

2007年3月14～17日

# 日本植物分類学会第6回大会 研究発表要旨集

PROCEEDINGS OF THE 6TH ANNUAL MEETING OF THE  
JAPANESE SOCIETY FOR PLANT SYSTEMATICS  
Niigata, 2007



*Camellia japonica* L.  
var. *decumbens* Sugimoto

画：小旗まゆみ（新潟市在住）

日本植物分類学会  
The Japanese Society for Plant Systematics  
新潟大学

# 日本植物分類学会第6回大会研究発表要旨集

## 目次

大会案内・会場案内	2
交通案内	3
大会プログラム	5
公開シンポジウム	10
日本植物分類学会賞等受賞記念講演	16
口頭発表要旨	20
ポスター発表	51
大会参加者名簿	105

### 表紙の図

ユキツバキ *Camellia japonica* L. var. *decumbens* Sugimoto

日本海側に広く分布している。春先に、雪解けとともに花をつける、積雪環境に適応した植物である。新潟市在住の小旗まゆみさんの絵です。

## 大会案内

日本植物分類学会第6回大会に参加するためには、参加費が必要です。

大会参加費は、一般 5000円、学生 3000円です。

大会参加費には、要旨集の代金も含まれています。）

要旨集のみの別売価格は1,000円です。

1日だけ参加する場合は、参加費は一般2000円、学生1000円です。

1日参加費には、要旨集が含まれていません。

有壬会館の館内では、喫茶店以外の館内での飲食はできないことになっております。そのために、休憩室でのコーヒー、お茶のサービスをすることはできませんので、あしからず、ご了解ください。

有壬会館内には、喫茶店が入っていますので、ここを利用してもらうことはできますが、それ以外の館内では飲食ができないことになっています。

そのために、1階の休憩室での、お茶、コーヒーのセルフサービスはできないという こと で、ご了解 願 い します。ご参加の皆さんが、各自でお茶や水のペットボトルをお持ちになることはかまわないです。

お昼休みは、少し、長めにとってあります。有壬会館をでて、北側の道を降りていけば、途中で食事のできる場所もあります。三越のある古町まで10分も歩けば着きます。食事は、古町近辺のレストランでとっていただくか、有壬会館内の喫茶室または医学部内の食堂でとっていただくこととなります。

建物の外の戸外で食事するスペースがありませんので、大会会場へコンビニなどのお弁当を持参することは避けていただきますようお願いいたします。

1. 講演会場は、有壬会館2階です。一般講演の発表時間は、質疑討論時間を含めて15分です。終了時間の3分前に1鈴、終了時に2鈴を鳴らします。時間厳守でお願いします。

2. 一般講演では、液晶プロジェクターに接続するパソコンまたはOHPを発表者自身で操作してください。

3. ポスター会場は、有壬会館2階ロビーで行います。ポスターは、3月15日の8:30～12:00の間に貼ってください。貼り付けには、大会本部で用意する画鋏を使用してください。撤去は3月17日の16:00までをお願いします。

4. ポスター講演の集中討議は、特にグループ分けをしていませんので、ポスター発表の時間に各自でお願いします。

5. 懇親会は、3月16日18:00～21:00にホテルイタリア軒3階で開催します。当日

参加費は、6,000 円（学生）および 8000 円（一般）です。

6. 名札は、大会参加および懇親会場の入場に必要です。大会終了時には名札ケースを大会受付にお返しください。

7. クロークは、有壬会館 1 階の入り口の左側に用意してあります。荷物の受け取りは、3 月 15 日と 16 日は 17:00 まで、3 月 17 日は 16:30 までをお願いします。

8. 休憩室は、有壬会館 1 階にあります。ただし、休憩室では、飲食はできません。

### 会場案内

大会受付 有壬会館 1 階ロビー  
講演会場（一般講演、学会賞受賞記念講演、公開シンポジウム）・総会 有壬会館 2 階  
ポスター会場 有壬会館 2 階ロビー  
休憩室 有壬会館 1 階会議室 ロビー  
クローク 有壬会館 1 階  
懇親会場 ホテルイタリア軒  
大会本部 有壬会館 1 階会議室（休憩室と兼用）

### 交通案内

新潟駅万代口（北側）を出ると、左側にバスの発着所があります。系統 11 または 7 に乗車して、市役所前で下車し、医学部を左側に見ながら、坂道を少し上っていきますと、右側に有壬会館（新潟大学医学部学士会）の建物があります。（最近、医学部前の道路が拡張されており、下記の地図と少し異なっていますので、ご注意ください）



新潟大学医学部学士会有壬記念館  
〒951-8510 新潟市旭町通 1-757  
Tel 025-227-2037

## アクセス方法：

新潟駅万代口より新潟交通バスで約15分

### 新潟駅バスターミナルより：

系統11番 新潟駅－市役所－信濃町－青山－西部営業所 行

系統11A番 新潟駅－市役所－信濃町－浜浦町－新潟駅（信濃町先回り新潟駅）行

系統7番 新潟駅－市役所－県庁前で、

のいずれからのバスに乗り、「市役所前」下車。徒歩5分

### 高速バスより：

高速バス「市役所前」下車。徒歩3分

### 新潟空港より

空港からバスで新潟駅まで乗り、バスターミナルで、上記のバスに乗り、市役所前まで下車

新潟駅または新潟空港からタクシーを利用して市内に入るのも便利です。

徒歩ですと、新潟駅から25分くらいです。

## 編集委員会 評議委員会 懇親会の会場(ホテルイタリア軒)

右図を参考にしてください。

有壬会館からイタリア軒までは、徒歩で10～15分ですので、懇親会会場へは、有壬会館から、送迎のバスなどは用意いたしませんので、皆さん、徒歩をお願いします。



## 駐車場について

大会会場には、駐車できるスペースはありません。そのために、お車での有壬会館へのお越しは避けていただきますようお願いいたします。どうしても、車をご利用する参加者は、市内の有料駐車場を使用させていただくことになります。

日本植物分類学会  
第6回大会(新潟)  
プログラム



3月14日(水)

編集委員会 14時~16時, 於 ホテルイタリア軒  
評議委員会 16時~19時, 於 ホテルイタリア軒

3月15日(木)

受付 8:30~

一般講演 ○印は、発表賞エントリーの発表です。

- 9:30 ○ L-01 大槻涼\* (首都大 牧野標本館) 篠原渉 (京都大 理 植物) 鈴木武 (兵庫県立博) 村上哲明 (首都大 牧野標本館) **無配生殖をするヤブソテツ類の分子分類**  
~ 9:45
- 9:45 ○ L-02 長本三鈴\*、林蘇娟 (島根大・生物資源・生物科学)  
~10:00 **日本産イノデ属シダ植物の2倍体種と4倍体種の類縁関係**
- 10:00 ○ L-03 齊藤 由紀子\* (東農工大・院・連合農)、Domingo A. Madulid (Philippine National Museum)、Ching-I Peng (Academia Sinica, Taipei)、岩科 司 (科博・筑波実験植物園) 國府方 吾郎 (科博・筑波実験植物園) **フィリピン産 *Disporum luzoniense* (広義ユリ科) の分類学的再検討**  
~10:15
- 10:15 ○ L-04 笹村 和幸\*・大井-東馬 哲雄・邑田 仁 (東大・院・理・植物園)  
~10:30 **日本産テンナンショウ属ヒロハテンナンショウ群の染色体変化と遺伝的変異**
- 10:30  
~10:45 休み
- 10:45 ○ L-05 福田知子\*、永益英敏 (京都大・理・植物、博物館) ***Skimmia japonica* の植物地理**  
11:00
- 11:00 ○ L-06 中村剛\* (琉球大学・院・理工)、傳田哲郎 (琉球大・理・海洋自然)、横田昌嗣 (琉球大・理・海洋自然) **サツマイナモリ *Ophiorrhiza japonica* Bl. (アカネ科) の四倍体変種における二型花柱性の崩壊**  
~11:15
- 11:15 ○ L-07 池田啓 (京都大・院・人環)、仙仁径 (首都大・牧野)、藤井紀之 (首都大・牧野)、瀬戸口浩彰 (京都大・院・人環) **日本列島における周極-高山植物 (イワウメ) の遺伝的分化と地理的構造**  
~11:30
- 11:30 ○ L-08 高島 路久\* (東大・院・理・植物園) 堤千絵 (東大・院・理・生物科学)、遊川知久 (科博・筑波植物園)、邑田仁 (東京大・院・理・植物園) **日本産クモキリソウ属クモキリソウ群の分類学的再検討**  
~11:45
- 11:45 ○ L-09 平尾知士\* (秋田県立大・院) 渡辺敦史 (林木育種) 高田克彦 (秋田県立大学・院) **ヒノキ科ネズミサシ属の系統関係**  
~12:00
- 12:00  
~13:15 昼休み
- 13:15 ○ L-10 仲田崇志\* (東京大・理・生物)・Lothar Krienitz (Institute of Freshwater Ecology and Inland Fisheries)・野崎久義 (東京大・理・生物)・Thomas Pröschold (CCAP・Dunstaffnage Marine Laboratory) **18S リボソーム RNA と *rbcL* 遺伝子に基づく分子系統解析と、微細構造に基づくヤリミドリ属 (*Chlorogonium*) の分割**  
~13:30
- 13:30 ○ L-11 湯川翔平\*・松本みどり・朝川毅守 (千葉大・理) **北海道白亜系蝦夷層群から産出したミズキ目の果実の鈹化石**  
~13:45
- 13:45 ○ L-12 瀬尾明弘\* (地球環境研) 村上哲明 (首都大)、湯本貴和 (地球環境研) 日

~14:00                    **本列島における植生の成立過程の解明のための地理情報システムの構築**  
 14:00    ○ L-13    小川睦美\*・瀬戸口浩彰（京大・院・人間・環境）    **琵琶湖に分布する海浜植**  
 ~14:15                    **物：ハマヒルガオの系統地理**

