

北海道と西日本のツツジ属 2 種の東北アジア大陸産近縁種を介した種複合体形成と南北 2 ルートによる日本への起源

環境資源学専攻 生物生態・体系学講座 植物生態・体系学 菅野 厚志

1. 背景と目的

北海道には極東ロシアや中国東北部に同種・近縁種をもつ植物が多い。一方、西日本の植物は朝鮮半島や中国東北部の種との関連性が指摘される。そのため、東北アジア大陸部の同種、近縁種を考慮すると、北海道と西日本の分類群の分布域が連続し種複合体を成す可能性があるが、このような植物地理学的なパターンの検証は今までされていない。*Rhodorastrum* 亜節のエゾムラサキツツジ *Rhododendron dauricum* は北海道からハバロフスク、東シベリア、中国東北部、朝鮮半島北部に、同亜節のゲンカイツツジ *R. mucronulatum* var. *ciliatum* は西日本から朝鮮半島南部・東部に分布する。日本の文献では、当該 2 分類群は葉や花の形状、葉の長毛の有無と春先開花時の新葉展開の有無などから分類学的に明瞭に区別される。しかし、東北アジア大陸部の文献では異なる分類見解があり、極端な例では、これら 2 分類群と同亜節のカラムラサキツツジ *R. mucronulatum* var. *mucronulatum* (朝鮮半島西部、中国東北部、沿海地方) 及び *R. sichotense* (シホテアリニ)、*R. ledebourii* (アルタイ) を加えた 5 分類群をエゾムラサキツツジ 1 種とする見解がある。そこで本研究は、当該 5 分類群が、形態的に連続し遺伝的変異を共有するため、種としての境界が明瞭でない近縁種群、即ち種複合体を成すという仮説の検証、並びに、東北アジア大陸を介した北海道のエゾムラサキツツジと西日本のゲンカイツツジの分布変遷を明らかにすることを目的とした。

2. 方法

当該 5 分類群が単系統であるか明らかにするため、他のツツジ属 19 種 20 個体を含め、核リボソーム DNA の ITS 領域(nrITS) の塩基配列データを用いて系統解析を行なった。その後、葉緑体 DNA (cpDNA) の塩基配列データ及び MIG-seq 法により取得したゲノムワイドな一塩基置換 (SNP) 情報から、種間関係及び、地理的遺伝構造と分布変遷の解明を行なった。更に、識別形質が連続するか明らかにするため、外部形態・春先開花時の新葉展開の有無について標本調査を行なった。

3. 結果と考察

NrITS 系統樹から、当該 5 分類群が単系統であることがわかった。CpDNA データから、単一ハプロタイプであった *R. ledebourii* を除くと、他 4 分類群それぞれの単系統性は支持されず、5 分類群はハプロタイプを共有した。祖先的ハプロタイプは沿海地方にみられた。SNP データから、エゾムラサキツツジ・カラムラサキツツジ (沿海地方)・*R. sichotense*・*R. ledebourii* とゲンカイツツジ・カラムラサキツツジ (遼寧省・朝鮮半島) の 2 つのクラスターが認められた。更に、系統 I : 沿海地方、系統 II : シホテアリニ、系統 III : 東シベリア・黒竜江省、系統 IV : アルタイ、系統 V : 遼寧省・朝鮮半島西部・南部、系統 VI : 北海道、系統 VII : 朝鮮半島東部・西日本、の地理的構造が認められた。外部形態解析では、高緯度から低緯度に向かって葉が大型、鋭先頭になり、長毛をつける地理的傾向が示された。更に、春先開花期に、高緯度では新葉が展開しているが、低緯度では新葉が未展開である地理的傾向がみられた。以上から、当該 5 分類群は種複合体を成すと考えられる。そして、分散経路については、大陸部で遺伝的に分化した後、北海道のエゾムラサキツツジは北ルートで、西日本のゲンカイツツジは朝鮮半島を経て南ルートで進入したと考えられる。