

ニホンイシガメとクサガメの雑種の形態評価～遺伝子情報を考慮した分析～

上野真太郎¹・亀崎直樹²・鈴木大³・岡本研⁴・佐野光彦⁴

¹ 236-0025 神奈川県横浜市金沢区野島町3-18-1F いなかの生物研究会

² 700-005 岡山県岡山市北区理大町1-1 岡山理科大学 動物自然史研究室

³ 005-8601 北海道札幌市南区南沢5条1-1-1 東海大学 生物学部

⁴ 113-8657 東京都文京区弥生1-1-1 東京大学大学院農学生命科学研究科

Morphological evaluation of hybrids between *Mauremys japonica* and *Mauremys reevesii*: an analysis based on genetic information.

By Shintaro UENO¹, Naoki KAMEZAKI², Dai SUZUKI³, Ken OKAMOTO⁴ and Mitsuhiro SANO⁴

¹ Society for Conservation of Countryside Nature, 3-18-1F Nojima-cyo, Kanazawa, Yokohama, Kanagawa 236-0025, Japan

² Okayama University of Science, 1-1 Ridai-chou, Kita-ku, Okayama 700-005, Japan

³ Department of Biology, School of Biological Sciences, Tokai University, 1-1-1 Minamisawagojo, Minami, Sapporo, Hokkaido 005-8601, Japan

⁴ Graduate School of Agricultural and Life Sciences, The University of Tokyo, 1-1-1 Yayoi, Bunkyo, Tokyo 113-8657, Japan

在来種のニホンイシガメと外来種のクサガメは交雑し、稔性を持つ雑種を生じることが知られている。2種の交雑が進んだ場合、遺伝的に純粋なニホンイシガメが絶滅する可能性もあり、クサガメとの交雑はニホンイシガメにとって大きな脅威である。個体の形態情報は交雑の痕跡を発見する手掛かりにもなりえるが、交雑が進んだ場合、その痕跡が形態にどの程度残るのかはよく分かっていない。そこで今回、遺伝子情報が明らかな雑種とニホンイシガメ、クサガメの外部形態の分析を行い、交雑が進んだ場合においても形態的に雑種を判別することが可能か否かについて検討した。

分析の流れは、まず、ニホンイシガメとクサガメの形態を比較し、2種間で差が明瞭な形質を選別し、次に選別した形質について雑種が持つ特徴を親種と比較した。分析では色彩や模様などの質的形質と長さや幅などの量的形質を使用した。質的形質の解析ではニホンイシガメとクサガメで明瞭に異なる形質をメス7形質、オス6形質選択した上でスコア化し、雑種の形態スコアを算出した。量的形質の解析では甲羅の長さや幅など44形質をノギスで計測し、親種間で明瞭な差がある形質については親種と雑種を比較した。なお、分析は性的

2形を考慮し、雌雄を分けて行った。分析の材料は、論文に遺伝子型が公表されている液浸標本（京都大学総合博物館所蔵のニホンイシガメ156個体、クサガメ93個体、雑種18個体）の他に Suzuki et al.(2014)に従って遺伝子型を明らかにした雑種の生体26個体を使用した。なお、雑種は個体のmtDNAとnDNAの遺伝子型の組み合わせから、雑種第1代の可能性がある個体（雑種F1+）と雑種第2代以降の個体（雑種F2+）に分類した。

分析の結果、まず質的形質においては雑種の形態スコアは雑種F1+と雑種F2+ともに親種と同値になる個体はおらず、すべての個体が親種と区別された。続いて、量的形質においては親種間で差のある形質が複数あったものの、値の重複が大きく、単形質で種判別することは困難であった。量的形質を使った多変量解析を行ったところ、ほとんど重複なく親種同士、雑種F1+、雑種F2+を判別できた。今回の結果から、形態分析による雑種の識別はおよそ可能であり、遺伝子型（世代）の異なる雑種も識別できたことから、交雑の痕跡は形態形質に長期間にわたって残ることが示唆された。したがって、交雑が進んだ場合においても部分的には雑種を形態的特徴から判別可能であると考えられた。