14:15~14:30    休み

14:30~15:00    ポスターセッション

15:00                L-14                桝崎 浩亮\*<sup>(1)</sup> 古木 達郎<sup>(2)</sup> 嶋村 正樹<sup>(1)</sup> 坪田 博美<sup>(1)</sup> 山口 富美  
 ~15:15                夫<sup>(1)</sup> 出口博則<sup>(1)</sup> (1)広島大・院・生物科学、(2)千葉中央博 **苔類**  
                          **Aneura 属の分類・系統学的研究**

15:15                L-15                海老原 淳\*(科博・植物), Fred J. Rumsey (The Natural History Museum,  
 ~15:30                UK), Donald R. Farrar (Iowa State University), 伊藤元己(東大・  
                          院・総合文化・広域)    **地球規模でのハイホラゴケ群の種形成**

15:30                L-16                白崎仁(新潟薬大・生物) **蘚類ミヤマイクビゴケとイクビゴケの分布**  
 ~15:45                **と環境要因**

15:45                L-17                有川智己(慶応大・生物)\*・坪田博美(広島大・宮島自然植物実験所)・  
 ~16:00                出口博則(広島大・院・理・生物科学)・西村直樹(岡山理大・自然植  
                          物園)・樋口正信(国立科博・植物)    **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**

16:00                休み  
 ~16:15

16:15                L-18                野崎久義(東大・理・生物)    **群体性ボルボックス目の性特異的遺伝**  
 ~16:30                **子**

16:30                L-19                西田佐知子\*・(名大 博)、松村俊一(琉球大 教育)、吉田智弘(名  
 ~16:45                大 農)、西田隆義(京大 農)    **季節・場所で変わるサンゴジュのダ**  
                          **ニ室動物相**

16:45                L-20                瀬古夕介・高松 進\*(三重大院生資)    **分子マーカーによって識別さ**  
 ~17:00                **れる2種ライラック類うどんこ病菌のヨーロッパへの侵入**

### 3月16日(金)

9:30                L-21                中藤成実(東大和市)\*・益山樹生(東京女子大・文理) **3倍体の役**  
 ~9:45                **割—ゲジゲジシダを例にして**

9:45                L-22                松本 定\*(科博・植物園)・海老原 淳(科博・植物) **ヤブソテツ属**  
 ~10:00                **無融合性複合体のゲノム構成**

10:00                L-23                上原浩一(千葉大・園芸・植物構造)\*、杉本茂雄(千葉大・自然科学)、  
 ~10:15                浜田朗子(東京大・総合文化)、伊藤元己(東京大・総合文化) **シダ**  
                          **植物の葉形制御遺伝子の単離と発現解析—大葉の多系統性に関する一**  
                          **考察**

10:15                L-24                林蘇娟\*、後藤彩、水野翼(島根大学生物資源科学部・生物科学)    **島**  
 ~10:30                **根県産のベニシダ類有性生殖種と無融合生殖種の多型について**

10:30~  
 10:45                やすみ

10:45                L-25                山田敏弘\*(金沢大・院・自然科学), Julien Bernard Legrand(東  
 ~11:00                大・院・生物), 西田治文(中央大・理工・地学生物) **下部白亜系有**  
                          **田層から産出する鉱石化石群集の特徴**

11:00                L-26                岩崎貴也(京大・理・植物)・瀬尾明弘(地球研)・村上哲明\*(首都  
 ~11:15                大・牧野標本館) **タゲ原および坊ガツル湿原(大分県九重)周辺に生**  
                          **育する植物種の遺伝的特異性**

11:15                L-27                尾関雅章・大塚孝一\*(長野県環境保全研究所) **タゲスミレの個体群構**  
 ~11:30                **造及び生育環境**

11:30 ~11:45	L-28	國府方 吾郎 <sup>*1</sup> 、横田 昌嗣 <sup>2</sup> ( <sup>1</sup> 科博 筑波実験植物園、 <sup>2</sup> 琉大 理 海洋自然) <b>琉球列島産ヒメシヨウジョウバカマの外部形態種内変異</b>
11:45 ~12:00	L-29	門田裕一* (科博) <b>日本産アザミ属の分類学的研究7. 東北日本・日本海側沿海山地のアザミ</b>

12:00~13:15 昼やすみ

13:15~14:00 ポスター

14:00~15:30 総会 学会賞授与式

#### 受賞講演

15:40 ~16:10	A-1	矢原 徹一 (九大・理・生物) <b>日本植物分類学会賞受賞講演: 植物分類学者の新しい活躍場所を求めて</b>
16:10 ~16:25	A-2	坪田博美*・広島大・院・理・宮島自然植物実験所 <b>奨励賞受賞講演: コケ植物の分子系統学的研究の現状</b>
16:25 ~16:40	A-3	米倉浩司* (東北大・植物園) <b>奨励賞受賞講演: 植物学名データベースから見えてくるもの - 日本産植物の名前に関わる近年の問題</b>
16:40 ~16:55	A-4	藤井紀行* (首都大・牧野), <b>奨励賞受賞講演: 日本産高山植物における本州中部地域の系統地理学的重要性</b>

#### 懇親会 18:30~ (イタリア軒)

##### 3月17日 (土)

9:30 ~9:45	L-30	渡邊幹男*・山本真梨子・石原和代・石川恭子 (愛知教育大・生物)・櫛田敏宏 (愛知県総合教育センター)・伊東 明 (大阪市大・院)・芹沢俊介 (愛知教育大・生物) <b>雑種性タンポポの遺伝的多様性</b>
9:45 ~10:00	L-31	三井裕樹* (京大・院・人間・環境)、瀬戸口浩彰 (京大・院・人間・環境) <b>琉球列島における <i>Ainsliaea</i> 近縁種の系統地理学的研究</b>
10:00 ~10:15	L-32	山田孝幸* (東北大・院・生命)・兒玉公成 (東北大・理・生物)・柏木丈弘 (高知大・農)・沢村正義 (高知大・農)・牧雅之 (東北大・院・生命) <b>島嶼環境が植物の種分化に与えた影響ー伊豆諸島固有種ニオイウツギにおける各種形質・遺伝的多型解析からの考察ー</b>
10:15 ~10:30	L-33	徳岡 徹* (京大・人環) <b>スミレ科の分子系統</b>
10:30 ~10:45		休み
10:45 ~11:00	L-34	星野卓二*・正木智美 (岡山理大・総情・生地)・Marcia J. Waterway (McGill Univ. Canada) <b>日本産スゲ属植物の分子系統学的解析と亜属の分類</b>
11:00 ~11:15	L-35	山下 純 (岡山大・資生研) <b>日本産スゲ属 (カヤツリグサ科) の分子系統</b>
11:15 ~11:30	L-36	門川 朋樹*、戸部 博 (京大院・理・植物) <b>ザゼンソウ属とミズバショウ属 (サトイモ科) の胚珠の発生と構造の比較研究</b>
11:30 ~11:45	L-37	邑田 仁*、田中伸幸、邑田裕子、武 素功、大井 (東馬) 哲雄 (東京大・理・植物園) <b>リュウキュウハンゲ属 (サトイモ科) の分子系統と新知見</b>
11:45 ~12:00	L-38	田村 実* (大阪市大・院・理・植物園), Conny B. Asmussen (Dep. Ecol, Royal Veterin. Agr. Univ., Denmark), 山下 純 (岡山大・資生研), 布施静香 (兵庫県博), Mark W. Chase (Royal Botanic Gardens, Kew) <b>単子葉植物の <i>matK</i> 遺伝子による大規模分子系統樹</b>
12:00	L-39	神原大輔*・高橋正道 (新潟大・理・自然環境) <b>福島県広野町双葉</b>



