



# 岐阜大学機関リポジトリ

Gifu University Institutional Repository

## ソメイヨシノとサクラ属野生種との交雑に関する生態学的および遺伝学的研究

メタデータ	言語: Japanese 出版者: 公開日: 2021-06-29 キーワード (Ja): キーワード (En): 作成者: 鶴田, 燃海 メールアドレス: 所属:
URL	<a href="http://hdl.handle.net/20.500.12099/55538">http://hdl.handle.net/20.500.12099/55538</a>

## 要 約

氏 名 Name	鶴 田 燃 海
題 目 Title of Dissertation	ソメイヨシノとサクラ属野生種との交雑に関する 生態学および遺伝学的研究

サクラ（バラ科サクラ属）は日本で古くから親しまれてきた樹木の一つである。中でもソメイヨシノ（*Cerasus x yedoensis* ‘Somei-yoshino’ Fujino）は最も親しまれているサクラの品種で、ほぼ日本全国に植栽されている。しかし近年、植栽されたソメイヨシノが近隣のサクラ属野生種と交雑しているとの報告がなされている。ソメイヨシノは接ぎ木で増殖されたクローンであるため、遺伝的に同一なソメイヨシノと野生種との頻繁な交雑は、野生種の地域個体群の遺伝的な特徴を消失させてしまう、または大きく改変してしまう恐れがある。このような、人為的に導入された同種または近縁種との交雑による地域個体群の遺伝子組成の改変は、「遺伝子攪乱（または遺伝子汚染）」と呼ばれている。在来のサクラ属野生種の遺伝的多様性を保全するためにも、ソメイヨシノと野生種との交雑を防ぐ指針の策定が望まれる。そこで本研究は、ソメイヨシノとサクラ属野生種との潜在的な交雑可能な距離の決定および、どのような状況において、どの野生種または個体群とソメイヨシノとが交雑を起こしやすいのかを明らかにすることを目的とした。

本研究では、遺伝マーカーを用い、ソメイヨシノとサクラ属の野生種との花粉を介した遺伝子流動の実態を明らかにした。これとともに、どのような生育環境または生態的な特徴が交雑に影響するのかを推定した。およそ 30 ha の調査地において、ソメイヨシノを結実させた花粉親の 91.7%は、調査地内の野生種個体であった。交雑距離の平均値は、種子親ごとに 73.5 ~ 183.2 m であった。このとき、ソメイヨシノからの距離が近く、個体サイズの大きな野生種個体ほど、ソメイヨシノと交雑することが分かった。また、個体間の距離や個体サイズに加え、開花の重なる日数がサクラ属樹木の交雑において重要な要因であることが明らかになった。ソメイヨシノが花粉親となる場合も同様に、距離が離れるに従って交雑頻度が下がる関係が示されると同時に、ソメイヨシノの花粉が約 190 m の距離を運ばれることも観察された。ソメイヨシノと開花の重なる期間は、種や年次によっても異なり、それにより交雑距離も変動することが分かった。

次に、種によるソメイヨシノとの交雑親和性の違いを明らかにするため、ソメイヨシノを

種子親とし、複数のサクラ属野生種個体を人工交配した。花粉管伸長の観察からは、どの種の花粉でも花柱基部まで花粉管が伸長することが確認された。このことから、サクラ属の種が、属内で広く種間の交雑和合性があることが示された。一方、ソメイヨシノにエドヒガン (*Cerasus spachiana* Laval. ex E. Otto) を交配した場合、生育不全により実生の初期生存率は 25.8~38.2%にまで大きく低下した。

実生の生育不全は、ソメイヨシノとの交雑に影響する重要な形質であった。この交雑の不和合性を引き起こす遺伝子の解明を目的に、実生の生育不全に関与する遺伝子座の数、およびそれがゲノムのどの領域にあるのかを探索した。まず、実生の生育不全が観察されたソメイヨシノとエドヒガンとの交雑家系において、連鎖地図を構築した。ソメイヨシノの連鎖地図は、染色体数から期待される 8 つの連鎖群からなる 574.9 cM の地図となった。これは十分にゲノム全体をカバーしており、この連鎖地図に沿って実生の生育不全と関連した遺伝子座を探索した。実生の形質を支配する遺伝子座 *HIS1* は、ソメイヨシノの連鎖地図の第 4 連鎖群、EMPas13 遺伝子座のごく近傍にマッピングされた。このとき、*HIS1* におけるソメイヨシノの対立遺伝子 (*HIS1/his1*) のうち、*his1* を受け継いだ実生が生育不全となっていた。

ソメイヨシノはエドヒガンとオオシマザクラ (*Cerasus speciosa* (Koidz.) H. Ohba) の雑種であるといわれている。*HIS1* と強く連鎖した遺伝子座 EMPas13 の対立遺伝子の頻度を、エドヒガンおよびオオシマザクラの野生の個体群で調べることで、*HIS1* および *his1* 対立遺伝子がどちらの祖先種に由来するのかを推定した。その結果、*HIS1* はエドヒガン由来、一方の *his1* はエドヒガンでは稀な、かつオオシマザクラ個体群では見られない対立遺伝子であった。これらのことから、実生の生育不全を引き起こす *his1* が、エドヒガンとオオシマザクラ以外のサクラ属種に由来する可能性が示された。今後、*his1* 対立遺伝子がどのサクラ属の野生種に由来するか、また野生種における *his1* の保有状況を明らかにし、ソメイヨシノとの交雑のリスクを正確に把握することが必要となる。