

オオサンショウウオ交雑個体の遺伝子鑑定精度を再評価

～特別天然記念物オオサンショウウオの保全に大きく貢献～

ポイント

- ・従来のマイクロサテライトマーカーによる遺伝子鑑定の精度を一塩基多型に基づく手法で再評価。
- ・従来手法での外来種及び交雑個体の識別精度は最高でも 6～8 割程度にとどまることを明らかに。
- ・より正確な遺伝子鑑定手法の必要性を示し、在来種保全に向けたモニタリングに重要な知見を提供。

概要

北海道大学北方生物圏フィールド科学センター森林圏ステーション和歌山研究林の福山伊吹特任助教、京都大学大学院人間・環境学研究科の西川完途教授、松井正文名誉教授、原壮大朗特定助教、福谷和美博士課程学生（研究当時）、松原康平修士課程学生（研究当時）、国立科学博物館の吉川夏彦研究員、北九州市立自然史・歴史博物館の江頭幸士郎学芸員、琉球大学教育学部の富永 篤教授らの研究グループは、西日本で深刻な問題になっているオオサンショウウオ交雑個体の遺伝子鑑定で、従来用いられてきたマイクロサテライトマーカー（SSR）^{*1}による遺伝子鑑定の精度をより高精度な一塩基多型（SNP）^{*2}に基づく手法で再評価し、従来手法では詳細な遺伝子鑑定には限界があり、特に交雑の進んだ個体の検出には不十分であることを明らかにしました。

外来種と在来種の交雑は生物多様性保全における深刻な問題です。日本では、特定外来生物であるチュウゴクオオサンショウウオと在来種で国の特別天然記念物であるオオサンショウウオとの交雑が確認されています。近年では、京都府を中心に、愛知県から広島県までの広い地域で交雑個体が見つかっており、大きな問題となっています。本研究では、この交雑個体の識別に従来用いられてきたマイクロサテライトマーカーの精度を、ゲノム全体から得られた一塩基多型データと比較して再評価しました。京都市で採集した 130 個体を解析した結果、マイクロサテライトマーカーを用いた場合の外来種や交雑個体の各遺伝子型の識別精度は最大でも約 64～77%にとどまり、特に遺伝子座数が少ない場合には交雑個体を在来種と誤判定する傾向が明らかとなりました。また、従来手法でも在来種の識別精度は比較的高かったものの、交雑が進んだ個体の検出には限界がありました。本成果は、オオサンショウウオの保全戦略の策定に重要な指針を提供する大きな成果と言えます。

なお、本研究成果は、2026 年 5 月 8 日（金）公開の *Limnology* 誌にオンライン掲載されました。



特別天然記念物に指定されている
オオサンショウウオ

【背景】

外来種と在来種の交雑は、生物多様性の保全において深刻な問題となっています。特に、外来種や交雑個体を迅速に検出し野外から防除することは、遺伝的に純粋な在来種を守るうえで不可欠です。しかし、外見だけでは識別が困難な場合も多く、そのような場合では、遺伝的な判別手法の精度が重要となります。

日本では、特定外来生物であるチュウゴクオオサンショウウオと在来種で国の特別天然記念物であるオオサンショウウオとの交雑が確認されています（図 1）。近年では、京都府を中心に、愛知県から広島県までの広い地域で交雑個体が見つかっており、大きな問題となっています。

これまで、交雑個体の識別にはマイクロサテライトマーカーが広く用いられてきました。しかし近年、SSR はしばしば交雑の程度を過小評価し、実際の遺伝的背景を正確に反映しない可能性が指摘されています。本研究では、より高精度なゲノム解析手法である一塩基多型データを基準とすることで、SSR による識別精度を検証しました。

【研究手法】

本研究では、文化庁の許可を受けて京都市の河川で採集されたオオサンショウウオ属 130 個体を対象に、MIG-seq 法^{*3}により得られた SNP データを用いて、在来種、外来種、交雑第一世代 (F1)、交雑第二世代 (F2)、及び在来種または外来種と F1 の間での戻し交雑^{*4} 個体に分類しました。この SNP による判定結果を基準として SSR による判定結果と比較することで、SSR による遺伝子鑑定精度を評価しました。

【研究成果】

SSR による遺伝子鑑定精度は使用する遺伝子座数に依存して向上するものの、最大の 14 座位を用いた場合でも交雑個体や外来種を正確に分類できた割合は約 64~77%にとどまりました（図 2）。特に 7 座位以下では精度が大きく低下し、多くの交雑個体が誤った遺伝子型に判定されることが明らかになりました。一方で、SSR は在来種とそれ以外（交雑個体または外来種）を識別する能力は比較的高いものの、特に用いた遺伝子座数が少ない場合には、交雑個体をしばしば在来種と誤判定してしまうことが示されました（図 3）。

これらの結果から、SSR マーカーのみでは詳細な遺伝的識別には限界があり、特に交雑の進んだ個体の検出には不十分であることが明らかになりました。本研究は、在来種保全の現場において、SSR による簡易スクリーニングと SNP による高精度解析を組み合わせた手法の必要性を示しています。

【今後への期待】

今後、外来種と交雑個体の拡散を防ぎ、オオサンショウウオの遺伝的多様性を保全するためには、より精度の高い遺伝的モニタリング体制の構築が急務です。本研究の成果は、科学的根拠に基づいた保全戦略の策定に重要な指針を提供するものです。

【謝辞】

本研究は独立行政法人環境再生保全機構 環境研究総合推進費 (JPMEERF20204002)、JSPS 科研費 (JP11640697、JP20510215)、公益財団法人 河川財団 河川基金助成事業 (助成番号：171215025) の助成を受けたものです。

