

マイクロサテライト DNA マーカーを用いた  
ウミネコ(*Larus crassirostris*) の遺伝的構成の解析

北海道大学大学院 環境科学院

環境起学専攻 統合コース

佐保田 篤史

生物は個体群内に遺伝的変異を保持している。その遺伝的構成の形成に影響を与える要因としてまず考えられるのは山、海、川のような地理的障壁である。例えば、陸域の動物にとって海は個体群間の遺伝的交流を妨げる地理的障壁となる。また、移動能力の低い動物にとって個体群間の距離も重要な要因である。しかし、空を飛べる鳥類にとっては、地理的障壁や個体群間の距離による遺伝的交流の制限は生じにくい。特にカモメのように移動能力の高い海鳥は、海上でも採餌、休息が可能なので海は遺伝的交流の制限要因にはならないと考えられる。このような種では、個体群間で遺伝的交流の制限は起こらず、遺伝的分化は生じにくいだろう。しかし、近年、DNA 分析法が進歩し、予想以上に多くの種で個体群間の遺伝的差異が確認されている(Avise 2000, Smith et al. 2007)。その要因として、過去からの地形変化に伴う分散過程や、越冬期の移動パターンなどの行動様式が影響を及ぼしていると考えられている(Friesen et al. 2007)。移動能力が高く、遺伝的交流の制限がないと思われる種の遺伝的構成を明らかにすることは、移動能力や地理的障壁以外のどのような要因が遺伝的構成に影響を与えているかを推測する上で重要である。

本研究では移動能力の高い海鳥であるウミネコに遺伝的差異のある個体群が存在するかどうかを明らかにすることを目的とした。解析の対象となる計 13 個体群 665 サンプルは繁殖期において日本各地の繁殖コロニーから採取されたものである。本研究ではこれらのサンプルを用いてマイクロサテライト DNA 領域 7 遺伝子座(Given et al. 2002, Crochet et al. 2003)を PCR で増幅し、オートシーケンサーにより増幅領域のサイズを決定した。これらの結果を、先に得られているミトコンドリア(mt)DNA 解析結果と合わせて考察した。

mtDNA 解析結果によると、南方に位置する3つの個体群において、それぞれ他の個体群とは異なる遺伝的特徴が検出された(Hasegawa 2004)。今回のマイクロサテライト DNA 解析結果においても、南方に位置する2つの個体群で特異的な遺伝的構成が確認された。

遺伝的に特異な個体群が南方に存在する理由として以下の2点が考えられた。

① 創始者効果

南方の個体群が北方より分布域を拡大して確立したときに北方個体群から遺伝的変異の一部だけを引継いだと考えられる。その遺伝的変異の頻度構成が個体数増加に伴って変化することで、元の個体群とは異なる遺伝的構成となった可能性がある。

② 越冬期の移動パターンの違い

北方の個体群は越冬期には繁殖地を離れて各地へ移動するため、個体の分散範囲が広く、同様に移動してきた他の北方個体群との遺伝的交流が生じやすいと考えられる。一方、南方で繁殖する個体群は越冬期にも繁殖地周辺に留まるため、個体の分散範囲が狭く、他個体群との遺伝的交流が生じにくい可能性がある。