

特集1 シンポジウム「在来種を脅かす近縁外来種の侵入—水域の生物を中心に—」

気づかない間に進行する在来種から近縁外来種への入れ替わり

大阪府立大学大学院生命環境科学研究科 平井規央

Insidious progression of replacement from native species to alien-related species. Norio Hirai (*Life and Environmental Sciences, Osaka Prefecture University*)

はじめに

近年、外来種の侵入とそれらの分布拡大が生態系に与える影響は深刻化の一途をたどっている。オオキンケイギク、オオクチバス、セアカゴケグモなど、環境省の特定外来生物に指定されている種の多くは、在来種に似たものが少なく、外見で容易に見分けることができる。一方で、在来種に近縁外来種が導入された場合は、発見が難しいことが多く、気づいた時には在来種との入れ替わりが生じていたり、交雑が進んでいたりする例が結構あることが明らかになってきた。特に魚類で深刻化が伝えられる国内外来種についても関連の問題である。このような現象は多くの分類群で進行していると考えられ、DNA解析技術の向上もあって今後ますます表面化する例が増加する可能性がある。本稿ではまず、さまざまな分類群で知られる近縁外来種問題について紹介する。

多岐にわたる近縁外来種の例

植物では、セイヨウタンポポと在来タンポポの分布調査が各地で古くから行われてきた（例えば堀田, 1977）。総ほう外片や種子の形態による判断で在来と外来の分布に関する市民調査は現在で

も盛んにおこなわれている。一方で1990年代以降は、セイヨウタンポポと在来種との雑種問題が指摘され、関西自然保護機構会誌においても「雑種は従来のタンポポ調査を変革する」と題した特集が組まれた（例えば布谷・木村, 2004; 26巻1号参照）。雑種形成の判断は形態のみでは困難で、それらの進行は、アロザイム解析（例えばMorita et al., 1990）や葉緑体DNAマーカー（例えばShibaike et al., 2002）によって、明らかにされるようになった（後者の葉緑体DNAの解析では、在来種のDNA型を持つものを雑種と判断している）。植物ではこれ以外にも、カワデシヤとオオカワデシヤ（例えばTanaka, 1995）、在来と外来アゾラ類（例えば鈴木, 2010）など近縁外来種の分布拡大や雑種が問題となっている例は多い。このような近縁外来種は在来の植食者の寄主植物としても利用されている。チョウ類の幼虫では、シルビアシジミがセイヨウミヤコグサを（本来の寄主は在来のミヤコグサ；例えばMinohara et al., 2007）、ツマグロキチョウがアレチケツメイを（本来はカワラケツメイ；高橋, 2012）、ミヤマシジミが外来コマツナギを（飼育下のみ；例えばOzaki et al., 2013）、というように本来の寄主植物の近縁外来種で繁殖する例が報告されている。これらのチョウ類はいずれも環境省のレッド

リストに掲載されている希少種であり、外来植物種によって繁殖が助けられている可能性があるものの、本来の生態系を考慮すると望ましいこととは言えない。

魚類では、大陸産モツゴ（例えば Watanabe et al., 2000）、大陸産コイ（例えば馬淵ほか, 2010）、カラドジョウ（例えば清水・高木, 2010）などの国外近縁外来種のほか、ハリヨ（国内外来種イトヨとの交雑；例えば森ほか, 2016）、シナイモツゴ（国内外来種モツゴとの入れ替わり；例えば小西・高田, 2005）など国内近縁外来種も問題となっている。亜種の関係にあるニッポンバラタナゴ（在来）とタイリクバラタナゴ（外来）の関係については詳細な調査が行われ、外来亜種や交雑個体の適応度が高いこと、ある程度の交配前隔離が存在すること、遺伝子浸透が在来亜種の絶滅後も継続することなどが明らかにされている（例えば河村ほか, 2009）。

昆虫類では、アカハネオンブバッタ（オンブバッタに近縁；例えば町田, 2016）、ムネアカハラビロカマキリ（ハラビロカマキリに近縁；例えば藤野ほか, 2010）、ヒラタクワガタ類（例えば Goka et al., 2004）といった国外由来の近縁外来種のほか、リュウキュウベニイトトンボ（ベニイトトンボに近縁；荏部, 2007）などの国内近縁外来種の事例も報告されている。

