

日本のカブトムシにおける遺伝的攪乱の懸念

～野生個体と販売個体での空間的遺伝構造の違い～

環境人間学研究科

◎D1 ^{はまのとも}濱野 友、准教授 ^{なかはま なおゆき}中濱 直之

キーワード

国内外来種, 遺伝学的解析, 生物地理, MIG-seq



研究概要

遺伝的攪乱とは、人為的に持ち込まれた個体が在来個体と交配し、その地域における在来集団の空間遺伝構造が変化すること指す(図 1)。多くの野生生物において遺伝的攪乱が危惧されており、その要因の一つとしてペットや園芸目的による飼育(販売)個体の放逐や逸出が挙げられる。飼育個体の遺伝子が野外集団に侵入した場合、形態情報のみから特定することは困難である。そのため、集団遺伝学的解析により空間的遺伝構造を解明することは遺伝的攪乱個体の特定に寄与できるといえる。

カブトムシ *Trypoxylus dichotomus* (コウチュウ目コガネムシ科)は日本で最も人気のある甲虫の一つであるが、それと同時に飼育個体の逸出による生態系や遺伝的攪乱のリスクについても危惧されている。しかし、日本国内におけるカブトムシの空間遺伝構造や遺伝的攪乱の実態は不明である。

そこで、本研究では日本全国(北海道～沖縄県)からカブトムシの野生個体 250 頭と販売個体 74 頭を集め、ミトコンドリア DNA の COII 領域と MIG-seq によるゲノムワイド一塩基多型(SNPs)による集団遺伝解析を行った。その結果、野生個体はミトコンドリア DNA の COII 領域においては遺伝的な差異は見られなかったが、MIG-seq によって得られた 488 の SNPs を解析した結果においては、弱いながらも空間的遺伝構造が見られた。野生個体と販売個体を比較した結果、販売個体の空間的遺伝構造は野生個体と大きく異なっていた(図 2)。さらに、野生個体では地理的距離と遺伝的距離に正の相関が見られたが、販売個体では見られなかった。このことから、販売個体は本来の生息地と異なる場所で販売されていることが明らかとなった。販売個体が野外に逸出した場合、在来集団のさらなる遺伝的攪乱を引き起こすことが示唆された。



図 1 遺伝的攪乱の概要

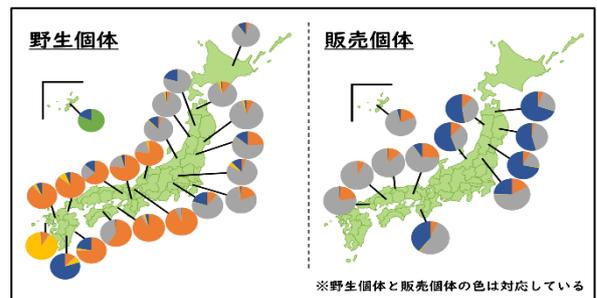


図 2 野生個体と販売個体の空間遺伝構造

アピールポイント

本研究の独自性は、ゲノムを用いてペット生物の遺伝的攪乱の現状を解明する点にある。認知性の高いペット生物種から遺伝的攪乱について普及啓発を行うことで、遺伝的多様性に対する一般周知の拡大に貢献できる。また、本研究では長崎県五島列島における本州個体の侵入を発見し、2度の学会発表を行い、論文は受理されている。本研究は、Nature Positive (NP) を達成するための遺伝的側面からの配慮を検討するものである。これにより、むやみな導入による交雑や遺伝的攪乱のリスクを抑止し、ペットの放逐による生物多様性の喪失を防止することが期待される。

