

## 科学研究費助成事業（科学研究費補助金）研究成果報告書

平成24年 5月31日現在

機関番号：82111

研究種目：基盤研究（C）

研究期間：2009～2011

課題番号：21510251

研究課題名（和文）ナシ属における史前帰化植物と自生植物との交雑・野生化に関する研究

研究課題名（英文）Researches on the introgression between pre-historically naturalized plants and native plants in *Pyrus*

研究代表者

池谷 祐幸（IKETANI HIROYUKI）

独立行政法人農業・食品産業技術総合研究機構・果樹研究所・品種育成・病害虫研究領域・  
上席研究員

研究者番号：10391468

研究成果の概要（和文）：マイクロサテライト遺伝子座の解析により、北上山地に分布する絶滅危惧植物であるミチノクナシ（イワテヤマナシ）と史前帰化植物であるヤマナシが浸透交雑した結果、雑種個体が自然的環境にも広く生育する一方で、遺伝的に真の自生と推定される植物は個体数がごく限られることが判明した。しかし一方では、真の自生植物の本来の遺伝子型、分布域及び生育環境を推定することもできたため、今後の保全対策の指標となりうる。

研究成果の概要（英文）：Using microsatellite analyses we revealed that the extensive introgression between *Pyrus ussuriensis*, which is a threatened plant distributed in the Kitakami Mountains and *P. pyrifolia*, which is a prehistorically introduced plant. The introgressed plants are distributed widely in this Mountains, even in natural habitats, whereas the plants estimated as genetically true native grow very limitedly. However, we were able to infer the genotypes of true native plants, their original distribution area and habitats. They will become useful for their future conservation.

交付決定額

（金額単位：円）

	直接経費	間接経費	合計
2009年度	1,500,000	450,000	1,950,000
2010年度	1,000,000	300,000	1,300,000
2011年度	800,000	240,000	1,040,000
年度			
年度			
総計	3,300,000	990,000	4,290,000

研究分野：複合新領域

科研費の分科・細目：資源保全学

キーワード：生物多様性、保全生物学、史前帰化植物、浸透交雑、ナシ、栽培植物、分類学

## 1. 研究開始当初の背景

栽培植物と近縁な自生植物との交雑現象は、種の保全における重大な危険要因の1つである。しかし、欧州において中世以前の移入と推定されている古帰化植物や、日本にお

いて歴史時代以前の移入と推定されている史前帰化植物は、通常は自生植物と区別されず、後者との交雑が起きても保全生物学上は注目されてこなかった。これらの史前帰化植物類（古帰化植物を含む）の多くは人的攪乱

環境に生育するため、祖先野生種との交雑例も類似の環境のみで知られていた。一方、自生植物と史前帰化植物類の雑種が自然的環境にまで広く生育する例は、植物では世界的にも知られていなかった。こうした中で研究代表者らは、北上山地を中心に分布するとされ、また 2007 年に環境省レッドリストの絶滅危惧 IA 類に新たに掲載されたミチノクナシ（イワテヤマナシ；*Pyrus ussuriensis* var. *ussuriensis*）では、自生植物と史前帰化植物であるヤマナシ（*P. pyrifolia*）との浸透交雑が起きた結果、本来の自生植物と推定される個体が殆ど見られないのに対して雑種個体が天然林内に生育している可能性がある、という植物では世界で始めてと思われる例を発見した。

この結果は、生物多様性の保全における史前帰化植物類の扱いに再検討を迫る可能性がある。まず、もし史前帰化植物類が自生植物と交雑していると、近代の帰化植物より長期間を経ているだけに、既に深刻な影響が起きている可能性がある。一方で史前帰化植物類と自生植物の厳密な区別は困難なため、前者が絶滅危惧である場合は保全対象に加えられてきた。史前帰化植物類の多くは人里近くに生育するため「人里の植物の保全」が目的ならばこれで妥当である。しかし、自然的環境における植物の保全では、史前帰化植物類であっても自生植物への影響を抑える必要がある。つまり自然的環境と人的攪乱環境では、保全対象となる植物の範囲を変え別々の対策を踏む必要がある。

ミチノクナシの場合は、現存個体群が浸透交雑個体で殆ど占められ、本来の自生植物の存続が極めて危機的な状況にある可能性があるため、具体的な保全対策のための早急な調査も必要としている。そこで本研究はミチノクナシを材料として、集団遺伝学、分子生物地理学、植物生態学的手法等により、①近縁な植物の野生個体群および栽培植物群と比較により、ミチノクナシの遺伝的特徴を明らかにする。②現存個体群の分布状況を詳細に調査し、各個体の遺伝的構造を明らかにして、浸透交雑の状況を詳細に把握する。③浸透交雑の起きる前の自生植物の分布範囲を推定し、現存集団からの遺伝的な復元可能性を検討する。④自然的環境と人的攪乱環境のそれぞれにおける個体群の分布と立地を推定し、両者を隔離して保全するための条件を検討する。

