
ニホンイシガメとクサガメの異種間交雑

鈴木大

819-0395 福岡県福岡市西区元岡744番 九州大学 持続可能な社会のための決断科学センター

Hybridization between the Japanese pond turtle and the Reeves' pond turtle.

By Dai SUZUKI

Graduate Education and Research Training Program in Decision Science for a Sustainable Society, Kyushu University, 744 Motooka, Nishi-ku, Fukuoka 819-0395, Japan.

はじめに

自然分布域の外に持ち込まれた生物、「外来生物」や「外来種」という言葉が、その意味も含めて、多くの人々に浸透しつつあります。亀楽誌においても創刊号より外来種アカミガメに関する報告が数多く掲載されています。そして、著者らの研究グループは長らく在来種であると考えられてきたクサガメの日本列島集団が外来起源である可能性が極めて高いことを発表し(疋田・鈴木, 2010; Suzuki et al. 2011), その内容について亀楽誌4号にて紹介させて頂きました(鈴木, 2012)。その鈴木(2012)の中で、日本固有種ニホンイシガメがクサガメとの交雑を介して遺伝的攪乱の影響を受けていることが明らかとなっており、その研究論文を学術誌に投稿中である旨を記しました。2014年12月にその研究論文が発表されましたので(Suzuki et al. 2014), 本稿ではその内容について紹介させて頂きます。

研究紹介 背景

一般に、生物は同じ種同士で交配し、子孫を作ります。異なる種間での繁殖は上手くいかない場合がほとんどです。これを生殖隔離と呼びます。しかし、近縁な種間では交雑および交雑個体が生じ、さらにはその交雑個体が繁殖能力を正常に持つ場合も知られています。自然分布する在来生物が近縁な外来生物と交雑を介して、繁殖能力を持った交雑個体を生じ、その交雑個体や外来生物と在来生物が交雑(戻し交雑)を繰り返すことで在来生物の遺伝的固有性が喪失することを遺伝的攪乱と呼びます。これは、外来生物が引き起こす外来生態系への影響の一つとして挙げられます。例えば、ニッポンバラタナゴという日本固有亜種の淡水魚は、中国大陸から持ち込まれた外来のタイリクバラタナゴによって遺伝的攪乱の影響を受け、遺伝的純系を保ったニッポンバラタナゴはとも少なくなっています(Kawamura et al. 2001)。

陸上脊椎動物の中でもカメ類は異種間交雑を起こしやすい分類群として知られており、その中でもニホンイシガメやクサガメを含むイシガメ科は交雑における生殖隔離機構が比較的弱いとされています(Stuart and Parham, 2007)。飼育下において、ニホンイシガメとクサガメは異種間交雑を起こすことが古くから知られており、さらにはその交雑個体が「ウンキュウ」という名称でペット流通しています。さらには、この交雑個体が繁殖能力を持つことも知られていました。そして、飼育下のみならず野外からも、外部形態形質より交雑個体であろうと推察される個体の発見がしばしば報告されています。これまでは、日本列島に生息するクサガメは在来種であると長らく考えられてきたため、ニホンイシガメとの異種間交雑および交雑個体の出現は偶然によるものであり、両種が現在も存在していることから、この交雑個体の存在は親種にとって影響が無いものであろうと見なされてきました。しかし、著者らの研究によってクサガメ日本列島集団は外来起源である可能性が極めて高いことが報告されました(疋田・鈴木, 2010; Suzuki et al. 2011)。

