

カワウの分布は年々拡大しており、特に近年では東北地方や中国・四国地方での分布の広がりが顕著です。移動能力の高い鳥類では、哺乳類のように明確に個体群を分けて管理することはできません。ですが、1970年代に一度は分布と個体数が急激に減少するというボトルネックを日本のカワウは経験しています。カワウの遺伝的構造がどうなっているのか、その点について専門的に研究されている長谷川理さんにご寄稿いただきました。

## はじめに

国内のカワウ *Phalacrocorax carbo* の個体数は、1970年代に3000羽程度にまで減少し、東京・愛知・大分の3箇所（東京は飼育個体群）にのみ地域個体群が残った（福田ら 2002）。その後、水質環境の改善や営巣地の保護によって、2000年頃には推定5~6万羽程度と見積られるほどに個体数が増加、わずか30年間でほぼ国内全域に分布を広げた（福田ら 2002）。

このように、少数の残留個体群から急速に分布域を拡大させたカワウの遺伝的構造はどのようになっているのだろうか。残留個体群に由来する3つの地域集団に分かれているのか？分かれているとすれば、どの地域で分かれるのか？あるいは、特定の残留個体群だけが分布拡大に寄与しており、どの地域でも均一な遺伝的特徴を有するのか？本研究では、国内のカワウ個体群間における遺伝子交流の有無や、分布拡大の歴史、分布拡大過程における地域間の交流の推測を目的とし、遺伝的な空間構造の把握を行った。

## 材料と方法

日本各地の12地点から合計415個体分のサンプルを採取した。サンプル採集は、繁殖コロニー内（北海道、青森、東京、千葉、滋賀、徳島、大分）、繁殖コロニー付近のエサ場（群馬、神奈川、山梨、愛知）、冬季のねぐら（山口、鹿児島）で行った。北海道、青森、東京、千葉、山口、大分、鹿児島では、カワウの体から自然に抜け落ちた羽を、同じ個体や親子兄弟のものを採取しないよう注意し、個体群内から偏りなく採取した。採取した羽はシール付袋に入れて常温で保存した。群馬、神奈川、愛知では血液を、山梨では組織片を、繁殖コロニー外で駆除された個体から採取した。滋賀では、繁殖コロニー内で駆除された個体から血液を採取した。

得られたサンプルからDNAを抽出し（抽出方法については省略）、マイクロサテライトDNA領域6遺伝子座を対象に分析した。対象とした遺伝子座は、PcD-2、PcD-4、PcD-6、PcT-1、PcT-3、PcT-4で、既報のプライマーを用いて（Piertney et al. 1998）、PCR法によって増幅させた。各遺伝子座を増幅させるためのPCR条件は割愛する。つぎに、PCRの増幅片から、オートシークエンサーABI3100（Applied Biosystems社）とGeneScan Analysis version 3.7（Applied Biosystems社）を用いて各個体の遺伝子型を判定した。

## 解析結果と考察

各個体群間の遺伝的関係を、集団間の遺伝的差異の検定、集団間の遺伝距離を用いた系統解析、主成分分析などによって評価したところ、とくに明確な地域集団の存在や、遺伝的な偏りは認められなかった。本稿では主成分分析の結果を示す（図1）。

主成分分析は、PCA-GEN(Goudet 1999)およびRを用いて計算し、図示した。群馬、東京、千葉、神奈川など関東の個体群で、PC1、PC2ともに似通ったスコアを示し、図中でも近くに配置されている。また、愛知、滋賀も近くに配置された。このことから、各個体群間の遺伝関係は地理的距離に応じて漸進的に変化しているように考えられる。