## 2. 研究の目的

### (1) 自生集団の本来の遺伝的構成及び表現型の推定と現存集団から遺伝的な復元可能性の検討

ミチノクナシの現存個体群は分子多型、表現型ともに多様性が大きい、その原因は浸

透交雑の影響である可能性が高く自生集団の本来の多様性は不明である。そこで推定姉妹群であり、かつヤマナシの遺伝的影響を受けていないと推定されるアオナシ（*P. ussuriensis* var. *hondoensis*）の自生個体群の自生地調査及びアジア大陸の母種のホクシヤマナシ（*P. ussuriensis* var. *ussuriensis*）の標本調査を行う。さらにアオナシとホクシヤマナシも含めた集団遺伝学的解析から自生集団の本来の遺伝的構成を推定し、そのデータを元に現存集団から過去の自生集団に近い個体群を復元しうる可能性を推定する。

### (2) 浸透交雑の起きる前の自生植物の分布範囲の推定

現在ミチノクナシは北上山地の中北部に広く分布するが、人為的に広がったと思われる生育箇所が多いため、本来の分布範囲はより狭い可能性がある。そこで詳細なフィールド調査を行って各地域の個体群を調査し、集団遺伝学的解析を行って遺伝的構成を推測し、自生集団の過去の分布範囲を推定する。

### (3) 自然的環境及び人的攪乱環境における個体群の分布と立地の推定

北上山地では、山間部を中心に分布するミチノクナシ野生個体とともに、人里ではニホンナシが遺伝的に強く影響している栽培・逸出個体が多数見いだされる。後者が前者に遺伝的に影響すると、ミチノクナシの自生的個体の保全において問題となりうるので、両者の分布、立地を解析して住み分け可能な範囲を推定し、保全上の指針とする。

## 3. 研究の方法

### (1) 現地調査及び立地と分布範囲の解析

北上山地の広範囲な地域で、自然植生ないし人為的に攪乱された各植生地を調査してミチノクナシの分布を明らかにする。また各立地の生態的条件を調査する。さらに DNA 及び表現型解析のための試料サンプリングを行う。

### (2) 集団遺伝学解析

各個体のマイクロサテライト遺伝子座を調査し、得られたデータをベイズ法による Admixture 解析 (STRUCTURE) などで分析して以下の二つの解析を行う。

#### ① ミチノクナシの遺伝的類縁関係

ミチノクナシ野生個体群、アオナシ野生個体群、北東北と西日本のヤマナシ在来品種、チュウゴクナシの在来品種、及びアジア大陸のホクシヤマナシ野生個体群を材料として集団間の遺伝的類縁関係を推定する。

#### ② ミチノクナシ各個体の詳細な遺伝構造

ミチノクナシ各個体の詳細な遺伝構造を解明するため、調査したミチノクナシの全野生個体と北東北及び西日本のヤマナシ在来品種・系統を材料として集団遺伝構造の解析

を行う。

### (3) 葉緑体遺伝子の解析

浸透交雑の状況を詳細に把握するためには、核と同時に細胞質の遺伝解析も必要である。そこで、ナシ属葉緑体 DNA において超可変領域である accD-psaI (1191bp) と rps16-trnQ (950bp) の 2 遺伝子間領域の塩基配列情報をもとにハプロタイプを決定する。

### (4) 遺伝的構造と表現型の解析

現地調査及び採取試料をもとに花、葉、果実等の形態調査を行い、遺伝的構造と表現型の関係を解析する。また基本的情報の乏しいアジア大陸のホクシヤマナシについては、標本調査を行い、その形態的な特徴を明らかにする。

## 4. 研究成果

### (1) 現地調査

3 年間の現地調査の結果、北上山地の中北部に当たる岩手県遠野市から青森県階上町にかけての広い地域で、ミチノクナシ野生個体群を発見、調査し、既発見の個体と併せ約 300 個体を以降の解析材料とした。

### (2) 集団遺伝学解析

#### ① ミチノクナシの遺伝的類縁関係

ヤマナシ及びチュウゴクナシの在来品種の集団間の距離は小さく、種が異なるとされる栽培品種群の間でも殆ど遺伝的分化が殆ど起きていないと推定した。この結果は、日本のヤマナシが自生植物ではなく地史的にはごく最近に大陸から移入されたことを示唆し、ヤマナシが史前帰化植物であることを遺伝的データから裏付けるものである。一方アオナシとアジア大陸のホクシヤマナシの両野生集団はそれぞれ他とは非常に離れ、著しい遺伝的独自性を示した。これら 2 者ほどではないが、ミチノクナシ野生個体群も他の集団とは離れていた。ただし北東北のヤマナシ在来品種とは比較的近縁であった。

