

研究成果報告書（第26回学術研究助成）

2019 年 4月 5日

公益財団法人 藤原ナチュラヒストリー振興財団

理事長 野村茂樹 殿

所属機関名 香川大学
職 名 准教授

氏 名 篠原 渉

1. 研究課題

屋久島の高山性ミニチュア植物はどこから来たのか？—分子系統地理学的解析に基づく祖先集団の評価—

2. 共同研究者

なし。

3. 研究報告

I. 研究の目的

屋久島の山頂部では82の分類群で、祖先種と比較して植物体が1/2から1/10ほど小型化する現象が報告されている（初島, 1991, 『北琉球の植物』）。これまでアロザイムを用いた集団遺伝学的解析と核ITSによる系統解析から、ミニチュア植物であるヒメコナスビはコナスビから進化した可能性が非常に高いことを明らかになっている。また野外集団の形態形質の比較と共通圃場実験から、ヒメコナスビは葉の大きさがコナスビに対して特に小型化していること、そしてヒメコナスビの葉の小型化は細胞サイズと細胞数の両方が減少することで起こること、さらにそれらの形質は遺伝的バックグラウンドをもつことが明らかになっている。また人工交配実験から、コナスビとヒメコナスビは自殖・他殖が共に可能で、稔性のあるF1をつくることが分かっている。しかしそもそも、ヒメコナスビは本当に屋久島低地のコナスビから派生した系統なのであろうか？そこで本研究ではヒメコナスビを含めた複数の屋久島の高山性ミニチュア植物の祖先集団を大量の遺伝マーカーを用いた分子系統地理学的解析から明らかにすることを目的とした。

II. 研究の方法

屋久島の高山性ミニチュア植物82種のうち祖先集団の候補が屋久島低地および屋久島近隣地域に多く現存するヒメコナスビ、ヤクシマオオバコ、ヤクシマタチツボスミレ、ヒメウマノアシガタの4分類群を研究対象とする。それぞれの屋久島の高山性ミニチュア植物に対する近縁種は①ヒメコナスビ-コナスビ（サクラソウ科）、②ヤクシマオオバコ-オオバコ（オオバコ科）、③ヤクシマタチツボスミレ-タチツボスミレ（スミレ科）、④ヒメウマノアシガタ-ウマノアシガタ（キンポウゲ科）である。それぞれの分類群において、1集団6個体から20個体を目安にサンプリングをおこない、またRADシーケンスからそれぞれの分類群の遺伝マーカーを大量に取得し、その変異を用いて遺伝構造を明らかにする。

III. 研究結果

材料の採集

屋久島の高山性ミニチュア植物であるヤクシマオオバコ2集団40個体、ヒメウマノアシガタを3集団60個体、ヤクシマタチツボスミレ3集団60個体について形態測定用の葉のサンプルとDNA解析用の葉を採取した。また屋久島低地からオオバコ5集団100個体、ウマノアシガタを5集団100サンプル、タチツボスミレ6集団120個体を屋久島から採取した。また屋久島のサンプルに加え、奄美大島から、コナスビを2集団40個体、オオバコを3集団60個体、口永良部島からはコナスビ2集団40個体、ウマノアシガタを1集団20個体、オオバコを2集団40個体、タチツボスミレを2集団40個体、薩摩半島からコナスビ4集団37個体、ウマノアシガタ1集団9個体、オオバコ3集団21個体、タチツボスミレを3集団22個体、種子島から、コナスビを3集団17個体、ウマノアシガタを3集団19個体、オオバコを1集団7個体、タチツボスミレを3集団20個体採集した。採集を行った集団は表1の通りである。そしてすべてのサンプルについてDNAを抽出した。

遺伝マーカーの解析

また遺伝マーカーの開発のために、採集した個体の一部（100サンプル）を用いてRADシーケンスを行った。現在シーケンス結果の解析をおこなっている。

表1. 高山性ミニチュア植物とその近縁種の採集地点と採集個体数

IV. 考察

本研究課題により、屋久島の高山性ミニチュア植物の起源の解析を行うために最低限必要な屋久島周辺からの集団採取を行うことができた。RADシーケンスにより得られた遺伝マーカーより、多型の多いマーカーをそれぞれの種において選抜し、集団遺伝学的解析が急がれる。

V. 成果発表

なし。

VI. 今後の課題

集団間の遺伝的關係や各集団内の遺伝的多様性に着目した解析を行うことで、屋久島の高地ミニチュア集団が、どのような分布の変遷を経て祖先種から分化したのかを明らかにする。屋久島が約2万年前の最終氷期最盛期に種子島や九州南部と陸続きであったこと（太田 & 米倉 1984）や、屋久島高地に生育する草本は7300年前の鬼界カルデラの爆発で壊滅的なダメージを受けたこと（町田 & 新井 1983）などの屋久島特有の地史的イベントをコナスビ類の分布変遷についてのキャリブレーションに用いることで、種子島と屋久島が分かれた後に屋久島の高地集団は低地集団から分化したのか？高地集団は7300年前に強いボトルネック効果を受けた形跡があるのか？といったような、より詳細な分布変遷の解明が可能となる。