~12:15

層群（コニアシアン；後期白亜紀）から発見された3数性の微小な花化石

## ポスター発表

○印はポスター賞エントリーの発表です。

- P-01 島田紗季\* (大阪府大・総合科学)、副島頸子 (大阪府大・理・生物)、西野貴子 (大阪府大 理 生物) **溪流沿い絶滅危惧植物ホソバノギク集団における遺伝的解析**
- P-02 中川 さやか\* (高知大・理・自然環境)・藤川 和美 (牧野植物園) **高知県におけるシオギクの分布と形態の変異性**
- P-03 保谷彰彦\*、芝池博幸、楠本良延、山本勝利 (農環研) **島嶼における雑種性タンポポの形成と侵入-島根県隠岐郡隠岐の島町の事例-**
- P-04 脇田悟寿\* (千葉大・院・自然)、高山浩司 (千葉大・理・生物)、立石庸一 (琉球大・教育・理科)、梶田忠 (千葉大・理・生物) **汎熱帯海流散布植物グンバイヒルガオの全球的遺伝子流動と、分布域内に存在する3つの障壁**
- P-05 金子剛\*・早坂崇・根本智行 (石巻専修大・理工・基礎理)・佐々木豊 (石巻市) **モクゲンジ (ムクロジ科) における花の雌雄性と開花習性の検討**
- P-06 矢野興一\*・星野卓二 (岡山理大・院・数理環境) **葉緑体 DNA によるヒメカンスゲ (*Carex conica* Boott) 種内異数体の地理的変異**
- P-07 伊藤睦美\*・根本智行 (石巻専修大・理工・基礎理) **ケハギ (マメ科) の特異な種子形態と関連する種皮組織構造および機能の解析**
- P-08 佐藤広行\* (北大・院・農) 高橋英樹 (北大総合博物館) **イネ科チシマガリヤスの分類**
- P-09 中川昌人\*、木本行俊、高相徳志郎 (地球研・西表プロジェクト) **ウミシヨウブにおける雄花の発生過程と月周リズムの関係**
- P-10 平原 友紀\*・星野 卓二 (岡山理大・院・数理環境) **絶滅危惧種ビャッコイ (*Isolepis crassiuscula* Hook. f.) の染色体と葉緑体遺伝子の分析**
- P-11 柿嶋 聡\*・大井-東馬 哲雄・邑田 仁 (東大・院・理・植物園) **伊豆半島におけるホソバテンナンショウとイズテンナンショウの交雑現象の解析**
- P-12 高橋直子\*、井上章子、今市涼子 (日女大・理・物生) **シダ植物ウラジロ科配偶体の形態形成**
- P-13 豊田誠\* (徳島大・院・人間・自然環境)・山城考 (徳島大・総合科学・自然システム)・牧雅之 (東北大・院・生命) **ITS 領域を用いた、アキチョウジの交雑現象についての解析**
- P-14 岩崎貴也\* (京大・理・植物)、青木京子 (京大・人環)、瀬尾明弘 (地球研)、村上哲明 (首都大・牧野標本館) **日本に分布する温帯林の分子植物地理学的研究**
- P-15 須山知香\*・植田邦彦 (金沢大院・自然科学) **マツムシソウ科の系統と起源地の謎**
- P-16 藤田卓 (九大) \*・小川誠 (徳島県博)・勝山輝男 (神奈川県博)・角野康郎 (神戸大)・川窪伸光 (岐阜大)・芹沢俊介 (愛教大)・高橋英樹 (北大)・高宮正之 (熊本大)・藤井伸二 (人間環境大)・松田裕之・宗田一男 (横国大)・横田昌嗣 (琉大)・米倉浩司 (東北大)・矢原徹一 (九大) **日本の絶滅危惧植物のリスク評価 ー環境省版レッドリスト見直し調査報告ー**
- P-17 白水貴\*・廣瀬 大徳増征二 (筑波大) **担子菌門アカキクラゲ目菌類の系統と樹種選択性**
- P-18 広瀬大\*・徳増征二 (筑波大・院・生命環境) **五葉性マツ類と共生する外生菌根菌ベニハナイグチの生物地理学**
- P-19 嶋村正樹\*・麻生佳孝・出口博則 (広島大・理・生物) **イシヅチゴケ胞子体の形態学的研究**
- P-20 山田敏寛\*<sup>1</sup>、宮地和幸<sup>2</sup>、野崎久義<sup>1</sup> (東京大・理・生物) **群体性ボルボックス目 *Eudorina unicocca* および類似種に関する分類学的研究**

- P-21 田村 茉莉子\*, 高山 浩司<sup>1</sup>, 立石 庸一<sup>2</sup>, 梶田 忠<sup>1</sup> (<sup>1</sup>千葉大・理・生物、<sup>2</sup>琉大・教育・理科) **マングローブ植物 *Rhizophora mangle* (ヒルギ科) の葉緑体 DNA の地理的変異**
- P-22 宮脇博巳\*(佐賀大・文化教育), 山口富美夫(広島大・院・理・生物科学), 清水英幸(国立環境研究所), H. Simbolon (Herbarium Bogoriense, Botanical Division, Research Center for Biology, LIPI, Bogor, Indonesia), 鈴木英治(鹿児島大・理・地球環境科学) **インドネシア、東カリマンタンで発見された地衣類数種の分布**
- P-23 大村嘉人\*(国環研)・河地正伸(国環研)・笠井文絵(国環研)・相原敬次(神奈川県環境科学センター)・武田麻由子(神奈川県環境科学センター)・埜田宏(森林総研) **神奈川県におけるウメノキゴケ遺伝子型の分布パターン**
- P-24 小泉都\*(京大A A) **東カリマンタンのブナン・ブナルイのサゴヤシについての知識と利用**
- P-25 濱田 真成\*・高橋 弘(岐大・教育) **岐阜県東濃地方のフロラ**
- P-26 大悟法滋\*・五百川裕(上越教育大・総合学習 上越教育大・自然) **日本, 琉球, および台湾産イノゲ属画像データベースの作成**
- P-27 高橋一臣(富山植物園) **中部地方におけるチマキザサ・ミヤコザサ・アマギザサ節植物の形態の比較**
- P-28 高山浩司\*・千葉大・理・生物、立石庸一・(琉大・教育・理科)・梶田忠(千葉大・理・生物) **GBSSI (*waxy*) 相同遺伝子を用いた汎熱帯海流散布植物オオハマボウの分子系統地理**
- P-29 高野温子\*・布施静香・橋本佳延・三橋弘宗・坂田宏志(兵庫県博) **「六甲山のブナはどこから来たか? 兵庫県のブナ (*Fagus crenata*) の遺伝型解析」**
- P-30 兒玉公成\*(東北大・理・生物)・山田孝幸(東北大・院・生命)・牧雅之(東北大・院・生命)
- P-31 高橋康紘\*(東北大・院・生命)・牧雅之(東北大・院・生命) **ユリ科キバナノホトトギス節4種のマイクロサテライト DNA 変異**
- P-32 牧雅之\*(東北大・院・生命) **ユリ科シライトソウ属における分子系統学的解析**
- P-33 Bayu Adjie\*・綿野泰行(千葉・大・理) **Possible interlocus recombination event of the LFY2 gene in *Ceratopteris thalictroides***
- P-34 Mohammad Vatanparast\*(千葉大・院・自然)・Shahrokh Kazempour Osaloo (Tarbiat Modares Univ., Tehran, Iran) **Cladistic analysis of *Trifolium* (Fabaceae) species in Iran**
- P-35 田中伸幸\*(牧野植物園)、遊川知久(科博・筑波実験植物園)、藤川和美(牧野植物園)、東馬(大井) 哲雄(東京大・院・理・植物園)、邑田仁(東京大・院・理・植物園)、小山鐵夫(牧野植物園) **ミャンマーの植物多様性研究**
- P-36 石川直子\*(基生研)・横山潤(東北大・院・理)・塚谷裕一(東京大・理・院) ***Plantago* 亜属の分子系統分類**
- P-37 佐藤桐子\*(高知女大・院・人間生活)、荻沼一男(高知女大・生活科学)、百原新(千葉大・園芸・緑地環境)、遊川知久(国立科博・筑波実験植物園)、瀬戸口浩彰(京大・院・人間・環境)
- P-38 平野阿矢\*・副島顕子・西野貴子(大阪府立大・理) **形態および DNA を用いたムラサキシキブ *Callicarpa japonica* の分類学再検討**
- P-39 菅原 敬\*(首都大・牧野)・谷脇香織(都立大・理・生物) **鈴鹿山地藤原岳周辺に産するカンアオイ属の一新種**
- P-40 堀江佐知子\*(東北大・院・理学)・鈴木和雄(徳島大・総合科学)・牧雅之(東北大・院・生命)
- P-41 多田史人\*(東北大・院・生命)・佐藤友香(福井市自然史博)・山城考(徳島大・総合科学)・牧雅之(東北大・院・生命) **イヨカズラとフナバラソウ (*ガガイモ科*)**

- の交雑集団における形態学的解析 2. 福井の集団における解析
- P-42 鶴谷 保\*・五百川裕・大悟法滋 (上越教育大・理科) 日本産ユズリハの分類と分布
- P-43 藤井紀行\* (首都大・牧野), 植田邦彦 (金沢大・院・自然科学), 綿野泰行 (千葉大・理) 本州中部産ヨツパシオガマの分類学的再検討
- P-44 志賀 隆\* (大阪自然史)・井鷲裕司 (京都大・農)・角野康郎 (神戸大・理) 水生植物コウホネ (スイレン科) の系統地理および形態的変異
- P-45 藤川和美\*・小山博滋 (牧野植物園・国立科学博物館名誉研究員) ミャンマー産キク科植物に関する知見

## 一般公開シンポジウム

「新生代の地球環境変遷と地域フロラの分化プロセス」  
シンポジウム世話人 高橋正道 西田治文

3月17日(土) 午後1時30分～4時00分  
新潟大学医学部有壬会館2階会議室

- S-1 齊藤 毅 (名城大・理工)  
「日本の新第三紀花粉化石群集と地球環境変遷」
- S-2 百原 新 (千葉大・園芸)  
「第三紀末から第四紀の日本列島の島嶼化と日本固有植物の分化プロセス」
- S-3 Jeong Eun-Kyoung\*, Kyungsik Kim (Chonbuk National Univ.) and Mitsuo Suzuki (Tohoku Univ.)  
「The homogeneity and differentiation of Miocene fossil wood flora in Korea and Japan」
- S-4 寺田 和雄 (福井県恐竜博)  
「南米パタゴニアの第三紀植物化石からみた気候と植生の変遷」
- S-5 西田 治文 (中央大・理工)  
「チリ南部パタゴニアにおける暁新世鉍化植物化石群の発見とその意義」
- S-6 総合討論

齊藤 毅 (名城大学理工学部環境創造学科) \*

Takeshi Saito

約2300万年から180万年前を新第三紀という。地球の気候は1400万年前ころと300～250万年前ころに急激に寒冷化し、その後第四紀の氷期－間氷期変動の時代に入る。このような気候変動の中、日本列島は大陸から分離し現在の形となった。また、チベット・ヒマラヤ山塊の隆起に伴うアジアモンスーンの発生・強化も起こった。本講演では山野井 (1998, 花粉帯NP-1～6) にまとめられたデータに筆者らのデータと最近の知見を加えて、新第三紀における日本の花粉化石群集と地球環境変遷を概観する。

前期中新世前半 (約2300万年前～1850万年前, NP-1帯) : 日本列島は大陸から離れ、日本海の原型ができはじめた。花粉化石群集はブナ属, カリヤクルミ属 (*Carya*) などのクルミ科, クマシデ属などのカバノキ科が優占する。常緑広葉樹をほとんど含まない冷温帯的な古気候が推定される。