#### ② ミチノクナシ各個体の詳細な遺伝構造

STRUCTURE による解析の結果、推定祖先集団数(K)の最も妥当な数値は K=2 であった。各個体が想定祖先集団に由来する確率(q)は、ミチノクナシのうちの盛岡市玉山区東部の集団及び西日本のヤマナシ在来品種・系統の各個体では、それぞれ異なる想定祖先集団にほぼ約 0.9 以上の値が得られた。しかし、ミチノクナシの他の野生集団及び北東北のヤマナシ在来品種系統では、殆どの個体について両想定祖先集団に対して 0.1-0.9 の間の値が得られた。

これらの結果より、2 つの想定祖先集団はミチノクナシ及びヤマナシに当たるものであると推定した。また、ミチノクナシ想定祖先集団に高い確率で由来すると推定された個体は、浸透交雑の影響を受けていない個体

(以下、「ミチノクナシの真の自生個体」と表現する)であると推定した。一方、2 つの想定祖先集団の混合する個体は、浸透交雑個体であると推定した。

### (3) 葉緑体 DNA の解析

北上山系全体で 8 種類のハプロタイプが認識された。そのうち約 6 割がニホンナシで多く見られるタイプ A1R1 であり、殆どの集団で半数以上を占めていた。次によく見られた A3R2 タイプは、多くのニホンナシとは異なり accD-psaI 領域に 229bp の欠失が見られないもので、ミチノクナシ特有のタイプである可能性が示唆された。また STRUCTURE 解析で「ミチノクナシの真の自生個体」と推定された個体の 7 割程度がニホンナシと同様の A1R1 タイプを保持していた。A3R2 が本来のミチノクナシのハプロタイプであったとすると、浸透交雑個体のみならず「ミチノクナシの真の自生個体」に置いても細胞質捕獲が生じている可能性もあると推定した。

### (4) 遺伝的構造と表現型の解析

各個体のミチノクナシ型想定祖先集団からの由来確率(q)と花及び果実の形態形質との相関を調査した。その結果、花柄の長さとの相関は、弱い正の相関を示し、果実サイズは弱い負の相関を示した。萼の宿存と果実サイズは、従来の形態的分類においてもミチノクナシとヤマナシの識別形質であるため、妥当な結果である。一方花柄の長さは、菊池秋雄(1948)が識別形質としたものである。しかしその後の研究においてはこの形質が再検討されないまま、ミチノクナシとアジア大陸のホクシヤマナシとは区別できないとされて分類学的には同一種 (*Pyrus ussuriensis*) と扱われ、種内分類群として区別されていなかった。一方、ホクシヤマナシの標本調査の結果、本植物は、栽培品種には花柄長が長いものもあるが自生個体では花柄長はごく短いことが判明したので、ミチノクナシとホクシヤマナシの自生個体は形態的にも分化している可能性が改めて示唆された。

### (5) 自生植物の立地環境と分布範囲の推定

「ミチノクナシの真の自生個体」は、標高約 600-1100m の高地に見られた。これらの多くは牧場、採草地などに生育し、その他には道路際などで多く発見されたが、これらは人的影響による散布、分布拡大の可能性が高い。一方、このような場所以外の自然林中での分布は溪谷沿いに見られることが多く、特に盛岡市玉山区の東部で多くの個体が見られた。そこでこの地域で植物社会学的な調査を行った所、ハルニレ、トチノキ、サワグルミなどの湿性林との関連が示唆された。しかしこれらの林分もかなりの人的影響を受けているため、これ以上の詳細な立地環境の復元推定は困難である。また、当地域は谷幅が

100-200m 程度と比較的広いが、北上山地の高地の谷幅の広い河谷で、集落、農地、ないし人工林化していない箇所は他には殆どないため、この地域に多くの「ミチノクナシの真の自生個体」が残存したと考えられる。

さらに、「ミチノクナシの真の自生個体」は、この地域を含む青葉松山、早坂高原から袖山高原にかけての地域のみに見られ、周縁部の遠野市、花巻市、宮古市旧新里村、青森県階上町などでは雑種の個体のみが見られた。よって、本来の分布範囲は早坂高原を中心とする北上山地北部であったと推定した。

