

平成21年6月15日現在

研究種目：基盤研究（C）

研究期間：2006～2008

課題番号：18570097

研究課題名（和文） ハイゴケ科の再定義に関する系統分類学的研究

研究課題名（英文） A systematic study on the amendment of the family Hypnaceae

研究代表者

樋口 正信（HIGUCHI MASANOBU）

国立科学博物館・植物研究部・グループ長

研究者番号：10189772

研究成果の概要：ハイゴケ科及び関連する科の約200分類群の葉緑体3遺伝子（*rbcL*、*rps4*、*psaB*）の塩基配列を初めて決定した。3遺伝子の解析では、ハイゴケ科とその亜科も単系統にならず、ハイゴケ属自体も多系統となった。ハイゴケ科の分類群は10系統群に分かれた。属の別科や種の別属への移動を支持する結果が多く得られた。系統関係構築の最大の障害となっていた胞子体の欠如が分子系統解析により克服できる可能性がある。

交付額

（金額単位：円）

	直接経費	間接経費	合計
2006年度	1,300,000	0	1,300,000
2007年度	1,200,000	360,000	1,560,000
2008年度	1,000,000	300,000	1,300,000
年度			
年度			
総計	3,500,000	660,000	4,160,000

研究分野：生物学

科研費の分科・細目：生物多様性・分類

キーワード：ハイゴケ科、分類体系、分子系統

1. 研究開始当初の背景

(1) 形態形質によりまとめあげられてきたコケ植物の分類体系は、近年急速に発展した分子系統学的手法により見直しがなされている。分子系統解析から得られた結果が従来の形態形質による分類体系と一致しない例があり、それが新たな形質評価の視点を与えることも少なくない。ただ、その不一致があまりに大きく、研究者を悩ませている例がいくつか

あるが、今回研究の対象とするハイゴケ科はそのような問題を最も深刻に抱える分類群である。

(2) 20世紀前半には現在とほぼ同じ科の概念ができあがったが、各科の概念や科の間の境界はあいまいなことが多く、ハイゴケ科に近縁な科の再検討が進むと除外された属や種はハイゴケ科として処理される傾向にあった。また、配偶体の

特徴から新たな属が記載され、現在ハイゴケ科は60以上の属、1000以上の種を含む大科となっている。

- (3) 申請者と連携研究者はこれまでハイゴケ科の属のワールドモノグラフ作成やアジア・オセアニア地域のハイゴケ科フロラの解明に取り組むと同時に、ハイゴケ科及び近縁な科の分子系統解析を行ってきた。アジア・オセアニア地域からの材料の入手の見通しと分子系統解析の熟練を経て、今こそ、共同して今回のハイゴケ科の課題に挑戦する時期であると判断した。
- (4) 現在までに発表されている分子系統解析データでは、ハイゴケ科が亜科や属のレベルで多系統になるだけでなく、ハイゴケ科のタイプ属であるハイゴケ属自身が単系統性を示していない。現状の形態形質によるハイゴケ科の定義と分子系統解析の結果の不一致の原因を申請者らは次のように理解している。①解析に用いられた分類群が少ない、②解析された分子種では情報が不足している、③現在の科の概念を再検討する必要がある。

2. 研究の目的

できるだけ多くのハイゴケ科の分類群（少なくとも亜科と属を網羅する）の材料を入手し解析すること、解析に適切な分子種を検討しその分子種を用いて解析すること、得られた結果をもとに形態形質の見直しとくに胞子体と配偶体間の形質評価の一致、不一致に着目して行うこと、ハイゴケ科の概念を検討し本科を再定義することを目的とする。

3. 研究の方法

- (1) 国内及び国外で材料を入手する。材料は1サンプルを系統解析用、形態観察用、

標本用に分けて利用する。

- (2) 入手した材料を用いて、まずコケ植物で最も解析が進みデータが蓄積されている葉緑体遺伝子 *rbcL* 遺伝子の塩基配列を決定して系統樹を作成する。必要であれば、その他の遺伝子あるいは遺伝子間領域を選び、塩基配列を決定して系統樹を作成する。
- (3) 入手した資料の同定と形態観察を行い、系統解析の結果に基づき、形態形質の再評価を行う。ハイゴケ科を特徴づける形質の中にはその境界が不明瞭なものもあり、それらを詳細に見直すとともに、今回の系統解析の結果から示される形質の共有性、派生性について考察を加える。
- (4) 得られた結果をもとに、ハイゴケ科の概念を検討し、本科を再定義する。