その他の分類群でも、シナハマグリ（例えば岩崎ほか, 2004）、タイワンシジミ（例えば古丸, 2002）、タイワンザル（白井・川本, 2011）、チョウセンイタチ（佐々木, 2011）など、近縁外来種の例は身近な生き物の間でも多岐にわたり、疑いのあるものも考慮すると今後さらに事例が増加すると考えられる。

このような近縁外来種の調査には、部分的に述べてきたように遺伝的解析が不可欠となっている。川井ほか（2009）によるワカメの移入集団

の解析では、ミトコンドリア DNA の解析と核遺伝子マイクロサテライトの解析の両者の結果から、ニュージーランドに日本と韓国の集団が移入して交雑している可能性を指摘している。このように、外来種、外来個体群の侵入が疑われる際には、まず比較的容易なミトコンドリア DNA の解析によつての侵入の有無を確認し、それが明らかになった時点でマイクロサテライトマーカーなどを用いて雑種形成の有無を調査するというステップが標準的と考えられる。

シンポジウムの内容と今後の展望

2016 年 3 月に開催された「地域自然史と保全研究発表会 2016 年度大会」のシンポジウムでは、近縁外来種問題が深刻な水生動物に注目し、「在来種を脅かす近縁外来種の侵入—水域の生物を中心に—」というテーマで魚類、両生類、爬虫類、甲殻類から各一題ずつ話題提供を頂いた。プログラムは以下の通りであった。

「趣旨説明」 平井規央（大阪府立大学）

「メダカにおける遺伝的攪乱の現状
～飼育品種のヒメダカがもたらす危機～」
北川忠生（近畿大学農学部）

「チュウゴクオオサンショウウオが在来の
オオサンショウウオに与える影響」
松井正文（京都大学名誉教授）

「淡水棲カメ類の種間交雑とその保全生物学的示唆：
スッポンの問題を中心に」
太田英利（兵庫県立大学）

「外来カワリヌマエビ属および
共生動物の侵入の状況について」
西野麻知子（びわこ成蹊スポーツ大学）、池田実（東北大学）、大高明史（弘前大学）、丹羽信彰（神戸市立六甲アイランド高校）

総合討論

いずれの研究においても、前述のようにミトコンドリア DNA の解析から近縁外来種または、外来個体群の侵入を検知し、核 DNA やマイクロサテライトマーカーなどを用いてより深く交雑等の解析を行い、現状の深刻さを明らかにする点が共通していた。

今回のシンポジウムを通じて、近縁外来種の侵入と雑種の形成はさまざまな分類群で生じていることが改めて明らかとなった。西川ほか (2009) は、遺伝的解析による起源や拡散様式は予防策に役立ち、遺伝的多様性の解明は、駆除単位の設定や駆除効果の検証にも有効であることを指摘している。これまでは、現象の把握にとどまっていることが多かった近縁外来種問題も、遺伝的解析技術の向上にともなって予防、駆除へのさらなる応用が期待される。

