

論文審査の結果の要旨および担当者

報告番号	※	第	号
------	---	---	---

氏 名 渡 辺 洋 一

論 文 題 目

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

(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)

論 文 審 査 担 当 者

主 査	名古屋大学教授	戸 丸	信 弘
委 員	名古屋大学教授	肘 井	直 樹
委 員	名古屋大学准教授	中 川	弥 智 子
委 員	京都大学教授	井 鷲	裕 司

論文審査の結果の要旨

第四紀後期に振幅が大きくなった氷期-間氷期サイクルの気候変動は、海面の高さを変動させ、間氷期には大陸島間や大陸と大陸島間は海で分断されているが、氷期にはそれらが陸橋で繋がることがあった。そのような地域に分布する植物種は、間氷期における集団の分断と氷期における集団の再連結を経験してきた可能性があり、それが植物種の進化と多様化に影響を及ぼしてきたと考えられる。したがって、大陸島と大陸に分布する植物種は、分断分布が植物種の進化と多様化に及ぼす影響を明らかにするための優れた研究対象であると考えられる。その1つとして、日華植物区系の植物種が挙げられる。日華植物区系は、日本列島からチベット高原の東端に至る地域に広がる温帯林の植物相であり、高い種多様性と固有性を誇っている。大陸島である日本列島や台湾、そして中国大陸に多様な種が分布し、その種分化は、集団の分断や生育環境の差異による異所的種分化によって生じたと考えられている。渡辺洋一は、そのような種分化を経験してきたと思われる分類群の中からツツジ科 (*Ericaceae*) ツツジ属ミツバツツジ節 (*Rhododendron section Brachycalyx*) を研究対象として選定した。ミツバツツジ節は主に低木の落葉広葉樹であり、特に日本列島において多様化し、その節に含まれる合計 20 種のうち、希少種や地域固有種を含む 17 種が日本列島に分布している。渡辺洋一は、系統学・集団遺伝学的アプローチを用いた系統地理学的観点から、以下、3 項目の調査を行い、ミツバツツジ節の進化と多様化のパターンを検討した。

まず、ミツバツツジ節全 20 種の合計 68 集団からのサンプルにおける葉緑体 DNA の塩基配列 (4,122bp) を決定し、系統解析と集団遺伝学的解析によりミツバツツジ節内の系統進化を調査した。ミツバツツジ節の最も近い共通祖先が分化した年代は第三紀末であること、および日本列島に分布する系統は最近多様化したことが推定された。しかし、中国大陸・台湾と日本列島・濟州島のそれぞれに限られて地理的分布をしている 2 つの種群は、どちらも単系統群にはならなかった。多くのハプロタイプが日本列島に分布する種で確認されたが、ハプロタイプが固定されている集団が多く、集団内の遺伝的分散割合は集団間の遺伝的分散割合に比べて低い傾向が示された。逆に、大陸の種では反対の傾向が示され、日本列島の種では遺伝的浮動が強くはたらいっていることが示唆された。分断分布している種では集団間の移住の効果が減少し、遺伝的浮動により集団間の遺伝的分化が生じてきたと考えられる。ミツバツツジ節は、大陸島である日本列島の特徴により地理的分布が分断し、また生育地の環境条件が異なることも作用して、異所的種分化が生じ、多様化してきたことが推察される。

次に、本州紀伊半島、四国、九州、濟州島とそれらに付随する島々に分布するオンツツジを対象として、合計 18 集団からのサンプルにおける葉緑体 DNA の 2 領域 (1,012bp) と核 DNA の 9 座 (3,928bp) の塩基配列を決定し、統計的な系統地理学解析等により過去の個体群動態を調査した。葉緑体 DNA ハプロタイプと核 DNA クラス

ターの地理的分布は、大陸島間の遺伝的分岐を示した。IM (isolation with migration) モデルの解析により集団の分岐時間は、紀伊-四国と九州-済州島間が約 20 万年前、九州と済州島間が約 6 万年前、紀伊と四国が約 8 千年前であることが推定された。また、分岐後の移住率はどれも低く、氷期に現れた陸橋は集団間の移住には寄与しなかったことが示唆された。生態ニッチモデリングにより最終氷期最寒冷期 (LGM) の分布を再現したところ、大陸島間は陸橋により接続していたが集団の連結はみられず、各大陸島に分断分布していたことが示唆された。さらに、近似ベイズ計算 (ABC) 法により、過去から現在までの集団サイズの変動は、紀伊、四国、九州の集団では増加し、済州島集団では過去にボトルネックを経験していることが示唆された。オンツツジ集団における大陸島間の分岐は、ほとんど移住のない分断分布と済州島集団では集団サイズの減少に影響されていると推察された。

普通種 (オンツツジ) と希少種 (ジングウツツジとアマギツツジ) の間における遺伝的多様性や集団遺伝構造の差異を調査した。そのために、オンツツジ 16 集団、ジングウツツジ 9 集団、アマギツツジ 6 集団からのサンプルにおける核マイクロサテライト 5 遺伝子座の遺伝子型を決定し、集団遺伝学的解析を行った。特に、一般的な傾向と同じように普通種は希少種よりも遺伝的多様性が高いのか、また、集団遺伝構造の程度とパターンは地理的な分布のパターンと関連するののかについて検証した。オンツツジの遺伝的多様性は、ジングウツツジより高かったが、アマギツツジとは有意な差異はなかった。また、集団遺伝構造は蛇紋岩地に分断・孤立分布しているジングウツツジで強く、狭い地域に比較的まとまって分布しているアマギツツジで非常に弱く、広域分布のオンツツジでその中間であった。集団遺伝構造の程度とパターンは希少性とは無関係であり、地理的な分布を反映していることが示唆された。

以上の研究成果から、ミツバツツジ節の多様化の進化的歴史は比較的新しいものであり、日本列島における種多様化の要因は、日本列島の地理的特徴による分断分布とそれにともなう遺伝的浮動によって生じた異所的種分化であったと考えられる。また、種内の集団遺伝構造についても、分断分布が大きく影響し、その帰結として種内の多様性を高めていると考えられる。それゆえに、ミツバツツジ節の希少種の保全計画立案においては、種内の集団遺伝構造を明らかにして活用する必要性が強調される。

以上のように、渡辺洋一は、最新のモデルに基づく個体群動態推定法を含む様々な系統学的・集団遺伝学手法を駆使することによって、ミツバツツジ節における進化と多様化の歴史を明らかにした。得られた研究成果は、植物系統地理学や森林遺伝学における高い学術的価値を有し、それらの発展に大きく寄与するものである。よって、本審査委員会は、本論文が博士 (農学) の学位を授与するに十分な価値を有するものと認め、合格と判定した。