すなわち、「ウンキュウ」の存在は、日本固有種ニホンイシガメが外来種クサガメによって交雑を介した遺伝的攪乱の影響を受けている可能性があることを示しているわけです。

上述の通り、野外からニホンイシガメとクサガメの交雑由来とされる個体が以前より複数確認されてきました。しかし、これらは外部形態形質より交雑が疑われるものであり、本当に交雑に由来するものかわかりませんでした。そこで、これらの個体が本当にニホンイシガメとクサガメの交雑によって生じたものであるのかを解明するために、野外で得られた交雑が疑われる個体の遺伝的組成を調べました。そして、もしも交雑個体が生じているのであれば、交雑個体が繁殖に参加しているのかについても検証しました。通常、核遺伝子は両性遺伝、すなわち父親と母親から半分ずつ子に受け継がれるものですので、ニホンイシガメとクサガメ両方の遺伝子を有していれば、その個体は交雑個体であることの証明となります。今回は核DNAの中でも、C-mosとよばれる遺伝子の塩基配列を解析に用いました。この塩基配列はニホンイシガメとクサガメの種間で異なっていることも確認しましたので、交雑の判別が可能です。また、母性遺伝するミトコンドリアDNAのチトクロームb遺伝子配列も解析に加えました。ミトコンドリアは母から子に受け継がれるものなので、父親側の情報を持っていないために交雑の証明には使えませんが、母方の系統を調べることが出来ます。このチトクロームb遺伝子も、ニホンイシガメとクサガメの種間で塩基配列が異なっています。

材料と方法

本州の11地点で得られ、外部形態形質よりニホンイシガメとクサガメの交雑個体であろうと考えられた88個体のC-mos遺伝子とチトクロームb遺伝子を調べました。外部形態形質として、①背甲の色(ニホンイシガメは黄色から茶色、クサガメは茶褐色から焦げ茶色であり、ニホンイシガメの方がクサガメよりも淡い色をしている。)、②背甲の形状(ニホンイシガメは1本のキールを有し、背甲の後縁部が鋸歯状きょしじょうとなる。一方のクサガメは3本のキールを有し、背甲の後縁部が鋸歯状とならない。)、③頸部の黄色いストライプ模様(ニホンイシガメには見られないが、クサガメには確認される。ただし、性成熟した雄は黒化するためこの模様は消える。)、以上の三点を基準に、これらの形質においてニホンイシガメとクサガメの中間的となった個体、または両種の形質をモザイク状に有した個体を、交雑が疑われる個体としました(図1)。

結果と考察

解析の結果を図2に示します。解析した88個体のうち、72個体がニホンイシガメとクサガメのC-mos遺伝子を持っていました。すなわち、この結果はニホンイシガメとクサガメが異種間交雑を起こしていることを意味しています。そして、これらのうち43個体がニホンイシガメの、29個体がクサガメのチトクロームb遺伝子を持っていました。これは、ニホンイシガメとクサガメの異種間交雑に関して、クサガメ雄個体とニホンイシガメ雌個体のペアと、ニホンイシガメ雄個体とクサガメ雌個体のペアの、両方の組み合わせで発生し、交雑個体を生じている可能性が高いことを意味しています。

そして、ニホンイシガメのC-mos遺伝子とクサガメのチトクロームb遺伝子を持つものが5個体、逆にクサガメのC-mos遺伝子とニホンイシガメのチトクロームb遺伝子を持つものが4個体、それぞれ確認されました。これらの個体の存在は、雌の交雑個体が繁殖能力を持ち、そして実際に繁殖に参加していることを示しています。例えば、前者の5個体(C-mos遺伝子=ニホンイシガメ、チトクロームb遺伝子=クサガメ)を



図1. ニホンイシガメ, クサガメ, 交雑個体の写真. Suzuki et al. (2014)より一部改変.

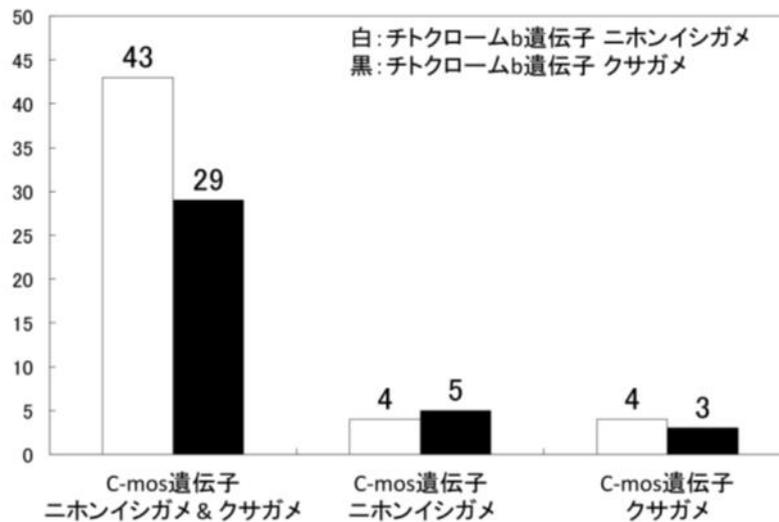


図2. 交雑が疑われる個体のC-mos遺伝子とチトクロームb遺伝子の組成. 数字は個体数を示す. Suzuki et al. (2014)より一部改変.