前期中新世後半～中期中新世中頃 (約1850万年前～1300万年前, NP-2帯) : 日本列島は海に囲まれ、海洋性の気候に支配される。中新世の最温暖期 (Miocene Climatic Optimum, 1700万年前～1500万年前) を含む時代である。花粉化石群集は常緑カシ類, フウ属 (*Liquidambar*), カリヤグルミ属などが優占する。約1600万年前にはマングローブ花粉化石も産出し、亜熱帯気候が推定される。

中期中新世中頃～後期中新世 (約1300万年前～650万年前, NP-3帯) : 約1400万年前に世界的な寒冷化が始まり南極氷床が安定化した。この寒冷化の影響を受け、花粉化石群集は常緑カシ類やフウ属の産出率が減少し、ブナ属やスギ科が増加した。古気候は暖温帯的であった。アジアモンスーンの強化が約800万年前から始まり、日本では季節変動が大きくなったことが予想される。また、古対馬海峡が約1000万年前から閉じ、日本海側には暖流が流れ込まなくなった。

後期中新世～中期鮮新世 (約650万年前～300万?年前, NP-4帯) : 花粉化石群集は常緑カシ類, カリヤクルミ属, フウ属の産出率が急激に減少し、ブナ属が優占するようになる。メッシニアン期の世界的な寒冷化と季節変動の増大によるものと考えられる。後半になると鮮新世前期の世界的な温暖化に伴い暖温帯性のマツ科カタヤ属 (*Cathaya*) の産出率が高くなる (NP-4b帯)。

中期鮮新世～後期鮮新世 (約300万?年～180万年前, NP-5帯および6帯) : 氷期－間氷期変動が始まり、北極圏にも氷床が誕生する。気候変動にともない海水準変動をくりかえし、温暖期には対馬暖流も再び流入する。花粉化石群集は、スギ科やカタヤ属の産出率が大きく変動を始める。

## S-2 第三紀末から第四紀の日本列島の島嶼化と日本固有植物の分化プロセス

百原 新 (千葉大学園芸学部) \*

Arata Momohara

日本列島周辺の海洋ボーリングや海産生物化石、哺乳類化石の研究からは、第三紀中新世後半以降、アジア大陸の半島だった日本が、後期鮮新世の約 300 万年前に東シナ海と日本海がつながって島になり、それ以降は、約 120 万年前、約 50 万年前、約 30 万年前の 3 回しか大陸と陸続きにならなかったと考えられている。約 300 万年前には北半球に大陸氷河が発達し始め、第四紀 (約 260 万年前～) の後半へと、氷期-間氷期の気候変化が激しくなっていく。中部日本にはこの時代に厚く堆積した堆積物が広く分布し、火山灰等によって地層の詳しい編年・地域比較が可能である。そこには保存状態のいい種子や果実などの植物化石が豊富に含まれている。気候や地形の変化と対応させながら、現在の日本に固有の植生や植物がどのように形成されていったかを追跡してみる。

前期鮮新世までの中部日本には、メタセコイアやアブラスギ属 *Keteleeria*、イヌカラマツ属 *Pseudolarix*、フウ属 *Liquidambar* といった、現在の中国中部に分布する植物が広く分布していたが、それらは、約 300~250 万年前や、約 120~80 万年前といった気候の寒冷・乾燥化が進んだとされる時代を境に見られなくなった。一方、スギやアスナロ、バラモミ類、ブナ、ウダイカンバといった現在の日本の冷温帯に分布する植物が化石群で目立つようになる。

ブナ属殻斗化石や、クルミ属の果実化石の形態を時代ごとに比較すると、それぞれ約 120 万年前を中心に中国中部の現生種に形態が類似する化石種から、日本とその周辺に固有植物や日本へと変化する。すなわち、*Fagus chenii* に近似のヒメブナ *Fagus microcarpa* からブナに、*Juglans cathayensis* に近似の深い皺や刺のあるオオバタグルミ *J. megacinerea* が小型で平滑なオニグルミへと変化する。同じ時代には *Cyclocarya* (クルミ科) も現生 *C. paliurus* に近似の大型で皺のある果実が、平滑で小型の果実へと変わる。

新潟県十日町市南部の魚沼丘陵の約 200~70 万年前の地層 (魚沼層群) で植物化石群の組成変化を調べると、これらの形態変化がおこる 120 万年前前後に、メタセコイア、シナサワグルミなどの日本からの絶滅種や、ヒメシャラやシロモジといった現在の太平洋側に分布が限られる植物が、この地域から消滅する。この時代以降、植物化石群の種組成が短期間で大きく変化することから、気候変化に伴う植生変化や植物の分布域の変化が激しくなったと考えられる。

### S-3 The homogeneity and differentiation of Miocene fossil wood flora in Korea and Japan

Jeong Eun-Kyoung, Kyungsik Kim (Chonbuk National University)  
and Mitsuo Suzuki (Tohoku University)

The northeast Asia, where Korea and Japan belong to, is a very interesting region for the study of plant evolution due to the presence of holdovers of the Tertiary. It is also known that the Japanese Archipelago was separated from the eastern Asia during the Tertiary. Because the Korean Peninsula is one of the closest areas of Japan Archipelago, it is likely that they formed common flora before the separation. After separation, the geological isolation caused the formation of extant unique flora for each area form through the independent evolutionary processes.

Our preliminary study indicated that most of fossil woods from the Miocene Janggi Formation of the Pohang Basin in Korea were almost same as the Japanese Miocene fossil woods reported previously. It is generally considered by many botanists in Korea and Japan that the extant floras of those two areas were basically established during the Miocene age, when the geographical movements to form Japan Sea (East Sea) had been started. The extant floras are fairly different in those two areas now. Therefore, it may be said that the study on fossils in that area will be essential to clarify the evolution and vegetation history of plant kingdom in the World.

It is well known fact that there are many well-developed Miocene sediments which produce well preserved plant fossils in Japan. In particular, fossil woods were produced abundantly from the so-called "Tertiary green tuff" which distributed along the western coast from Hokkaido to southern part of Honshu. Thus, in Japan, fossil woods have been studied from early 20<sup>th</sup>. However, the study of the fossil woods is still partially completed yet. In the case of Korean Peninsula, fossil wood study is just commenced. Because to clarify the fossil wood floras in Korea and compare it to those in Japan in detail will be quite useful for the further study on the origin and evolution of plants and floras in the Northeast Asia, quite extensive field surveys have been performed in some parts of both areas. Other expected results are to find out new fossil wood taxa from both areas, to gain information about the formation of Japan Sea (East Sea) and better understanding of paleo-environment and floral evolution during the Tertiary in Far-East Asia.

As a result of field surveys, 14 taxa of fossil woods were found from The Upper and Lower Coal Bearing Formation of Janggi Group in Pohang City, Korea and 25 from Yamagata Prefecture. The Korean fossil assemblage shares all genera with the Japanese flora. The differences were found only on the specific level between both areas. It was also found that fossil wood flora from the Lower Coal Bearing Formation is mainly consisted of **Aniai type** elements, such as Betulaceae, *Zelkova*. However **Daijima type** elements were found from the Upper Coal Bearing Formation, such as *Castanopsis*, *Cercidiphyllum*, *Camellia* and *Distylum*, with some conifers, such as *Picea* and *Taxodioxyton*. Thus, though they are separated by Japan (East) Sea at this point, it can be suggested that common flora was formed in both areas during the Miocene. The fossil wood data shows that climatic changes in Korean Peninsula during the Miocene are well coincided with climatic changes in Japan inferred by fossil leaves. In addition several new taxa were found from the Miocene sediments in Japan.

#### S-4 南米パタゴニアの第三紀植物化石からみた気候と植生の変遷

寺田 和雄 (福井県立恐竜博物館)

Kazuo Terada (Fukui Prefectural Dinosaur Museum)

南米大陸は、ジュラ紀中期に南半球に存在した巨大なゴンドワナ大陸が分裂したことによって形成された。ゴンドワナ大陸は、まずアフリカ-インドのブロックと南米-南極-オーストラリアのブロックとに大きく分裂し、更に、南米と南極-オーストラリアの部分が分裂し、第三紀始新世にはオーストラリアと南米と南極の間にある大陸棚が分裂した。これらの大陸の分裂によって海流が変化し、南極大陸を周る寒流が生まれた。この南極寒流によって気温が著しく下がり、最終的には南極に氷河氷床が形成され、さらに地球規模での寒冷化が進んだとされている。

日本人による南米南部での植物学的な研究は、1960年代後半から行われてきた。特に古植物学に関しては、西田誠や棚井敏雅らの先駆的な研究によって、さまざまな植物化石が記載された。その後、多くの研究者により、南米だけでなく南極やオーストラリアなどの古植物学的な研究が進み、ゴンドワナ起源の植物の系統関係や植物地理変遷などが議論できる時期にきた。

古植物相に関しても、近年の報告から、現在チリ海岸部に分布するバルディビアン雨緑林の構成要素が、南極半島および周辺諸島の白亜紀後期から始新世にすでに成立していたことが明らかになっている。さらに、科学研究費補助金 Nos. 14255007, 18405013 (研究代表者: 西田治文) による海外学術調査により、当時の南極の古植物相と極めて近似した古植物相が南米チリ南端の始新世からも見つかри、少なくとも始新世に南米パタゴニアにバルディビアン雨緑林の構成要素が生育していたことが明らかになりつつある。

本講演では、南米パタゴニアの植物化石群集と南極半島および周辺諸島産の植物化石群集との比較から、第三紀以降の気候の寒冷化に伴う植生の南極から南米への退避過程について議論する。

## S-5 チリ南部パタゴニアにおける暁新世鉱化植物化石群の発見とその意義

西田 治文 (中央大学・理工学部)

Harufumi Nishida (Faculty of Science, Chuo University)

