

## 研究成果概要【Web 公開用】

所 属	山形大学
氏 名	笹沼 恒男

※本様式は可能な限りデータも合わせてご提供願います

研究の名称	DNA 解析によるトビシマカンゾウと鳥海山のニッコウキスゲの遺伝的関係の解明
-------	--

関連分野	遺伝学
------	-----

※研究分野（地質学／考古学／教育学等）について記載願います

対象フィールド	鳥海山・飛島 GP、男鹿半島 GP
---------	-------------------

※研究対象のジオパーク名（複数の場合は全て）記載願います

キーワード	トビシマカンゾウ、ニッコウキスゲ、遺伝的多様性
-------	-------------------------

※研究に関するキーワードを 3 点程度記載願います

## 研究成果概要（A4 用紙で 1 枚程度）

トビシマカンゾウ (*Hemerocallis dumortieri* var. *exaltata*) は、鳥海山をはじめとする高山地帯に自生するニッコウキスゲ (*H. dumortieri* var. *esculenta*) の島嶼型変種であるとされ、飛島と新潟県佐渡にのみ自生している (高橋 2015)。飛島のトビシマカンゾウと地理的に近い鳥海山のニッコウキスゲとの遺伝的関係、あるいは、飛島と佐渡のトビシマカンゾウの遺伝的関係は、野口 (1988) による染色体レベルの核型分析がある程度でよくわかっていない。トビシマカンゾウは、ニッコウキスゲに比べ草丈が高く開花期も早いという表現型の違いはあるが、これは生育環境の違いによる可能性も考えられ、遺伝的には分化していない可能性もある。またそれとは反対に、形態的には似ていても、変種ではなく別種とするような大きな遺伝的な違いがある可能性もある。これらを明らかにするためには表現型の違いだけではなく、DNA レベルでの解析が必要である。また、飛島のトビシマカンゾウや鳥海山のニッコウキスゲにどの程度の遺伝的多様性があるかも不明である。トビシマカンゾウ、ニッコウキスゲはいずれも鳥海山・飛島ジオパークを象徴する植物の一つであり、これらの遺伝的関係を明らかにすることは、鳥海山・飛島ジオパークの特徴を広く市民に理解してもらうことにつながる。また、トビシマカンゾウについては、その個体数の減少から、保護対策を進めていく必要があるが、保護を効率的に行うためにも、トビシマカンゾウと鳥海山のニッコウキスゲの遺伝的関係を明らかにし、それぞれの自生集団にどの程度の多様性があるかを明らかにすることは不可欠である。さらに、東北地方には鳥海山以外の山岳地帯にもニッコウキスゲが自生している。それに加え、男鹿半島、下北半島、三陸にかけての北東北地域では、海岸にニッコウキスゲとされる

植物が自生しているが、それらと同じ海岸性であるトビシマカンゾウ、及び山岳性のニッコウキスゲとの遺伝的關係は不明である。本研究では、*trnS-GIGS*、*trnF-ndhJIGS* の 2 つの葉緑体遺伝子間領域のシーケンシングと AFLP 解析という 2 つの DNA 解析の手法を用い、鳥海山、飛島、佐渡に自生するニッコウキスゲ、トビシマカンゾウの遺伝的關係と多様性の解明を中心に東北各地のニッコウキスゲ・トビシマカンゾウの遺伝的關係と多様性の把握を目指した。

葉緑体遺伝子間領域のシーケンシングでは、67 個体のトビシマカンゾウ・ニッコウキスゲを調べた結果、9 個のハプロタイプが見つかった。そのうち、ハプロタイプ 1 がもっとも多いハプロタイプで 42 個体がこのタイプだった。飛島の 21 個体、佐渡の 11 個体は全てこのタイプであり、ニッコウキスゲでは栗駒山、男鹿、三陸の盛でこのタイプが見られた。鳥海山は 14 個体調べたがハプロタイプ 1 は見られず、湯の台がハプロタイプ 3、大平口がハプロタイプ 2、祓川がハプロタイプ 9 と登山口ごとに異なる 3 タイプが見られた。AFLP 解析では、外群であるヤブカンゾウも含めて 24 個体を対象とし、10 プライマーセットで計 117 本の多型バンドが得られた。スコアしたバンドを基に遺伝距離を算出し NJ 法で系統樹を作成した結果、鳥海山の 7 個体が系統樹の中で広く散在して位置し、トビシマカンゾウ 12 個体はニッコウキスゲの中で独立したクラスターを形成した。STRUCTURE を用いた集団構造解析では、グループを 2 つに設定した  $K=2$  で、トビシマカンゾウとニッコウキスゲが分かれ、 $K=3$  では、トビシマカンゾウがさらに 2 つに分かれた。 $K=3$  におけるトビシマカンゾウ内の分化については、飛島の全 6 個体と佐渡の 1 個体が 1 つのグループになり、佐渡の 2 個体がもう 1 つのグループ、それ以外の佐渡の 3 個体は 2 グループの混合型であることが示された。これらの結果から、①トビシマカンゾウは遺伝的にニッコウキスゲとの分化が見られるものの、その程度は種内変異の範囲内であり、種内の分化した変種とするこれまでの分類が妥当である、②飛島と佐渡のトビシマカンゾウは遺伝的に近く同一の分類群とすべきで、AFLP 解析で佐渡に 2 タイプ、飛島に 1 タイプ見られたことから、佐渡の方が分布が古く佐渡から飛島に渡った可能性が高い、③鳥海山のニッコウキスゲが飛島のトビシマカンゾウに特に似ていることはなく、地理的に近い鳥海山からニッコウキスゲが飛島に渡ったのではない、④トビシマカンゾウ、ニッコウキスゲともに地域内に多様性があり、特に鳥海山は高い多様性がある、ということがわかった。本研究の結果により、トビシマカンゾウとニッコウキスゲの遺伝的關係・多様性の一端が DNA レベルで解明され、今後のジオパーク活動を通じた自然教育や保全活動に貢献できると考えられる。

#### 出典

高橋弘 (2015) ススキノキ科 XANTHORRHOACEAE. 改定新版日本の野生植物1, 大橋広好, 門田裕一, 木原浩, 邑田仁, 米倉浩司編, 平凡社, 東京, 237-239.

野口順子 (1988) 異質染色質の変異よりみた日本列島におけるゼンテイカ群の変遷史と分化. *Acta Phytotax. Geobot.* 39, 25-36.