4. 研究成果

- (1) 国内各地及び国外（台湾、中国、マレーシア）より材料を入手し、ハイゴケ科及び関連する科の約 200 分類群の葉緑体 3 遺伝子 (*rbcL*, *rps4*, *psaB*) の塩基配列を初めて決定した。
- (2) 3遺伝子のデータを組み合わせた解析では、それぞれの遺伝子単独による解析に比べより高い解像度の系統樹が得られた。しかし、これまでの*rbcL*遺伝子を用いた分子系統解析同様に、ハイゴケ目は単系統となるものの、その中の科間・属間の関係は明瞭ではなく、ハイゴケ科もハイゴケ科内の亜科も単系統にならず、ハイゴケ属自体も多系統となった。
- (3) コケ植物では配偶体と胞子体という異なる両世代の形態形質の評価が可能である。また、胞子体が知られておらず、優勢な配偶体の形質をもとに種概念がつくられている場合も多い。今回の解析では別科や別属への移動を支持する結果が

多く得られている。例えば、ラッコゴケ属のキャラハラッコゴケとオオカギイトゴケは孢子体が未知で、配偶体の形質のみでその所属が判断されてきたが、今回の結果よりキャラハラッコゴケはキャラハゴケ属の種と単系統となり、オオカギイトゴケはキヌゴケ属に近縁となり、両種ともラッコゴケ属に所属させることは妥当でないことが明らかになった。

(4) 3遺伝子の解析では、今回解析したハイゴケ科に属する分類群は10系統群に分かれた。その一つのキヌゴケ属を中心とする系統群は、近年ハイゴケ科から独立され復活したキヌゴケ科に相当し、その独立性を支持する一方、新たな属が加わることが明らかになった。

(5) ハイゴケ目の科間とハイゴケ科の属間の関係を明らかにするため、今後はハイゴケ目の未解析の種、属を解析に加え、より精度の高い網羅的な系統樹の構築を目指すことが必要である。また、形態形質の見直しとハイゴケ科の再定義は時間的に満足のいく成果が得られなかったが、これまで系統関係の構築の最大の障害となっていた孢子体の欠如が分子系統解析により克服できる見通しがついたことは大きな成果である。

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4件)

- ① Arikawa, T., H. Tsubota, H. Deguchi, N. Nishimura & M. Higuchi. Phylogenetic analysis of the family Hypnaceae based on *rbcl* gene sequences. In: Haji Mohamed, Baki Hj Bakar, Amru Nasrulhaq Boyce and Patrick Lee (editors). *Bryology in the New Millennium*, pp.

215-225. University of Malaya, Kuala Lumpur. 2008. 査読有.

- ② Higuchi, M. & A. Touw. Studies on the bryophyte flora of Vanuatu. 11. Anomodontaceae and Thuidiaceae (Musci). *Bull. Natl. Mus. Nat. Sci.*, Tokyo, Ser. B, 34(3): 113-118. 2008. 査読無.
- ③ Higuchi, M. Studies on the bryophyte flora of the Tien Shan Mountains. 1. Hypnaceae and Hylocomiaceae (Musci). *Bull. Natl. Mus. Nat. Sci.*, Tokyo, Ser. B, 33(3, 4): 115-121. 2007. 査読無.
- ④ Higuchi, M. & N. Nishimura. Studies on the bryophyte flora of Vanuatu. 10. Additions to the Hypnaceae (Musci). *Bull. Natn. Sci. Mus.*, Tokyo, Ser. B, 32(4): 175-179. 2006. 査読無.

[学会発表] (計4件)

- ① 有川智己・坪田博美・出口博則・西村直樹・樋口正信. ハイゴケ科(蘚類)の分類学的研究 3. 葉緑体3遺伝子を用いた分子系統解析. 日本植物分類学会第8回大会. 2009年3月13日. 宮城県仙台市.
- ② 有川智己・坪田博美・出口博則・西村直樹・樋口正信. ハイゴケ科(蘚類)の分類学的研究 2. 複数遺伝子を用いた分子系統解析. 日本植物分類学会第7回大会. 2008年3月21日. 東京都八王子市.
- ③ Arikawa, T., H. Tsubota, H. Deguchi, N. Nishimura & M. Higuchi. Phylogenetic analysis of the family Hypnaceae based on *rbcl* gene sequences. World Conference of Bryology. 2007年7月24日. Malaysia, Kuala Lumpur.
- ④ 有川智己・坪田博美・出口博則・西村直樹・樋口正信. ハイゴケ科(蘚類)の分類学的研究 1. ハイゴケ属および近縁属

の分子系統解析. 日本植物分類学会第 6
回大会. 2007 年 3 月 14 日. 新潟市.

[図書] (計 0 件)

[産業財産権]

○出願状況 (計 0 件)

○取得状況 (計 0 件)

[その他]

6. 研究組織

(1) 研究代表者

樋口 正信 (HIGUCHI MASANOBU)

国立科学博物館・植物研究部・グループ長

研究者番号: 10189772

(2) 研究分担者

なし

(3) 連携研究者

西村 直樹 (NISHIMURA NAOKI)

岡山理科大学・付置研究所・教授

研究者番号: 40156112

坪田 博美 (TSUBOTA HIROMI)

広島大学・理学系研究科・准教授

研究者番号: 10332899

有川 智己 (ARIKAWA TOMOTSUGU)

鳥取県立博物館・学芸課・学芸員

研究者番号: 30363039