約 6500 万年続いている新生代は、全地球史のわずか 1.5%にあたる長さではない。一方で、*Homo sapiens* の歴史を約 15 万年とすれば、その 400 倍以上の時間である。この間に起こった大陸の配置、海水準、大気と海洋の循環、惑星としてのエネルギー収支、地域的な地形や気候などの変化に伴って、生物も進化し、その時空分布を変えてきた。現在見られる多様な生物相とその地理分布の原型は、中生代後半の白亜紀までに出現した被子植物の多様化と分布拡大に伴って白亜紀の末までに成立してきたことが明らかになりつつある。新生代は、そのような原型が現在の様相にまで変化した時代である。

南半球の生物相の特徴は、旧ゴンドワナ大陸時代の共通した生物相の影響が残されていることで、チリ南部のパタゴニア地域では、南極を挟んで地理的連絡があったオセアニア地域との共通性が高い生物相がみられる。1980 年代から南極半島における植物化石研究が進展し、新生代前半における南極の寒冷化に伴う植生変遷が徐々に明らかになりつつある。一方で、アルゼンチンのパタゴニアでも同様の研究が進んでいる。また、化石植物の形態解析から、気温や降水量などの古環境を推定する研究も行われるようになり、南極半島と南米南部は、現在の生物相成立過程と地球環境との相関とを明らかにするための南半球におけるモデル地域の一つになりつつある。この意味で、チリ南部における新生代の植生変遷を明らかにすることは、南極半島とアルゼンチンでの研究を補間する上で重要である。

これまで、南米南部や南極半島では、葉の印象化石と材化石、花粉・胞子などが主な研究資料であった。2002 年から継続している科学研究費による現地調査(no. 14255007)によって、これまで知られていなかった鉱化化石をマゼラン海峡に近いリエスコ島で発見し、新たな保存形態の化石に基づく古植生復元への道が拓けた。鉱化化石には、他の保存形態では見られない、微小な菌類やコケ植物なども含まれるだけでなく、化石の解剖学的観察も可能であるため、従来この地域では得ることのできなかつた、多くの情報収集が可能となった。2007 年 1 月にはこのような鉱化化石発見に重きを置いた現地調査を行い(no. 18405013)、リエスコ島では暁新世だけでなく白亜紀後期の鉱化化石も発見した。パタゴニアにおける調査の様子も含めて、これまでの予察的な成果から、現在のマゼラン海峡周辺がかつてはより温暖な要素を含む、現在よりも多様性の高い植生に覆われていたことを紹介する。



日本植物分類学会賞受賞講演

## A-1 植物分類学者の新しい活躍場所を求めて

矢原 徹一 (九州大学大学院理学研究院生物科学部門)

Tetsukazu, YAHARA (Department of Biology, Faculty of Sciences, Kyushu University)

私が大学院に入学した1977年当時、分類学と言えば、生物学の中で「時代遅れ」の分野だと評価されていました。もちろん私には、この評価は大いに不満でした。そのため、その後の研究活動を通じて、私は生物学の中で新しいトレンドとなるような研究することに情熱を傾けてきました。「植物分類学者」の強みは、野外の植物が示す多様な面白い性質・現象を幅広く知っていることです。この「植物分類学者」の強みを生かし、集団遺伝学、分子生物学、生態学などにおいて発展したさまざまな方法論を活用すれば、他分野の出身の研究者にはできないユニークな研究ができるはずです。このような方針で、分子集団遺伝学、分子系統学、繁殖生態学などの研究に取り組んできました。

私の講演では、『花の性 その進化を探る』(1995)以後に私が取り組んできた3つの研究を紹介し、「植物分類学者」の新たな活躍場所について考えてみたいと思います。

(1) 性の進化: 「なぜ有性生殖をする植物と無性生殖をする植物があるのか」について、大学院以来、興味を持ち続けています。病原体と宿主の敵対的共進化が有性生殖を有利にするという「赤の女王仮説」を検証するために、ヒヨドリバナに感染するジェミニウイルスの変異と、ヒヨドリバナの耐病性遺伝子の変異を調べました。意外にも、無性生殖(無融合種子形成)をするヒヨドリバナは耐病性遺伝子の高い変異性を保持していました。無性生殖型も、稀な交雑を通じて、病原体と共進化しているようです。この結果を得たあと、私は「赤の女王仮説」とは別の仮説を追及し、メキシコのステビアについての研究成果をもとに、環境変動の下での適応放散において、有性生殖が有利になる可能性を検討しています。

(2) 花のエコゲノミクス: 分子生物学やゲノム科学の大きな発展によって、種の違いを分子レベルで研究できるようになってきました。このような方法論を活用し、昼咲き種のハマカンゾウと夜咲き種のユウスゲを使って、アゲハ媒の花からスズメガ媒の花が進化する過程の研究に取り組んでいます。

(3) 新しい植物地理学: 植物の地理分布パターンは、植物分類学者が関心を持ち続けてきた問題です。現在では、GIS(地理情報システム)を利用した景観生態学的アプローチ、DNA配列を利用した系統地理学のアプローチが独立に発展しています。この両者を統合することがこれからの大きな課題だと思います。屋久島での植物分布に関する研究成果をもとに、両者をいかに統合するかについて考えを述べます。

以上のような研究は、多くの共同研究者の方々の協力によって実現しました。賞をいただくことができたのは、これらの方々のおかげです。要旨では個々の方々のお名前を紹介するスペースがありませんが、共同研究者の方々に心からお礼をもうしあげます。

日本植物分類学会奨励賞受賞講演

**A-2**                    **コケ植物の分子系統学的研究の現状**

坪田 博美 (広島大・院・理・宮島自然植物実験所)

Tsubota, Hiromi (Miyajima Natural Botanical Garden, Hiroshima Univ.)

コケ植物は、陸上植物の起源とその進化を明らかにする上で重要な分類群である。分子系統学的手法は、近年、分類学をはじめとする生物学にもたらされ、今後の研究スタイルに大きな影響を与えうる変革のひとつである。コケ植物も例外ではなく、分子系統学的研究が行われ、多くの新しい知見が得られている。コケ植物における分子系統学的研究は、1990年代に本格的に開始された (Mishler et al. 1992など)。コケ植物は陸上植物の中では比較的初期のころから分子系統学的研究が行なわれてきたと言えるが、この理由として、陸上植物を議論する上で欠かせない分類群であるというだけでなく、比較的早い時期からコケ植物を対象として分岐学的・数量分類学的研究 (Koponen 1968; Seki 1968 [1969]など) が行われてきたため受け入れの素地ができていたという背景もあろう。その後、維管束植物に多少遅れたが、アメリカ合衆国のミズーリで開催された第16回国際植物学会 (XVI International Botanical Congress) において、コケ植物の分子系統学的研究はひとつの山場を迎えたと言える。現在では、研究が先行したコケ植物蘚類に続いて苔類やツノゴケ類でも研究が進展し、コケ植物全体で科レベル以上の大まかな系統関係が次第に明らかになってきた。その後、質的にも量的にもより多くのデータを使った研究が行われているが、本質的な点で、2000年ころから革命的な変化は起こってはいないと考えられる。本発表では、私がこれまで行ってきた研究やそのほかの研究の概略など交えながら、約1,000 OUTからなる大データセットにもとづいた系統樹によりコケ植物の系統関係と各分類群の形態の概観を示すとともに、コケ植物の分子系統学的研究の現状を紹介する。とくに、分子系統学的研究によって明らかになったことと、未だ明らかになっていないことを含めて紹介したい。

日本植物分類学会奨励賞受賞講演

### A-3 植物学名データベースから見えてくるもの - 日本産植物の名前に関する近年の問題 -

米倉浩司 (東北大・植物園)

BGPlants (施設に保存されている研究用植物のデータベース)の一環として筆者と梶田忠氏 (千葉大学) によって作成され、2003年に運用を開始したBGPlants 和名-学名インデックス (YList) ([http://bean.bio.chiba-u.jp/bgplants/ylist\\_main.html](http://bean.bio.chiba-u.jp/bgplants/ylist_main.html))は、日本 (沖縄・小笠原・北方領土を含む) に自生および帰化している全ての陸上植物の正しい学名と代表的な異名とその出典を検索することを目的としている。このデータベースでは、さらにオプションとして、Engler (第12版) または Cronquist のそれぞれの体系に基づく植物リストの作成機能も附属している。2007年1月末現在において、レコード数は27282件 (この数値は筆者のPC内のYListの元データの数であり、このデータに基づき順次YList本体を修正していったため、公開されている本体の数値とは若干異なっている。以下同様)、[標準]レコード数 (筆者が正しいと考える学名)は16486件である。この[標準]レコード数のうち、自生植物は11379件、帰化植物は1432件である (残りは栽培植物か、和名があるが日本に産しない)。このようなデータベースが整備されることの大きな意義は、これによって日本の植物相とその研究状況を総合的な見地から俯瞰することが可能になるということである。

一般に植物名を調べる際には図鑑にあたることが多いが、図鑑は印刷物の宿命として出版されて時間が経つと学問分野の進歩によって時代遅れとなる。例えば、佐竹義輔他 (編) 『日本の野生植物』(1982-1992)で採用されている7775件の日本産植物の学名のうち、YListで[標準]とみなされているものは5803件 (約75%)で、全体の1/4の植物名が変更になっている。変更の理由は、属や種の範囲づけの変更などの他に、命名規約上やむをえない理由もある。こうした変更に伴い、しばしば種内分類群の学名の変更が必要となり、筆者もそのいくつかを発表したが (*J. Jpn. Bot.* 80: 323-333 (2005)等)、なお組替えを必要とする名がある。また、2001年以降も毎年7—14種ずつ日本産植物の新種が記載されてきており、日本の植物はまだ分類学的研究の余地があることを示している。

日本の周辺の国や地域でも植物誌の編纂が進んでいるが、それらの文献で採用されている学名と日本で通用している学名にはしばしば大きな不一致が認められる。YListでは、周辺地域において採用されている学名も同一性を検証の上で採録しており、相互の植物相の対照が容易にできるようになっている。

A-4 日本産高山植物における本州中部地域の系統地理学的重要性

藤井紀行 (首都大・牧野標本館)

