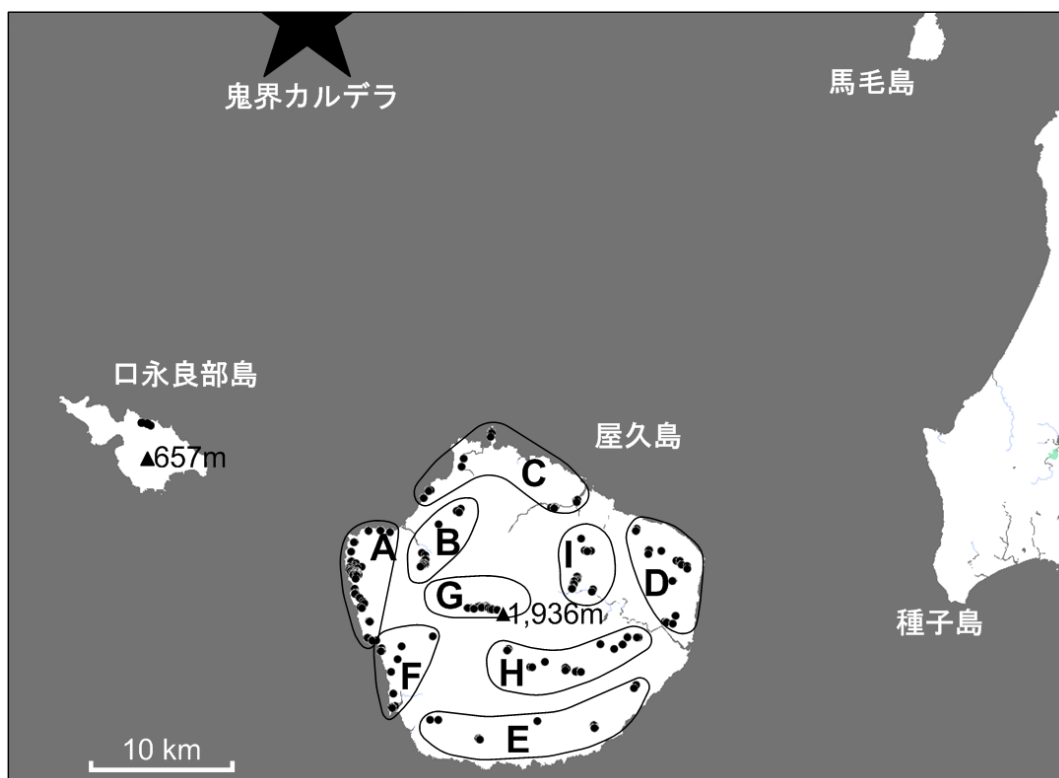


図 1. 本研究のサンプル採集地点 (●) 及び地域区分 (A-I)。本図は国土地理院の GSI Map Vector を利用して作成した。

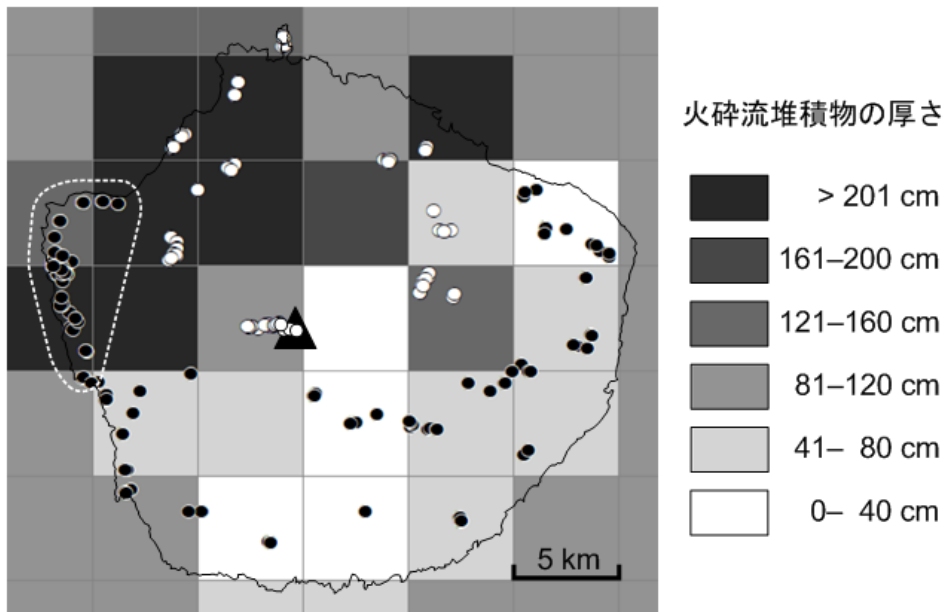
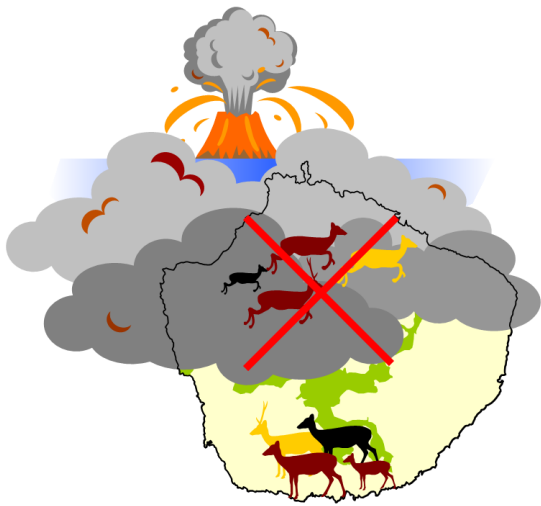


図 2. ヤクシカ (*Cervus nippon yakushimae*) の遺伝的集団構造と屋久島に堆積した火砕流の厚さ。黒三角 (▲) は島の最高地点 (標高 1,936 m) を示す。火砕流堆積物の厚さは、下司 (2009) に基づく空間補間 (ガウスモデル、5 km メッシュ) により推定。SAMOVA ver. 2.092 により、ヤクシカは二つの遺伝的集団、すなわち北部 (○; B/C/G/I) と南部 (●; A/D/E/F/H) に分けられていた。しかし、破線で囲まれたエリア (西部海岸部; A) は火砕流の影響を強く受けたにもかかわらず、北部集団には属していなかった。

Area	A	B	C	D	E	F	G	H
B	0.30841*							
C	0.22567*	0.01147						
D	0.16674*	0.14218	0.10766*					
E	0.20969*	0.31589*	0.27109*	0.05704				
F	0.21569*	0.11462	0.08880	0.04066	0.23808*			
G	0.34755*	0.07034	0.04993	0.25550*	0.43062*	0.14424		