#### (6) 自生集団の復元可能性

STRUCTURE 解析において、想定祖先集団の混合がなく「ミチノクナシの真の自生個体」と推定される個体群を発見することができた。一方、葉緑体 DNA 解析の結果では、この個体群においても、細胞質捕獲によりミチノクナシの核とニホンナシの細胞質の混合した個体が多数を占めることが判明した。細胞質捕獲は野生生物同士の交雑でも報告の多い現象ではあるが、ミチノクナシの場合は史前帰化植物との交雑であるため、細胞質捕獲ではない個体を利用して自生集団の復元を図るのが望ましい。

#### (7) 成果の位置づけと今後の展望

本研究の結果、自生植物であるミチノクナシと史前帰化植物であるヤマナシが浸透交雑した結果、雑種個体が自然的環境に広く生育する一方で真の自生植物は個体数がごく限られることが集団遺伝学データから裏付けられた。この結果、1. に記したように、生物多様性保全における史前帰化植物の位置付けは再考が必要となるケースもありうると思われる。

一方、遺伝的に「ミチノクナシの真の自生個体」と思われる植物や本来の自生分布・環境をある程度推定できたことから、今後の保全対策の指標を制定しうるので、本研究は今後の同様のケースのモデルとなりうる。

### 5. 主な発表論文等

(研究代表者、研究分担者及び連携研究者には下線)

[雑誌論文] (計 5 件)

- ① Iketani H., Katayama H., Uematsu C., Mase N., Sato Y., Yamamoto T. (2012). Genetic structure of East Asian cultivated pears (*Pyrus* spp.) and their reclassification in accordance with the nomenclature of cultivated plants. *Plant Systematics and Evolution*, in Press. (査読有). <http://www.springerlink.com/content/0378-2697/>
- ② Katayama H., Tachibana M., Iketani H.,

Zhang, S.-L. and Uematsu C. (2012) Phylogenetic utility of structural alterations found in the chloroplast genome of pear: hypervariable regions in a highly conserved genome. *Tree Genetics & Genomes* 8: 313-326 (査読有). DOI: 10.1007/s11295-011-0442-y.

- ③ Iketani H., Hummer K.E., Joseph D. Postman J.D., Imanishi H. and Mase N. (2010) Collaborative Exploration between NIAS Genebank and USDA ARS (U.S. Department of Agriculture, Agricultural Research Service) for the Collection of Genetic Resources of Fruit and Nut Species in Hokkaidō and the Northern Tōhoku Region. Annual Report on Exploration and Introduction of Plant Genetic Resources 26: 13-26 (査読有). [http://www.geneaffrc.go.jp/pdf/publications/plant-exp\\_200911\\_p13.pdf](http://www.geneaffrc.go.jp/pdf/publications/plant-exp_200911_p13.pdf)
- ④ Iketani H., Yamamoto T., Katayama H., Uematsu C., Mase N. and Sato Y. (2010). Introgression between native and prehistorically naturalized (archaeophytic) wild pear (*Pyrus* spp.) populations in Northern Tohoku, Northeast Japan. *Conservation Genetics* 11: 115-126 (査読有). DOI:10.1007/s10592-009-0009-8.

[学会発表] (計 2 件)

- ① 池谷祐幸、片山寛則、植松千代美、間瀬誠子、山本俊哉. 南アジアと東南アジアで栽培されているナシ属植物は *Pyrus pyrifolia* である. 日本植物分類学会第 9 回大会. 2010.3.27. 愛知教育大学.
- ② 橘美穂、片山寛則、池谷祐幸、山本俊哉、植松千代美. DNA と形態からみたイワテヤマナシ集団の多様性評価. 日本育種学会第 116 回講演会. 2009.9.26. 北海道大学.

[図書] (計 1 件)

- ① Iketani H. and Katayama H. (2012) Introgression and Long-Term Naturalization of Archaeophytes into Native Plants - Underestimated Risk of Hybrids, In: Povilitis T. (Ed.). *Topics in Conservation Biology*, pp. 43-56. Intech, Rijeka. DOI: 10.5772/37585. ISBN 979-953-51-0540-4.

[その他] (計 3 件)

- ① 野生ナシ遺伝子汚染. 2010.05.07. 朝日新聞

## 6. 研究組織

### (1) 研究代表者

池谷 祐幸 (IKETANI HIROYUKI)  
農研機構・果樹研・品種育成・病害虫研究  
領域・上席研究員  
研究者番号：10391468

### (2) 研究分担者

片山 寛則 (KATAYAMA HIRONORI)  
神戸大・院・農・食資源教育研究セン  
ター・講師  
研究者番号：50294202  
植松 千代美 (UEMATSU CHIYOMI)  
大坂市大・院・理・生物地球・講師  
研究者番号：30232789

### (3) 連携研究者

山本俊哉 (YAMAMOTO TOSHIYA)  
農研機構・果樹研・品種育成・病害虫研究  
領域・上席研究員  
研究者番号：60355360