

チガヤにおける雑種形成と F1 集団の維持機構

野村 康之

雑種形成は新たな表現型を生み出す駆動力であり、この新たな表現型の獲得によってときに雑種個体数の増加や両親とは異なる新たな環境への進出をもたらす。本研究では、イネ科多年生雑草チガヤの 2 生態型間の雑種形成に着目した。

日本に分布するチガヤは、比較的乾いた土壤に生育し、5 月に出穂する普通型と湿った土壤に生育し、4 月に出穂する早生型に分化しており、両生態型は通常生殖的に隔離されている。しかし、両生態型の分布が重複する東北地方では両生態型間の雑種が多数生育している。本研究において、核 DNA マーカーを新たに開発し、この雑種集団の遺伝構造を解明した結果、雑種集団は 1 個体を除きすべて F1 であることが明らかになった。本研究では、この F1 だけで構成される集団の形成と維持の機構を明らかにすることを目的とし、本種の侵略性について考察した。

第 1 章においては、普通型と早生型を識別可能な葉緑体 DNA マーカーおよび核 DNA マーカーの探索と開発を行った。日本各地から採集した 33 系統について既存の 8 セットのプライマーを用いて PCR を行い、その PCR 産物の塩基配列を決定することで、葉緑体 DNA の変異を探索した。葉緑体 DNA 5387 bp の塩基配列を決定した結果、合計 14 ハプロタイプが検出された。普通型および早生型の葉緑体 DNA ハプロタイプは少なくとも 3 塩基異なっており、遺伝的に明瞭に分化していた。ここで明らかになった 3 SNPs は雑種の種子親を推定するのに有効なマーカーになると考えられた。次に、22 系統の早生型から RNA を抽出し、それらを混合し、RNA-Seq 解析を行い、107 プライマーセットを新規に設計した。普通型と早生型の合計 8 系統についてこの新規プライマーセットを用いて PCR を行った。その PCR 産物の塩基配列を決定した結果、波形ノイズのない 57 塩基配列が得られた。この塩基配列から SNPs を含む 10 塩基配列を選択し、さらにそれらに加えて *ppc-C4* 遺伝子および ITS 領域をそれぞれ増幅するプライマーセットを新規に開発し、第 2 章の集団遺伝構造の解析に利用した。

第 2 章においては、1980 年代から 2010 年代に日本各地から採集した 223 系統について、第 1 章で開発した 12 プライマーセットを用いて PCR を行い、PCR 産物について塩基配列を決定した。核 DNA 4451 bp から 53 SNPs が検出された。この SNPs をもとに遺伝子型を決定し、STRUCTURE 解析を行った。その結果、普通型と早生型は遺伝的に明瞭に分化していた。また、両生態型間の雑種と推定される個体が東北地方を中心に両生態型よりも多数検出された。NEWHYBRIDS 解析によって雑種世代を明らかにした結果、これらの雑種は 1 個体を除きすべて F1 と推定された。この結果は、30 年以上 F1 と両親が生殖的に隔離されていることを示唆しているため、次に F1 の出穂期と種子繁殖の有無を調査した。雑種形成地 70 集団における調査では普通型および早生型は 4~7 月に出穂していた一方で、F1 は 9~12 月に出穂していた。この F1 における両生態型からの出穂期の大幅なずれによって戻し交雑が生じないと考えられた。雑種形成地での F1 228 穂の結実率は平均 0.12%であった。わずかに生産され

た種子も、冬季にほとんど発芽できなかった。F1 の低い結実率と低温による種子の極めて低い発芽率のために、F2 が定着できないと考えられた。

第3章においては、東北地方の121地点において、普通型、早生型およびF1の生育地の土壤水分環境を明らかにした。その結果、早生型と普通型が生育していない乾燥した砂地や湛水休耕田にF1が生育しており、F1は両生態型と比較してより幅広い土壤水分環境に生育していた。普通型および早生型のそれぞれの生育地の水分環境を模した非湛水条件および湛水条件のもとで、普通型10系統、早生型11系統、F115系統を2016年6月から2017年11月まで栽培し、分株数と乾物生産量を明らかにした。その結果、F1は両水分条件のもとで両生態型と同等かそれ以上の分株数あるいは乾物生産量を示した。この特性によって東北地方において両生態型よりも多数のF1が生育していると考えられた。湛水ストレスへの適応的応答として根茎の通気組織の大きさを明らかにした結果、F1は非湛水条件では普通型に、湛水条件では早生型に近い応答を示した。根茎の通気組織にみられる大きな表現型可塑性が、F1の幅広い環境での生育を可能にしていると考えられた。

第4章においては、普通型および早生型の気候に対する応答を明らかにするため、宮崎市、京都市および秋田県大潟村で相互移植実験を行った。普通型10系統および早生型11系統を各栽培地で2016年6月から2017年11月まで栽培し、乾物生産量を明らかにした。その結果、宮崎市および京都市では、早生型よりも普通型の方が大きな乾物生産量を示した。一方、秋田では普通型と早生型の間に乾物生産量の差はなかった。この結果から、東北地方では普通型と早生型の間に適応度に差がないために住み分けが不明瞭になり、その結果、両生態型の分布が重複し、生態型間の雑種形成の機会を増加させていると推定された。

総合考察においては、これまで明らかになった結果をもとに日本におけるチガヤの集団遺伝構造の成り立ちおよび雑種形成について、未解明な部分や分子基盤の解明における展望と課題とともに総合的に議論し、また、チガヤの侵略性に関して応用的な側面からも考察した。チガヤにおけるF1だけで構成される集団は、F1の秋への大幅な出穂期シフトによってもたらされていることが明らかになった。さらに、F1は両生態型を上回る表現型可塑性を示すため、幅広い土壤水分環境で両生態型以上の適応度を示すことが示唆された。東北地方では、両生態型の分布の重複によって多数のF1が生じ、土壤水分条件に対する幅広い表現型可塑性と高い適応度によってF1が定着しており、またF1は種子繁殖することなく、根茎による栄養繁殖によって30年以上維持されてきたと考えられた。F1の出穂期シフトによる両生態型との生殖隔離は雑種の種分化を促進し、F1の大きな表現型可塑性は幅広い環境への適応をもたらすため、新たな生育地に侵入し、さらなる雑草問題を引き起こす可能性がある。