引用文献

- 藤野勇馬・岩崎 拓・市川顕彦. 2010. 福井県敦賀市でハラビロカマキリ属不明種の成虫と卵囊を採集. 昆虫と自然, 43 (5): 32 – 34.
- Goka, K., H. Kojima & K. Okabe. 2004. Biological invasion caused by commercialization of stag beetles in Japan. *Global Environmental Research*, 8 : 67–74.
- 堀田 満. 1977. 近畿地方におけるタンポポ類の分布. 自然史研究, 1 : 117 – 134.
- 岩崎敬二・木村妙子・木下今日子・山口寿之・西川輝明・西栄次郎・山西良平・林 育夫・大越健嗣・小菅丈治・鈴木孝男・逸見泰久・風呂田利夫・向井 宏. 2004. 日本における海産生物の人為的移入と分散: 日本ベントス学会自然環境保全委員会によるアンケート調査の結果から. 日本ベントス学会誌, 59 : 22 – 44.
- 荻部治紀. 2007. 神奈川県横浜市で発生したリュウキュウベニイトトンボについて. 月刊むし, (434): 42 – 45.
- 川井浩史・上井進也・羽生田岳昭・寫田 智・J. Broom・W. Nelson・F. Viard. 2009. 遺伝子マーカーを用いた褐藻ワカメ, 緑藻アオサ類移入集団の起源と動態の解析. 日本生態学会誌, 59 : 145 – 152.
- 河村功一・片山雅人・三宅琢也・大前吉広・原田泰志・加納義彦・井口恵一朗. 2009. 近縁外来種との交雑による在来種絶滅のメカニズム. 日本生態学会誌, 59 : 131 – 143.
- 古丸 明. 2002. タイワンシジミ. 「外来種ハンドブック」(日本生態学会編), p. 174. 地人書館, 東京.
- 小西 繭・高田啓介. 2005. シナイモツゴからモツゴへ. 「希少淡水魚の現在と未来」(片野 修・森 誠一編), pp. 99 – 110. 信山社出版, 東京.
- 馬淵浩司・瀬能 宏・武島弘彦・中井克樹・西田睦. 2010. 琵琶湖におけるコイの日本在来 mtDNA ハプロタイプの分布. 魚類学雑誌, 57 : 1 – 12.
- 町田龍一郎監修・日本直翅類学会編. 2016. 日本産直翅類標準図鑑. 384pp. 学研, 東京.
- Minohara, S., S. Morichi, N. Hirai & M. Ishii. 2007. Distribution and seasonal occurrence of the lycaenid, *Zizina emelina* (de l'Orza) (Lepidoptera, Lycaenidae), around the Osaka International Airport, central Japan. *Trans. Lepd. Soc. Japan*, 58 : 421–432.
- 森 誠一・小北智之・松田征也. 2016. 滋賀県ハリヨの危機. 魚類学雑誌, 63 : 148 – 152.
- Morita, T., S. B. J. Menken & A. A. Sterk. 1990. Hybridization between European and Asian dandelions (*Taraxacum* section *Ruderalia* and section *Mongolica*) 1. Crossability and breakdown of self-incompatibility. *New Phytologist*, 114 : 519–529.

- 西川 潮・米倉竜次・岩崎敬二・西田 睦・河村 功一・川井浩史. 2009. 分子遺伝マーカーを用いて外来生物の侵入生態を探索：生態系管理への適用可能性. 日本生態学会誌, 59 : 161 – 166.
- 布谷知夫・木村 進. 2004. タンポポ調査の意味と雑種問題. 関西自然保護機構会誌, 26 : 41 – 42.
- Ozaki, E., K. Koda, & H. Nakamura. 2013. Oviposition preference of adult females of *Lycaeides argyrognomon* (Bergstrasser) (Lepidoptera: Lycaenidae) for three food plants: *Indigofera pseudotinctoria*, Chinese-grown *Indigofera* sp. and *Vicia cracca*. Lepidoptera Science, 64 : 103–107.
- 佐々木浩. 2011. シベリアイタチ. 「日本の外来哺乳類」(山田文雄・池田 透・小倉 剛編), pp. 259 – 284. 東京大学出版会, 東京.
- Shibaike, H., H. Akiyama, S. Uchiyama, K. Kasai & T. Morita. 2002. Hybridization between European and Asian dandelions (*Taraxacum* section *Ruderalia* and section *Mongolica*). 2. Natural hybrids in Japan detected by chloroplast DNA marker. Journal of Plant Research, 115 : 321–328.
- 白井 啓・川本 芳. 2011. タイワンザルとアカゲザル. 「日本の外来哺乳類」(山田文雄・池田 透・小倉 剛編), pp. 169 – 202. 東京大学出版会, 東京.
- 鈴木 武. 2010. 特定外来生物アメリカオオカウキクサを含む外来アゾラの現状. 「外来生物の生態学」(種生物学会編), pp. 181 – 194. 文一総合出版, 東京.
- 清水孝昭・高木基裕. 2010. 愛媛県に侵入したカラドジョウ集団内に見られた起源の異なる2つの遺伝子系統. 魚類学雑誌, 57 : 125 – 134.
- 高橋匡司. 2012. 名古屋におけるツマグロキチョウの増加. 昆虫と自然, 47 (10) : 27 – 29.
- Tanaka, T. 1995. *Veronica* × *myriantha*, a new hybrid from the Kansai District, Japan. Journal of Japanese Botany, 70 : 260–267.
- Watanabe, K., K. Iguchi, K. Hosoya & M. Nishida. 2000. Phylogenetic relationships of the Japanese minnows, *Pseudorasbora* (Cyprinidae), as inferred from mitochondrial 16S rRNA gene sequences. Ichthyological Research, 47 : 43–50.