Noriyuki Fujii

日本列島では本州中部以北の山岳に高山帯が点々と隔離分布している。一般にその植生帯に生育の中心を持つ植物を「高山植物」と呼んでいる。日本における高山植物の分布は、集団が山岳ごとに隔離していることが特徴の一つである。こうした分布パターンは過去の寒冷な時期に高山植物の祖先集団が日本列島に侵入し、その後遺存的に残って生じたものであると考えられている。しかしこうした仮説を裏付ける証拠は少なく、またいつ頃どのようにして分布するようになったのかもよく分かっていない。そこで演者は、そのような植物地理学的な課題を明らかにするために、分子マーカーを用いて系統地理学的な解析をこれまで進めてきた。本講演ではそれらの解析を通して見えてきた本州中部地域集団の系統地理学的重要性についてお話したい。

日本産高山植物は約 500 種が報告されている。その中から葉緑体 DNA の地理的変異を解析する種を選定するためにスクリーニングを行った (Fujii *et al.* 1996; Senni *et al.* 2005)。約 60 種を解析した中から、比較的多くの種内多型が検出された以下の 6 種を中心にこれまで解析を進めてきた (ヨツバシオガマ、エゾコザクラ、ミネズオウ、ハクサンイチゲ、ミヤマタネツケバナ、エゾシオガマ) (Fujii *et al.* 1995, 1997, 1999, Fujii and Senni 2006)。各種において、分布域をできるだけ網羅するようにサンプリングし、葉緑体 DNA の非コード領域の塩基配列情報を用いて集団間レベルの系統解析を行った。その結果、ヨツバシオガマでは月山以南、エゾコザクラとハクサンイチゲでは飯豊山以南、他 3 種は至仏山や谷川岳以南の集団が単系統群を形成することが明らかとなった (本州中部系統と呼ぶ)。このように種によって若干の違いがあるが、すべてにおいて本州中部系統が存在するという共通パターンが認められた。

系統的に異なる種で見られた共通した遺伝構造からは、何らかの外的な共通イベントが関与したであろうことが想定される。演者は、今回明らかとなった共通パターンの要因として本州中部地域の山岳の形成史および過去の気候変動が大きく関与したのではないかと考えている。本州中部山岳は、後期鮮新世 (約 300 万年前) 以降に 2000m 以上の標高を持つようになったことが地史的な情報から明らかとなっている (鎮西・町田 2001)。約 200 万年前から始まった氷河時代の気候変動により、高山植物の祖先集団が日本列島に侵入し、高い標高を持つようになった本州中部山岳地域に取り残されたのではないだろうか。ヨツバシオガマやエゾコザクラで系統間の分岐年代を推定したところ、少なくとも見積もっても約 50 万年前には別れていたことが示された。もし上述した仮説が正しいとするならば、この結果は本州中部系統の集団が、最終氷期といった最近のイベントではなくより古い時代の寒冷期に日本列島に侵入したことを示唆している。

## L-1 無配生殖をするヤブソテツ類の分子分類

大槻涼\* (首都大 牧野標本館) 篠原渉 (京都大 理 植物) 鈴木武 (兵庫県立博) 村上哲明 (首都大 牧野標本館)

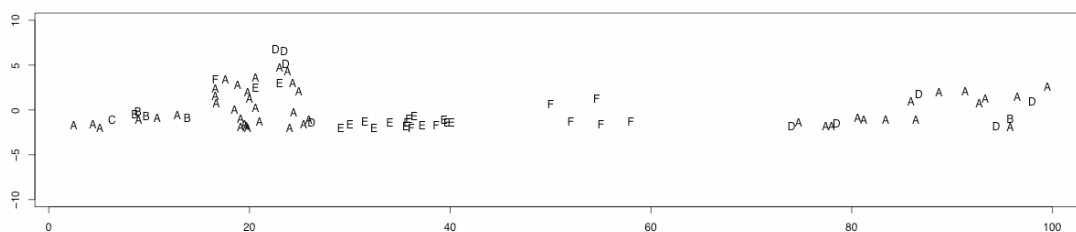
Ryo Ootsuki, Wataru Shinohara, Takeshi Suzuki, Noriaki Murakami

これまでオンダ科のヤブソテツ (*Cyrotomium fortunei*) は形態から 4 変種 (ヤブソテツ、ヤマヤブソテツ、ミヤコヤブソテツ、イズヤブソテツ) と分類されていた (以下、ヤブソテツ類と呼ぶ)。ヤブソテツ類は三倍体の無配生殖のみが知られ、形態的に中間的なものも多く、形態のみの種分類が非常に困難であった。ヤブソテツ類の実態を把握するためには従来の形態情報のみならず、その遺伝的多様性の情報を活用することが望ましいと考えた。

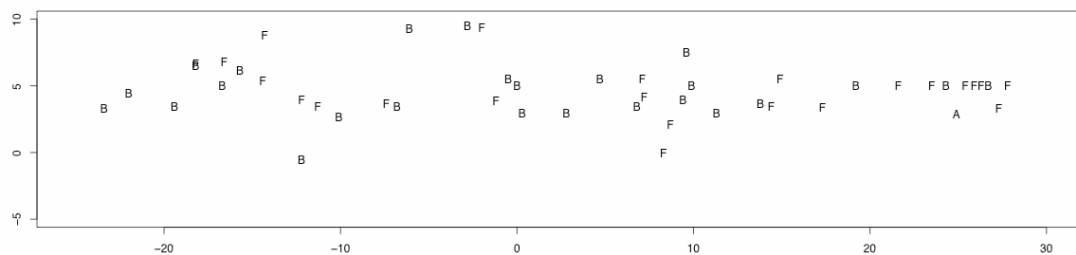
そこで 05 年,06 年に兵庫県神戸市で採集されたヤブソテツ類 277 個体について 5 酵素種 (PGM,TPI,HK,6PG,LAP) を用いたアロザイム多型解析と *rbcL* 遺伝子の塩基配列解析を行った。その結果、ヤブソテツ類に遺伝的に区別されうる A から F の 6 タイプが確認された。

また、06 年に埼玉県毛呂山町でも 51 サンプルのヤブソテツ類について同様の解析を行った。そして神戸市のフィールドと全く共通の A,B,F の 3 タイプの存在を確認した。

本研究の結果従来の 4 変種の分類とは必ずしも対応しない 6 タイプの変異があることが分かった。また、神戸市と毛呂山町で同じクローンが見つかったことから、無配生殖であってもクローン同士は維持され、分布を広げることが十分に可能であることが示された。今後、生態的特徴を精査することでよりヤブソテツ類の実態の把握が可能になる。



神戸市集団



毛呂山町集団

## L-2 日本産イノデ属シダ植物の2倍体種と4倍体種の類縁関係

長本三鈴\*・林蘇娟（島根大・生物資源・生物科学）

Misuzu Nagamoto\*, Lin Su-Juan

イノデ属シダ植物 *Polystichum* Roth. は、日本に32種記録され、日本中の山林に広く分布し、非常に多くの自然雑種を形成することが知られている。ゆえに、これらのグループの分類は、形態的に多様であることと、中間型が多い理由で難しいとされている。本研究では、2006年の沖縄大会でイノデ属の雑種を作る推定親種の9種について、4つの酵素（PGM、PGI、SkDH、LAP）における電気泳動法を用いた酵素多型分析により、イノデ属のこれらのグループ内での基本種と雑種の同定に有効であることを発表した。それに引き続き、関東周辺でより多くの基本種（2倍体3種、4倍体6種）とそれらの雑種を採集し、形態観察と酵素多型分析を行ったところ、基本種10種2変種と雑種12型（タイプ）の遺伝子型が明らかとなった。

次に、現在までに収集し、酵素多型分析を行ったイノデ属の基本種10種約300個体によるデータの集計を行い、対立遺伝子の頻度および多型分析を行った。それらのデータをもとに、日本産イノデ属の2倍体4種（アスカイノデ *Polystichum fibrilloso-paleaceum*、スルガイノデ *P. fibrilloso-paleaceum* var. *marginale*、チャボイノデ *P. igaense*、ナンピイノデ *P. otomasui*、サカゲイノデ *P. retroso-paleaceum*）のゲノムタイプを決定し、遺伝子型による2倍体種と4倍体6種（アイアスカイノデ *P. longifrons*、イノデ *P. polyblepharum*、イノデモドキ *P. tagawanum*、サイゴクイノデ *P. pseudo-makinoi*、シムライノデ *P. shimurae*、ツヤナシイノデ *P. ovato-paleaceum*、イワシロイノデ *P. ovato-paleaceum* var. *coraiense*）の類縁関係を探り、日本産4倍体種がそれら2倍体種による雑種起源であることが強く示唆される結果を得た。そのため、日本産4倍体種は異質倍数体である可能性が極めて高い。また、日本産2倍体4種で検出されない未知の遺伝子型をもつ4倍体種があり、本研究で手に入れることができなかった日本産2倍体種（トヨグチイノデ *P. ohmurae*、カラクサイノデ *P. microchlamys*）において、酵素多型分析による遺伝子型の特定をする必要があるだろう。

### L-3 フィリピン産 *Disporum luzoniense* (広義ユリ科) の分類学的再検討

齊藤 由紀子\* (農工大・連合院・農、科博・筑波実験植物園)・Domingo A. Madulid (Philippine National Museum)・Ching-I Peng (中央研究院)、岩科 司 (科博・筑波実験植物園、農工大・連合院・農)・國府方 吾郎 (科博・筑波実験植物園、農工大・連合院・農)

Yukiko Saito, Domingo A. Madulid, Ching-I Peng, Tsukasa Iwashina, Goro Kokubugata

