

報告番号	※	第	号
------	---	---	---

主論文の要旨

Evolution and Diversification of the Section *Brachycalyx* (*Rhododendron*,
Ericaceae) Inferred by Phylogenetic and Population Genetic Approaches

論文題目 (系統学的・集団遺伝学的手法によって推定されたミツバツツジ節 (ツツジ科
ツツジ属) の進化と多様化)

氏名 渡辺 洋一

論文内容の要旨

種の進化と多様化はさまざまな要因・過程によって生じることが知られている。大陸と大陸島で構成される地域は分散・定着に伴う種の進化を検証する上で興味深い地域であり、日本列島を含む東アジアの大陸島は温帯域における種の進化を検証する上で良い地域であると考えられる。チベット高原の東端から日本列島に至る地域（東アジア）の温帯性植物相は日華植物区系としてまとめられ、高い種多様性を誇っている。日本列島に分布する固有種の最近縁種は、同じ日華植物区系である中国に分布する場合が多く、この種分化は異所的なプロセスを介して生じたと考えられる。このような特徴を有する日華植物区系に固有な木本分類群の代表として、ツツジ科 (*Ericaceae*) のツツジ属ミツバツツジ節 (*Rhododendron* section *Brachycalyx*) が挙げられる。この分類群は日本列島に多数の種が分布し (20 種中 17 種)、希少種・地域固有種が多数存在するという特徴を有している。また、いくつかの種は特徴的なハビタットを有し、いずれかの種が日本の多くの森林内で観察できるため日本の植物の多様性の象徴とも言える種群である。本研究では、日本で特徴的に多様化したミツバツツジ節を対象として、①東アジアスケールでのミツバツツジ節の進化の過程を葉緑体塩基配列に基づいて推定し (第 3 章)、次に②種内の歴史を解明する事例研究として、複数の大陸島に隔離分布するオンツツジ (*Rhododendron weyrichii*) を対象として島間の遺伝的分化と集団サイズ変化の歴史を葉緑体・核塩基配列を用いた解析や生態ニッチモデリングを用いて解明し (第 4 章)、最後に③日本に分布する普通種オンツツジと希少種ジングウツツジ (*R. sanctum*) とアマギツツジ (*R. amagianum*) の 3 種を対象として、核マイクロサテライト領域を用いて遺伝的多様性や遺伝的構造を 3 種間で比較した (第 5 章)。これらの研究により、ミツバツツジ節の進化がどのような過程で進行してそれぞれの種の特徴的な歴史が形成されたのかを考察した。また、絶滅危惧種が多いミツバツツジ節の複数種の保全において、遺伝的多様性や遺伝的構造に関する情報の重要性について考察を行った (第 6 章)。

第3章では、東アジアにおけるミツバツツジ節の進化の過程を明らかにするために、ミツバツツジ節全種の分布を網羅する20種68集団より採取したサンプルの葉緑体塩基配列(4,122 bp)を決定し、系統解析と集団遺伝解析を行った。ミツバツツジ節全種の共通祖先が分化した年代はおよそ第三紀末であること、葉緑体DNAから現生系統は大きく2つに分かれることが判明した。しかし、大陸と大陸島のそれぞれに分布する2つの種群は分布が重複していないが、それぞれは単系統群にはならなかった。多くのハプロタイプが日本の種で確認されたが、集団内のハプロタイプが単一に固定された集団が多く、集団内の遺伝的分散は集団間の遺伝的分散に比べて低い傾向が確認された。逆に大陸の種では反対の傾向が観察され、大陸島の種では遺伝的浮動が影響していた可能性が強く示唆された。遺伝的浮動は集団間の移住により緩和される可能性があるが、隔離している集団ではその効果は期待できず集団間で異なる変異が蓄積しやすくなる。つまり、島の種では遺伝的浮動の効果も加わることで異所的な種分化が進んだ可能性が考えられる。