論文情報

論文名 Reevaluation of the genetic identification accuracy using SSR markers of giant salamander hybrids by SNP analysis. (オオサンショウウオ交雑個体の SSR マーカーを用いた遺伝子鑑定精度の SNP 解析による再評価)

著者名 福山伊吹^{1,2}、吉川夏彦³、江頭幸士郎⁴、松井正文²、富永 篤⁵、福谷和美^{2 (研究当時)}、松原康平^{2 (研究当時)}、原壮大朗²、西川完途^{2,6,7} (¹北海道大学北方生物圏フィールド科学センター和歌山研究林、²京都大学大学院人間・環境学研究科、³国立科学博物館動物研究部、⁴北九州市立自然史・歴史博物館、⁵琉球大学教育学部、⁶京都大学大学院地球環境学堂、⁷マレーシア国民大学)

雑誌名 Limnology (陸水学の専門誌)

D O I <https://link.springer.com/article/10.1007/s10201-026-00844-w>

公表日 2026 年 5 月 8 日 (金) (オンライン公開)

お問い合わせ先

北海道大学北方生物圏フィールド科学センター森林圏ステーション和歌山研究林

特任助教 福山伊吹 (ふくやまいぶき)

T E L 0735-77-0321 F A X 0735-77-0301 メール kawashibi@gmail.com

U R L https://researchmap.jp/ibuki_fukuyama

配信元

北海道大学社会共創部広報課 (〒060-0808 札幌市北区北 8 条西 5 丁目)

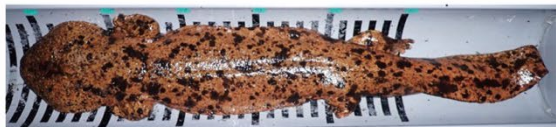
T E L 011-706-2610 F A X 011-706-2092 メール jp-press@general.hokudai.ac.jp

京都大学広報室国際広報班 (〒606-8501 京都市左京区吉田本町)

T E L 075-753-5729 F A X 075-753-2094 メール comms@mail2.adm.kyoto-u.ac.jp

【参考図】

オオサンショウウオ (日本産在来種)



×



チュウゴクオオサンショウウオ (外来種)



交雑個体



図

1. 近年、大きな問題となっているオオサンショウウオとチュウゴクオオサンショウウオの交雑個体

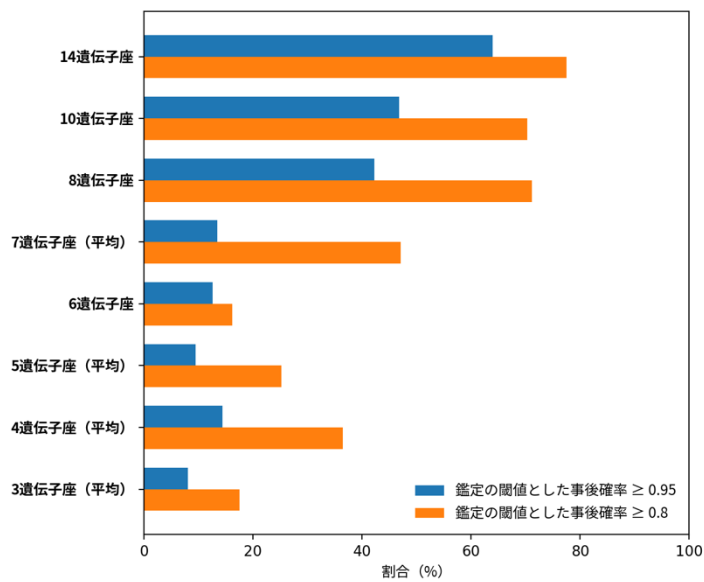


図 2. 交雑個体・外来種の各遺伝子型を正しく判定できた割合

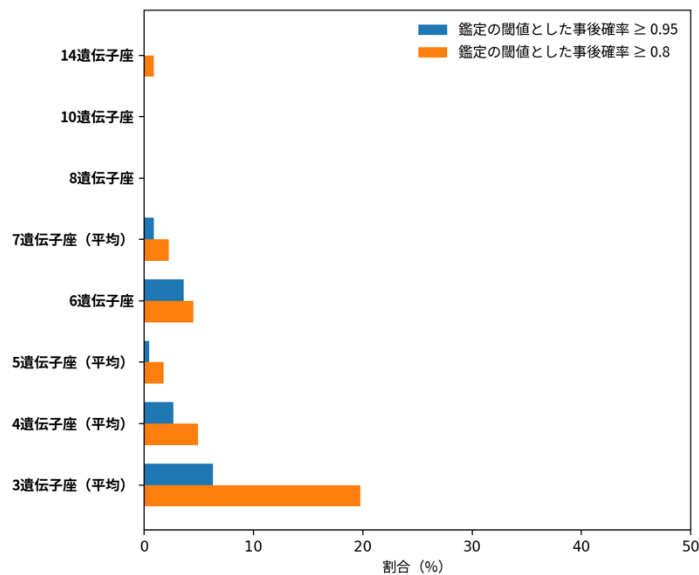


図 3. 誤って交雑個体を日本産と判定した割合

【用語解説】

- * 1 マイクロサテライトマーカー (SSR) … DNA 中の短い配列の繰り返し部分を利用した遺伝マーカー。個体ごとに繰り返し回数が異なるため、個体識別や交雑の判定に用いられる。
- * 2 一塩基多型 (SNP) … DNA 配列中の一つの塩基の違いを指す遺伝的変異。ゲノム中に多数存在し、遺伝的差異や交雑の程度を高精度に解析できる。
- * 3 MIG-seq 法 … SNP を効率的に検出する遺伝子解析手法。野生生物の遺伝構造や交雑の解析に広く用いられる。
- * 4 戻し交雑 … 交雑個体が親のいずれかの系統と再び交配すること。