

(様式)

論文内容の要旨

氏名 田中 啓介

ニガナ種 (*Ixeridium dentatum*) は、キク科ニガナ属の宿根多年生植物であり、日本全土を含む東アジア温帯・亜熱帯地域の山地や野原、耕地の周辺など至る場所に自生する一般的な野草である。

この植物は、種内で形態や染色体構成に高度な多様性を有することから複合種として扱われている。そして、複合種ニガナの分類体系は、形態学的解析や核型分析に基づき、種内で6亜種、1変種、3品種にまとめられている。しかしながら、これらの情報に基づく分類体系は、人為分類により構築されたものであり、系統関係を明瞭に追跡することができなかつた。そこで、分子系統学的な情報からニガナ種内分類群の系統関係を推定することで、進化的道筋を考慮した自然分類から分類体系を正統的に評価できると考えられる。

さらに、ニガナ種内の亜種に分類されているイソニガナ (*Ixeridium dentatum* subsp. *nipponicum*) は、複合種ニガナの中で祖先種と密接に関係しているだろうと考えられている。特に、この亜種は、ニガナ種内における生殖様式の変化のメカニズムを解明する上で非常に重要な分類群である。しかしながら、イソニガナは、新潟県の海岸沿いにのみ生育する固有種であり、環境変化の影響を受けやすい土地で生育していることから、絶滅危惧種に指定されている。そこで、個体群の分布域状況や個体群内及び個体群間の遺伝的多様性を把握することで、効果的な保全対策へのアプローチが図られるべきと考えられる。

本研究は、分子遺伝学的なアプローチによって、ニガナ種内の遺伝的多様性を明らかにすること及び、絶滅危惧種イソニガナの保全対策の検討を行うことを目的として遂行した。

ニガナ種内の系統関係の推定と分類関係の評価に関する研究では、まず解析に用いる試料として、ハイニガナとシラネニガナを除く各分類群の個体を取得した。解析には、形態特性、倍数性レベル、分子系統学的手法としてITS配列及びAFLPを利用した。倍数性レベルは、2倍体から4倍体の範囲で観測された。ITS配列は、ニガナ種内の分類群でほとんど差異が見られなかつた。AFLPに基づいた分子系統学的解析では、全ての分類群がそれぞれ単系統として示されることを明らかにした。そして、ニガナ種内の分類群を自生地と形態特性とよく一致する5つのGroupに識別した。また、現在の分類体系に記載されていない新たな3つの独立したクラスターを示した。これらクラスターのうち、1つは形態特性との対応関係からオゼニガナと判断し、残りの2つは新たな分類群として識別できることが示唆された。よって、本研究では、現状の分類群の一部変更と新たな分類群の導入によって、7亜種、3変種、2品種としてニガナ種内分類群の再構築を提案した。また、分子系統学的解析によって、ニガナ種は、2倍体の祖先種に由来することにより、染色体重複や交雑が、互いの祖先種で独立して生じ、現在確認される多様な分類群が出現したという可能性を持つと考えられた。そして、低地で生育するほとんどの分類群の幅広い分布は、倍数体進化と他の分類群との分岐が低地移入中もしくは移入後に起こったという進化的プ

ロセスを提案した。

イソニガナの現状の把握と保全アプローチの検討に関する研究では、まず新潟県の海岸沿いの 90 km にわたって個体群の分布域を調査し、10 ヶ所の地域で個体群が存在していることを確認した。さらに、そのうち上越市の 1 ヶ所と柏崎市の 2 ヶ所が数千個体レベルの比較的大きな個体群を形成していた。そして、個体群内及び個体群間の遺伝的多様性を把握するために、10 遺伝子座の SSR マーカーを用い、遺伝的多様性に関する指数と集団遺伝学的構造を解析した。全ての個体群は、対立遺伝子数、ヘテロ接合度、Shannon's information index が類似しており、ヘテロ過剰になる傾向が確認された。一方で、遺伝的クラスターは、上越地方の 2 ヶ所の個体群と、中越及び下越地方の 8 ヶ所の個体群とを明確に識別した。これら結果から、どのイソニガナ個体群も、比較的高い遺伝的多様性を維持していることが考えられた。保全アプローチの検討として、上越市と柏崎市における 3 ヶ所の大規模な個体群に対して、生育環境の条件を維持し、個体群規模を拡大することで優先的に保護するべきであると提案した。さらに、これら個体群は、他の地域に対する種子の供給センターとしての役割を果たすことができると考えられた。すなわち、これら個体群から種子を人為的に分配することによって、小規模な個体群においても現状の生育環境の維持と共に、個体群の拡大を図ることができ、効果的な保全アプローチになることが期待できる。

以上のことから、本研究は、分子遺伝学的解析を利用することで、ニガナ種内の遺伝的多様性及び現存するイソニガナ個体群の集団遺伝学的構造を明確にすることができ、新たな知見を得ることができた。