

遺伝情報と形態情報から種の置き換えりの痕跡を探す

宍倉慎一郎・加賀山翔一・大竹海也・下藤章・宮崎未来良（東邦大院・理）・井上英治・長谷川雅美
（東邦大・理）

The ghost of hybridization past between *Mauremys japonica* and *Mauremys reevesii*

By Shinichirou SHISHIKURA, Shawichi KAGAYAMA, Mirai MIYAZAKI, Kaiya OHTAKE, Akira SHIMOFUJI, Eiji INOUE and
Masami HASEGAWA

ニホンイシガメは、生息地改変や乱獲、外来種の影響を含め様々な要因により個体数が減少し、千葉県レッドデータブックでは最重要保護生物 (A) に指定されている。外来起源のクサガメがイシガメと稔性をもつ雑種を作ることが明らかにされて以降、クサガメとの交雑がイシガメに与える影響を評価することが、イシガメの保護対策上重要な課題となっている。

これまでの研究で、イシガメが主に山麗部に、クサガメが平野部に生息するという分布の特徴が指摘されている。しかし、この分布の特徴は、本来イシガメが広く生息していたところにクサガメが侵入し置き換わった結果、成立していると考えられるようになってきた。イシガメの生息域にクサガメが侵入し、交雑を伴って置き換わったならば、一見クサガメに見える個体からイシガメのミトコンドリア DNA (mtDNA) が検出される可能性がある。そこで、本研究では、捕獲されたイシガメ属カメ類の形態情報と mtDNA の情報を用いて、浸透交雑の進行による種の置き換えりが起こる可能性の検証を試みた。

千葉県内 6 河川で捕獲調査を行った。イシガメとクサガメの形態形質を 10 個選定し、交雑の進行状況を定量評価した。さらに捕獲した 318 個体の mtDNA がクサガメとイシガメどちらのものかを判定し、形態形質と対応させた。mtDNA の判定は、GenBank に登録されている cytochrome b 遺伝子配列をもとに種特異的なプライマーセットをデザインし、PCR することで行った。

その結果、イシガメがまだ多く生息し、形態的特徴からイシガメとクサガメの交雑が進行中と考えられる地域で、形態的にはイシガメだが、クサガメの mtDNA を持つ個体が 1 個体検出された。形態的にはクサガメでイシガメの mtDNA をもつ個体は検出されなかったが、クサガメの形態的特徴を強く示す雑種個体からイシガメの mtDNA が検出された。これらの個体の存在は、遺伝子浸透の進行によるゲノムの置き換えりが起こり得ることを示唆している。今後、さらにサンプルを増やし、形態はクサガメだが、イシガメのミトコンドリアを持つ個体が存在しうるか確認を行う予定である。