Merrill (1910) は、フィリピンのルソン島で採集された基準標本をもとに *Disporum luzoniense* を記載した。その後、Jessop (1979) は、*Disporum luzoniense* として記載された植物を *Disporopsis* 属と取り扱うべきことを提唱し、*Disporopsis fusco-picta* とした。この分類学的取り扱い、Kumar & Brandham (1980)、Hara (1988)、Liang & Tamura (2000) によって支持され、染色体学的見地からも支持されている (Kumar & Brandham, 1980)。一方、葉に含まれるフラボノイド成分の分析においては、アジア産チゴユリ属植物の主要成分についての報告 (Williams *et al.* 1993) があるが、フィリピン産の *Disporum luzoniense* と取り扱われた個体と *Disporopsis* 属植物の葉に含まれるフラボノイド成分の報告はない。

本研究では *Disporum luzoniense* の基準産地 (フィリピン、ルソン島、Benguet) 付近で採集され、Merrill (1910) により *Disporum luzoniense* と取り扱われた個体 (以下、Benguet 産)、台湾産 *Disporopsis fusco-picta*、台湾産 *Disporum kawakamii* において、外部形態形質、染色体数の比較、葉に含まれる主要フラボノイド成分の HPLC パターンの比較を行い、*Disporum luzoniense* の分類学的再検討を行った。

花序の外部形態形質において、台湾産 *Disporopsis fusco-picta* と Benguet 産は花茎のやや上部の複数の葉腋に 1 個ずつ花をつけるのに対し、台湾産 *Disporum kawakamii* は花茎の先端に 1 ~ 3 個の花をつけていた。また、地下の外部形態において、台湾産 *Disporopsis fusco-picta* と Benguet 産は太く這う地下茎であったのに対し、*Disporum kawakamii* は当年生の地下茎のすぐ脇にラメットが形成されていた。

体細胞中期の染色体数では、台湾産 *Disporopsis fusco-picta* と Benguet 産の染色体数は  $2n = 40$ 、台湾産 *Disporum kawakamii* は  $2n = 16$  であった。これらは過去の報告 (Kumar & Brandham, 1980; Darlington & Wylie, 1955; Chang & Hsu, 1974; Tamura, 1992) と一致した。

葉に含まれるフラボノイド成分の HPLC パターンを比較した結果、*Disporum kawakamii* では過去に報告されたチゴユリ属植物に典型的なフラボンであるルテオリンとアピゲニン (Williams *et al.*, 1993) が検出された。一方、Benguet 産のフラボノイド配糖体のパターンは台湾産 *Disporopsis fusco-picta* と極めて類似しており、ルテオリンとアピゲニンは検出されなかった。

本研究における外部形態形質、染色体数、葉に含まれるフラボノイド成分の比較結果から、Benguet 産を *Disporopsis* 属として取り扱う分類学的見解が支持された。

## L-04 日本産テンナンショウ属ヒロハテンナンショウ群の 染色体変化と遺伝的変異

笹村 和幸\*・大井-東馬 哲雄・邑田 仁 (東大・院・理・植物園)

Kazuyuki Sasamura, Tetsuo Ohi-Toma, Jin Murata

テンナンショウ属 (*Arisaema*) については、形態学・細胞学・系統学の観点から多くの研究がなされてきたが、節や種間の系統関係は不明瞭であった (Renner et al., 2004)。そこで、我々はテンナンショウ属から網羅的にサンプリングを実施し、葉緑体 DNA (*trnL-trnF*, *psbB-psbH*, *rpl20-rps12*) を用いた分子系統学的解析を進め、より詳細な系統関係を推定した (Murata et al., 2005 IBC)。その結果、日本産のほとんどの種を含むマムシグサ節が単系統群であること、その中でもヒロハテンナンショウを含む種群が、マムシグサなどと遺伝的に分化していることが明らかとなった。このヒロハテンナンショウを含む種群は、Murata (1986) の「広義のヒロハテンナンショウ」に相当するもので、従来の捉え方 (芹沢, 1981) とは異なる。これを新たなヒロハテンナンショウ群 (以下ヒロハ群) として再定義する。

ヒロハ群は、日本固有の 3 分類群から構成されており、外部形態の分化に加え、倍数性 ( $x = 13$ ; 2 倍体, 3 倍体, 4 倍体, 5 倍体) の存在が知られていた; ヒロハテンナンショウ (*A. ovale* var. *sadoense*; 以下ヒロハ, 2~5 倍体)、アシウテンナンショウ (var. *ovale*; 以下アシウ, 4 倍体)、イナヒロハテンナンショウ (var. *inaense*; 以下イナヒロハ, 2 倍体)。このようなことから、ヒロハ群内では染色体倍数化を伴う分化が生じていると考えられてきた。

本研究では、ヒロハ群内の分化に、染色体倍数レベルの変化がどのように関わっているのか、また群内ではどのような地理的分化がみられるのかを調べることを目的として、遺伝学的及び細胞学的な解析を行った。ヒロハ群の分布域から網羅的にサンプリングを行い、染色体数の直接観察を踏まえ、生の葉を用いたフローサイトメトリー法により、染色体倍数性を判定した。この結果、ヒロハ群では、4 倍体が分布域のほとんどを占めること、2 倍体集団が静岡・長野・岩手に隔離分布すること、5 倍体集団が日本列島北部にあることが明らかになった他、これまでに報告がなかった 6 倍体集団が北海道西南部にあることも明らかとなった。また、葉緑体 DNA (*trnL-trnF*, *psbB-psbH*, *rpl20-rps12*) の多型解析により 6 種類のハプロタイプが区別でき、ヒロハ群の分布域全体に広くみられるハプロタイプがある他に、イナヒロハのみがもつハプロタイプや、特定の地域集団でのみみられるハプロタイプも複数確認された。

これまでの解析結果をまとめると、ヒロハ群では 2 倍体から 4 倍体への倍数化が起き、副芽を生じる特徴 (Murata, 1986) を獲得した 4 倍体が急速に分布を拡大し、その後分布域の各地で遺伝的な分化が生じたと考えられる。またその際の分布拡大において、静岡・岩手の 2 倍体ヒロハ集団が倍数性集団の起源となっている一方で、長野の 2 倍体イナヒロハ集団からは倍数化が生じていない可能性が考えられる。しかしながら、葉緑体 DNA 多型との比較のみでは現在、東北~北九州に広く分布する 4 倍体が、静岡・岩手のいずれ、もしくは既に存在しないかもしれない 2 倍体集団に由来したのかを判断することはできない。そこで現在、2 倍体と 4 倍体の各地域集団の関係を明らかにするために、核 DNA を用いた解析を進めている。本発表では、倍数性・葉緑体 DNA・核 DNA から得られた結果を踏まえ、ヒロハ群での倍数化の起源、地理的分布と分化がどのように生じてきたのかを考察する。



福田知子\* (京大院・理・植物)・永益英敏 (京都大学総合博物館)

Tomoko Fukuda, Hidetoshi Nagamasu

*Skimmia* 属は日華区系温帯を中心に分布し、約 6 種が認められている (Chang 1977; Taylor 1987). *Skimmia japonica* はその最東端に分布する種であり、雌雄異株であること、頂花以外は 4 数性であること等で他種から区別される. *S. japonica* は、分布範囲が非常に広く、地理的にはサハリン・千島から台湾まで、生態的には亜寒帯針葉樹林から亜熱帯常緑広葉樹林にまで分布している. このことから、*S. japonica* は、特定の生育帯に限って分布する植物とは異なった独特の生物地理的背景を持っている可能性があり、植物地理の考察の対象として面白い材料である. また、*S. japonica* は樹形の変化が多様であり、主に樹形の違いによって、種内に 3-4 変種が認められているが、樹形と遺伝的な違いとがどのように関係しているかも興味深い.

そこで本研究では、葉緑体 DNA の *trnS-trnG*, *trnD-trnT*, *rp116* の 3 領域計 1000~1079bp の領域について、葉緑体ハプロタイプの地理的分布を調べ、生育環境などと比較して植物地理的考察を行うとともに、樹形などの形態によって *S. japonica* の種内がどのようなまとまりとして捉えられるかを検討した.

得られた 13 ハプロタイプのうち、ハプロタイプ A はサハリンから台湾までもっとも広範にみられ、次に多かったハプロタイプ B は本州太平洋岸に分布していた. ハプロタイプ C は九州~徳之島、ハプロタイプ D は沖縄、西表島に分布、台湾には固有のハプロタイプ E が A と同じ集団にみつかった. その他のハプロタイプは、本州~琉球列島に 1~3 箇所のみみられた. 葉緑体 DNA の分布を生育環境・温量指数等と比較・解釈した結果、ハプロタイプ A の分布は、亜寒帯から亜熱帯にまたがっていたが、それ以外は、B、C は暖温帯、D、L、M は亜熱帯、というように一定の生育帯にみられた.

九州以北のハプロタイプ A は日本海側、B は太平洋側に分布していた. 前者はほぼ匍匐していたものの、後者の樹形は直立から匍匐まで、さまざまに変化していた. これらは核型では違いがなく、樹形以外の形態も似ているため、分類学的には、九州以北の植物に var. *japonica* (狭義のミヤマシキミ)、var. *intermedia* (ツルシキミ) の 2 変種を認めるのは困難である. 一方、九州西部・南部から琉球列島にかけての植物は 5 つのハプロタイプで構成され、核型にも多様な変化が見られたにも関わらず、幹が主幹を持って直立すること、葉・花などの形質で共通し、九州以北の植物とは異なる 1 グループを形成すると考えられる. 台湾の集団は var. *japonica* に含める意見もあるが、葉・花のサイズ・形等からそれとは別の変種と捉えられる. *S. japonica* は広範な分布範囲を持つが、このことは、この種が異なる環境に生育する分類群を含むことによって説明できる.