H	0.23864*	0.47526*	0.38588*	0.16329*	0.05606	0.39259*	0.52454*	
I	0.35317*	−0.00892	0.0393	0.24208*	0.43852*	0.16998*	0.02683	0.56396*

* Significant differences after Bonferroni correction (* $p < 0.001$)

表 1. ヤクシカのミトコンドリア DNA 制御領域 894 塩基対に基づくペアワイズ F_{ST} 値による九つの地域 (A-I) 間の遺伝的分化の程度



数千年前の海底火山の巨大噴火によって屋久島の大部分が火砕流に覆われ、特に被害の大きかった北部のシカは壊滅的な被害を受けた。

※緑の部分は世界遺産地域を表す。



その後、植生の回復にともなってシカは急速に個体数を増加させ、いろいろな遺伝タイプが一斉に誕生した。その結果、北部と南部に遺伝的に異なる集団が形成された。さらに西部海岸部では独自の遺伝タイプが形成された。

図 3. 研究結果のイメージ図

【用語解説】

- *1 ミトコンドリア DNA … 細胞内の小器官であるミトコンドリアの中に存在する DNA で、核 DNA とは別に存在する独自の DNA のこと。核 DNA が 1 個の細胞に 1 個であるのに対して、ミトコンドリア DNA は数百個から数千個存在する。そのため、糞からでも十分に解析可能な DNA を集めることができる。
- *2 ボトルネック … 生物集団の個体数が急激に減少することによって集団の遺伝的多様性が減少し、遺伝的な構造が変化すること。