例に, それらの個体の生い立ちを考えてみます. まず, C-mos遺伝子は核DNAなので, 両親から半分ずつ受け継いでいます. すなわち, ニホンイシガメのC-mos遺伝子が確認されたということは, この個体は父親と母親の両方からニホンイシガメのC-mos遺伝子を受け継いだことを示します. ここで, 母親がニホンイシガメのC-mos遺伝子を持っていることが重要となります. 次に, チトクロームb遺伝子はミトコンドリアDNAであり, 母性遺伝します. すなわち, 今回確認されたクサガメのチトクロームb遺伝子は母親由来となります. したがって, 母親はニホンイシガメのC-mos遺伝子とクサガメのチトクロームb遺伝子を持った交雑個体であることとなります. 同様に, クサガメのC-mos遺伝子とニホンイシガメのチトクロームb遺伝子を持

つものが4個体確認されていますが、これらの母親はクサガメのC-mos遺伝子とニホンイシガメのチトクロームb遺伝子を持った交雑個体です。母親個体が交雑個体であるということは、少なくとも雌の交雑個体は繁殖能力を持っており、そして実際に野外において繁殖に参加していることを証明しているわけです。

残りは、ニホンイシガメのC-mos遺伝子とチトクロームb遺伝子を持ったものが4個体、クサガメのC-mos遺伝子とチトクロームb遺伝子を持ったものが3個体となりました。すなわち、これらの7個体においては、外部形態がニホンイシガメやクサガメとは異なっていたものの、今回の解析では交雑個体であるかどうかはわかりませんでした。しかしながら、上述の通り、交雑個体は次世代を生んでいることが証明されたので、これらの個体も交雑に由来する可能性が十分あると思われます。

以上の結果より、野外においてニホンイシガメとクサガメが異種間交雑していること、両種ともに雄親および雌親として交雑を生じている可能性が高いこと、少なくとも雌の交雑個体は繁殖能力を持っており実際に子孫を生んでいることが判明しました。したがって、外来種クサガメとの異種間交雑を介して、日本固有種ニホンイシガメが遺伝的攪乱の影響を受けていると考えられます。このまま遺伝的攪乱が進むと、遺伝的に純粋なニホンイシガメは消滅してしまう可能性があります。一方で、現在もなおニホンイシガメとクサガメの両種が存在していることや、交雑一代目ではない交雑個体(母親が交雑個体であった個体)が比較的少数であることを踏まえると、雑種一代目の交雑個体は正常に成長し、繁殖能力を持ってはいるものの、その後世代を重ねるにつれて交雑個体の子孫は弱くなり、交雑系統は消滅している可能性も捨てきれません。遺伝的攪乱がどの程度生じているかを調べるために、今後はより多くの核DNAを調べる必要があります。