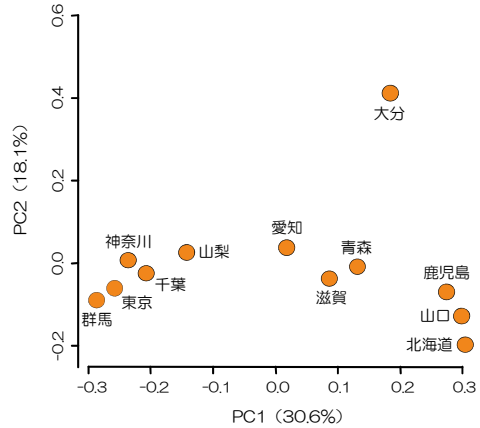


図1. 主成分分析。プロットは各個体群を示す。

続いて、ベイズ法によるアサインメントテスト (assignment test, 集団帰属検定) で、個体ごとの分析を行った。分析にはSTRUCTURE(Pritchard et al. 2000)および統計ソフトRを用いた。まず、全415個体を一つの集団と仮定し、その中にK個の遺伝的クラスター (遺伝子の類似性によるまとまり) があると想定した。各個体の遺伝子型をもとに、K=1~12についてベイズ推定 (MCMC法、40000回、burn-in 20000回) したところ、K=3の値が最も大きくなったことから、全体は3つの遺伝的クラスターに分かれると考えられた。最後に、415個体全てについて、3つのクラスター (黒、白、灰色で表す) へそれぞれへの帰属 (割当て) 確率をベイズ法で計算した。

その結果、関東 (東京・千葉・群馬など) の個体群に属する個体は、大半が黒で色付けされた遺伝的クラスターに、中部以西 (愛知・滋賀・山口など) の個体群に属する個体は、灰色で色付けされた遺伝的クラスターに対して高いアサインメント確率を示した。大分と青森では、白色の遺伝的クラスターに帰属する個体が多かった。このことから千葉や群馬など関東の個体群は、東京に残った集団から派生して創設された可能性が示唆された。一方、滋賀などの中部以西の個体群は愛知に残った集団から派生して創設されたことが示唆された。その中間に位置する山梨の個体群では、黒と灰色それぞれの遺伝的クラスターに対して高い帰属確率を示す個体が混在していることから、両地域からの個体が入り混じって形成されていると推測された。

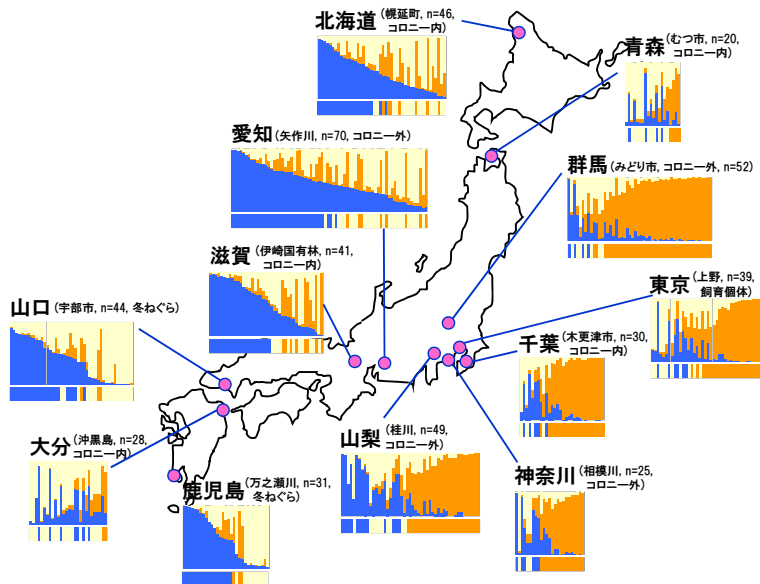


図2. アサインメントテスト (assignment test, 集団帰属テスト)。各ラインが各個体のデータを表し、縦軸 (高さ) は各クラスター (黒、白、灰色) への帰属確率 (割当て確率: 0~1) を示す。

以上のことから、現在のカワウ個体群の遺伝的構造は、残留個体群に由来して形成されたと考えられる3つの遺伝的特徴が認められるが、移動・分散により地域間の遺伝的交流が徐々に進んでいると推測された。