第4章では、複数の大陸島(本州の紀伊半島、四国、九州、濟州島とそれらに付随する島)に分布するオンツツジの隔離形成史を明らかにするために、8つの大陸島より採取した集団サンプルを用いて葉緑体塩基配列(1,012 bp)と核塩基配列(3,928 bp)を決定し、コアレッセントシミュレーションなどを用いて島間の遺伝的分化やその分岐年代・移住率の推定を行い、それぞれの島の集団サイズの変化の歴史を調べた。加えて、生態ニッチモデリングを用いて種の分布に大きな影響を与えたとされる最終氷期最寒冷期(LGM)の古分布を推定し、現在とLGMの分布の違いが種の遺伝的構造や島集団の歴史にどのような影響を与えたかを調べた。解析の結果、オンツツジ集団は四国-九州間で高い遺伝的分化を有し、この歴史は約20万年前つまり最終氷期以前から継続していたことが明らかになった。また、九州-濟州島間の遺伝的分化も約6万年前と古い歴史を有していた。これらの島間の分化はどのように維持されていたのだろうか?種の分布が最も縮小したであろうと考えられるLGMの分布を再現したところ、島間は陸化した大陸棚により接続していたが、それぞれの島集団の分布適地は接続せずそれぞれの地域で存続していた可能性が示された。つまり、氷期に陸化した大陸棚(陸橋)は種の分散に有効に機能せず、それにより島間の遺伝的分化が維持された可能性が示唆された。このように、異なる歴史を経ていた島集団ではそれぞれの島の集団サイズも異なっていて、分布の西端にあたる濟州島では他の島(紀伊半島、四国、九州)に比べ小さな集団サイズを有し、それが過去の集団サイズの減少によりもたらされたことが判明した。

第5章では、広い分布を持つ普通種(オンツツジ)と狭い分布を持つ希少種(ジングウツツジ、アマギツツジ)の間の遺伝的多様性や遺伝的構造を核マイクロサテライト5遺伝子座を用いて比較した。この比較により、それぞれの分布や個体数といった違いが種間の遺伝的多様性や遺伝的構造の違いにどのように反映されているかを検討した。その結果、狭い分布を持つジングウツツジはオンツツジに比べて低い種内・集団内の遺伝的多様性を示した。希少種は種内の個体数が少ない場合が多く、いくつか

の種ではそれぞれの集団内の個体数も少ない。ジングウツツジの場合、集団における個体密度は高いものの 1 集団の面積が狭く限られているために全体の個体数は少なく、それにより遺伝的多様性が低下していると考えられる。ジングウツツジの分布は蛇紋岩地に著しく制限され、ジングウツツジが分布する東海地方では蛇紋岩地が分断化しているためそれに対応するように分布している。その結果、ジングウツツジは非常に高い遺伝的分化と明瞭な遺伝的構造（蛇紋岩地の分断に合わせた遺伝的分化）を示している。一方、普通種のオンツツジと 3 種の中で最も狭い分布域を持つアマギツツジは似た遺伝的構造化の傾向を示し、これは分布の広さだけでなく分布の連続性が遺伝的構造に大きな影響を与えることを示唆していると考えられる。

以上の研究結果から、ミツバツツジ節の多様化の歴史は比較的新しいものであり、日本における多様化には遺伝的浮動を伴う異所的な系統分化が重要な要因であることが示唆された。また、種内の集団の歴史は分断分布に伴う遺伝的分化が大きな影響を与えていることが示され、ミツバツツジ節は低い分散能力により分布が分断しやすい可能性も示唆された。生活史特性が類似している最近縁な種間でも集団が経験した歴史は異なっていて、遺伝的多様性や遺伝的分化は適応の結果と考えられる種の個体数や分布のパターンに影響されることが示唆された。本研究では、種間・種内という異なるレベルにおいて系統学的・集団遺伝学的なさまざまな手法を駆使することによって、日本における木本種の進化・多様化の歴史の一端を明らかにした。