おわりに

平成27年3月26日に、環境省によって「我が国の生態系等に被害を及ぼすおそれのある外来種リスト(生態系被害防止外来種リスト)」が発表されました。その資料にて、“環境省及び農林水産省では、平成22年の生物多様性条約第10回締約国会議で採択された愛知目標の達成に資するとともに、外来種についての国民の関心と理解を高め、様々な主体に適切な行動を呼びかけることを目的とした、「我が国の生態系等に被害を及ぼすおそれのある外来種リスト(生態系被害防止外来種リスト)」を作成しました。リストには、計429種類(動物229種類、植物200種類)が掲載されています。今後、同時に策定・公表する「外来種被害防止行動計画」と合わせて、外来種対策の一層の推進を図ります。”と記してあります(<https://www.env.go.jp/press/100775.html>より抜粋。平成27年7月13日閲覧)。また、このリストの特徴として、侵略性が高く、我が国の生態系、人の生命・身体、農林水産業に被害を及ぼす又はそのおそれのある外来種を選定するという基準の基に、これまでの外来生物法によって規制されているもの以外の外来種、さらには国内由来の外来種も対象としていることが挙げられます。カメ類を見てみると、カミツキガメやワニガメ属、アメリカスッポン属、沖縄諸島のヤエヤマセマルハコガメ(国内外来種。自然生息地は八重山諸島の石垣島や西表島)などがリストに掲載されています。その中でも特筆すべき点として、アカミミガメが「総合的に対策が必要な外来種(総合対策種)」のカテゴリで緊急対策外来種としてリストアップされたことが挙げられます。このアカミミガメと同じ区分には、カミツキガメやグリーンアノール、タイワンスジオ、タイワンハブが含まれていますが、アカミミガメ以外の種は全て特定外来生物に指定されています。今後は、国がアカミミガメ問題対策に乗り出していくことになると思われます。

一方で、今回発表された生態系被害防止外来種リストにて掲載を見送られたカメがいます。クサガメです。その理由について、補足資料内に「クサガメを掲載しないことについて」という章を立てて、説明が記してあります。それによると、クサガメ日本列島集団の外来性を指摘した著者らの研究に対し、この学説は近年に提唱されたもので、クサガメが在来種である可能性を完全に否定することはできないという意見があり、また本リストの検討委員よりクサガメが外来種であることの検証は未だ不十分であるとの意見が出たことをふまえ、現時点では掲載しないこととする、とあります。詳細については、我が国の生態系等に被害を及ぼすおそれのある外来種リスト補足資料を確認してください。

私は、クサガメ日本列島集団は外来起源であると考えておりますが、その起源に関係無く、クサガメとの異種間交雑によってニホンイシガメが影響を受けていることに間違いありません。交雑個体やその子孫が消滅していたとしても、親個体が繁殖にかけたコストには大きな負の影響が生じています。また、カメ類の雌は貯精能力を持っており、雌の体内で雄の精子を長期間溜めることが知られています。すなわち、遺伝的に純系なニホンイシガメの雌であっても、一度でもクサガメと交尾してしまうと、その後も数年間に渡って交雑個体を産む可能性を持ち続けるわけです。繰り返しになりますが、日本固有種ニホンイシガメに対するクサガメとの異種間交雑状況の現状を把握し、それに合わせた保全対策の早急な立案および実施が必要であると考えられます。

謝辞

本稿に際し、共同研究者である疋田努教授(京都大学)と矢部隆教授(愛知学泉大学)へお礼を申し上げます。

引用文献

- 疋田努・鈴木大. 2010. 江戸本草書から推定される日本産クサガメの移入. 爬虫両棲類学会会報 2010(1): 41-46.
- Kawamura, K., Ueda, T., Arai, R., Nagata, Y., Saitoh, K., Ohtake, H. and Kanoh, Y. 2001. Genetic Introgression by the Rose Bitterling, *Rhodeus ocellatus ocellatus*, into the Japanese Rose Bitterling, *R. o. kurumeus* (Teleostei: Cyprinidae). Zoological Science 18:1027-1039.
- Stuart, B. L., and J. F. Parham. 2007. Recent hybrid origin of three rare Chinese turtles. Conservation Genetics 1: 169-175.
- 鈴木大. 2012. クサガメ日本集団の起源. 亀楽 4: 1-7.
- Suzuki, D., Ota, H., Oh, H-S. and Hikida, T. 2011. Origin of Japanese populations of Reeves' pond turtle, *Mauremys reevesii* (Reptilia: Geoemydidae), as inferred by a molecular approach. Chelonian Conservation and Biology 10(2): 237-249.
- Suzuki, D., Yabe, T. and Hikida, T. 2014. Hybridization between *Mauremys japonica* and *M. reevesii* inferred by nuclear and mitochondrial DNA analyses. Journal of Herpetology. 48(4): 445-454.