L-06 サツマイナモリ *Ophiorrhiza japonica* Blume (アカネ科) の  
四倍体変種における二型花柱性の崩壊

中村 剛 (琉球大・院・理工) \*・傳田哲郎 (琉球大・理・海洋自然) ・横田昌  
嗣 (琉球大・理・海洋自然)

Koh Nakamura, Tetsuo Denda, Masatsugu Yokota

東アジアに広く分布するサツマイナモリ *Ophiorrhiza japonica* Blume が二倍体であるのに対し、中琉球 (奄美大島、徳之島、沖縄島) に固有の変種アマミイナモリ *O. japonica* Blume var. *amamiana* Hatus. は四倍体である (Nakamura *et al.*, 2003) . サツマイナモリは長花柱花と短花柱花とからなる典型的な二型花柱性を示すことが知られるが (Lo, 1999) , アマミイナモリの花形態について二型花柱性の面から詳細な研究はなされていない. 染色体倍数レベルの変化に伴って二型花柱性が崩壊する例が幾つかの植物群で報告されており、繁殖様式の進化の一形態をなすものと考えられるが、その例は未だ多くはない (例えば Schoen *et al.*, 1997; Truyens *et al.*, 2005; Guggisberg *et al.*, 2006) . 知見の蓄積のため、サツマイナモリ種内において、倍数化に伴った二型花柱性に関わる形質の変化を調査した.

調査の結果、アマミイナモリは分布する全ての島において、柱頭と葯がともに花筒喉部付近に位置する長等花柱花のみをもつことが明らかになった. また、袋がけ実験により、アマミイナモリは自家和合性で、高い自動的自花受粉能をもつことが示された. これらのことから、サツマイナモリ種内において、四倍体化に伴う二型花柱性の崩壊が確認された. 倍数化と等花柱花における自家和合性、自動的自花受粉能との結びつきは、特に倍数体の頻度が低い分化の初期段階において、二倍体との不適合な交配を避け、倍数体が確立するうえで、重要であったと考えられる. 分子系統解析の結果、アマミイナモリは単系統群としてサツマイナモリから明瞭に区別され、その四倍体化と二型花柱性の崩壊は、系統上で1回の起源であることが推定された. アマミイナモリが、形態、染色体倍数レベル、繁殖様式において基本変種と異なり、系統的にも明瞭に区別されたことから、その分類学的取り扱いが独立種とすることが適当であると考えられる.

## L-07 日本列島における周極—高山植物（イワウメ）の遺伝的分化と地理的構造

池田啓（京都大・院・人間・環境）\*，仙仁徑（首都大・牧野），藤井紀之（首都大・牧野），瀬戸口浩彰（京都大・院・人間・環境）

Hajime Ikeda, Kei Senni, Noriyuki Fujii, Hiroaki Setoguchi

これまでの系統地理学の研究から、分布域の南端に位置する高山帯は周極—高山植物が第四紀の気候変動を生き延び、また遺伝的に分化する上で重要な場所である傾向が見られている。この傾向が東アジアにおける周極—高山植物の分布の南端にあたる日本列島でも見られるのか、を明らかにするため周極分布する高山植物であるイワウメ (*Diapensia lapponica* ssp. *ovobata*; イワウメ科) を用いて系統地理学を行った。日本列島の 22 集団から採取した 159 個体を用い、葉緑体 DNA の非コード領域から約 1100 塩基の配列を決定したところ、10 個のハプロタイプが見つかった。イワカガミ (*Schizocodon soldanelloides*; イワウメ科) 及びスウェーデン産のイワウメ (*Diapensia lapponica*) を外群とした近隣結合法 (NJ) による系統解析の結果、日本列島のハプロタイプは派生的であることが示された。これに加え、中部山岳地域と北日本の集団が遺伝的に大きく分化していることが、NJ による集団間の関係 (ブートストラップ値: 100%)、分子分散分析 (AMOVA; 83.2%)、モンモニアアの計算 (Monmonier' algorithm; >95%) から強く支持された。最も祖先的なハプロタイプが利尻山からしか見つかっていないことや、最節約ネットワーク (Parsimony network) によるハプロタイプ間の関係から、日本列島における地理的構造が最終氷期以降に生まれた変異で作られたと説明することはできない。これらのことから、周極—高山植物であるイワウメは、日本列島の他の高山植物同様、中部山岳地域の高山帯で長期間集団を維持し遺伝的に分化したことが明らかとなった。このことは、温帯の高山帯は第四紀の気候変動のなかで、周極—高山植物が生き延びる上で重要な場所である、という仮説を支持する結果である。

## L-08 日本産クモキリソウ属クモキリソウ群の分類学的再検討

高島路久（東大・院・理・植物園）\*・堤千絵（東大・院・理・生物科学）・遊川知久（科博・筑波実験植物園）・邑田仁（東大・院・理・植物園）

ラン科クモキリソウ属 *Liparis* Rich. は約 350 種がニュージーランドを除く世界中に分布する。日本にはこれまで 15 種程度が知られていたが、近年新たに、クモキリソウに形態的に似た、オオフガクスズムシソウ、ホザキクモキリソウ、クロクモキリソウ、ナンブクモキリソウと呼ばれる群が認識されてきた（高橋 1985, 1987）。高島（2000）はこれらの分類群のアロザイム解析を行い、各形態群ごとに遺伝的なまとまりがあることを明らかにした。また堤（2005）はフガクスズムシソウの着生性の進化を研究するにあたり、クモキリソウ、フガクスズムシソウ、コウライズズムシソウ（オオフガクスズムシソウ）、アズミクモキリ（ナンブクモキリソウ）、スズムシソウ、セイタカスズムシソウを含むクモキリソウ属の核 DNA の ITS 領域と葉緑体 DNA の複数領域を用いた系統解析を行い、クモキリソウ、アズミクモキリ、フガクスズムシソウを含むクレードとスズムシソウを含むクレードが姉妹群の関係となること（本研究ではこのクモキリソウを含むクレードをクモキリソウ群とする）、アズミクモキリ、クモキリソウ、コウライズズムシソウ、フガクスズムシソウはそれぞれ単系統となることを明らかにした。しかし、これらの研究のみではクモキリソウ群の分類学的問題を明らかにするには不十分であった。また、新たな形態群（トダイクモキリ）が認識された。そこで本研究ではクモキリソウ群の詳細な形態の観察、および堤（2005）の研究において変異の多く見られた葉緑体 DNA の *trnS-trnG* 遺伝子間領域、*trnL* イントロンと *trnL-trnF* 遺伝子間領域のデータセットに新たな資料を加えた系統解析を行って、分類学的再検討を行った。形態観察の結果、従来から指摘されてきた唇弁の形や花の色のほか、蕊柱の形態、花のつき方も各群の識別形質として有効であることがわかった。量的な形質である花被片長や蕊柱長にも有意な差が見られた。また葉緑体 DNA を用いた系統解析により、クモキリソウ群はトダイクモキリとアズミクモキリを含むクレード (A) と、クモキリソウ、フガクスズムシソウ、ホザキクモキリソウ、コウライズズムシソウ、クロクモキリソウを含むクレード (B) とに 2 分した。クレード (A) においてトダイクモキリとアズミクモキリは遺伝的に大きく離れていた。クレード (B) においては、フガクスズムシソウのクレード、コウライズズムシソウとクロクモキリソウのクレード、クモキリソウのクレードとホザキクモキリが分かれた。クモキリソウとコウライズズムシソウ、フガクスズムシソウには種内変異が認められた。以上の結果から、クモキリソウ、フガクスズムシソウと、和名で呼ばれてきた上記の未記載群 4 つはクロクモキリソウをのぞき、形態的にも遺伝的にも互いに異なることがわかった。そこで形態のみで区別可能なクロクモキリソウをコウライズズムシソウの亜種とし、その他の未記載群（ホザキクモキリソウ、トダイクモキリ、アズミクモキリ）を独立種として扱うこととした。

平尾知士 (秋県大院) \*・渡辺敦史 (林育セ)・高田克彦 (秋県大院)

Tomonori Hirao, Atsushi Watanabe, Katsuhiko Takata

日本にはネズミサシ属ビャクシン節 3 種 (ビャクシン、ミヤマビャクシン、ハイビャクシン)、ネズミサシ節 6 種 (ネズミサシ、ハイネズ、オキナワハイネズ、ミヤマネズ、シマムロ、リシリビャクシン) が分布している。これまでに RAPD 分析を用いて、東アジアに分布するネズミサシ属の分類に関する研究が行われているが、その系統関係は明らかにされていない。本研究では、葉緑体 DNA および核 DNA の ITS (Internal Transcribed Spacer) 領域、さらに核 DNA の遺伝子領域の塩基配列情報から日本に自生するネズミサシ属 9 種の系統関係を明らかにした。

系統解析にはネズミサシ属ビャクシン節 3 種とネズミサシ節 6 種、さらにアウトグループとしてアメリカ大陸に自生するエンピツビャクシンを用いた。葉緑体 DNA は、スペーサー4 領域 (*trnD-Y*, *trnL-F*, *trnL-intron*, *trnP-W*) の塩基配列を決定した。ITS 領域は、18s および 5.8s rRNA 遺伝子間の非転写領域である ITS 1 (713bp) および 5.8s と 26s rRNA 遺伝子間の ITS 2 (344bp) 領域の塩基配列を決定した。遺伝子領域についてはスギで明らかにされている *Lcyb* (lycopene  $\beta$ -cyclase) 遺伝子領域をもとに塩基配列(1157bp)を決定した。得られた塩基配列情報はアライメントを行い、系統解析を行った。

葉緑体 DNA の塩基配列をもとに最節約法で系統樹を作成した結果、ビャクシン節のビャクシンとハイビャクシン、ミヤマビャクシンとエンピツビャクシン、さらにネズミサシ節の 3 つのクレードに分岐した。ITS 領域の塩基配列を基に近隣結合法で系統樹を作成した結果、各節内の種間の変異は節間と比較して極めて小さく、ネズミサシ節とビャクシン節はそれぞれ単系統群を形成した。さらに、*Lcyb* 遺伝子領域の塩基配列について解析を行った結果、12 多型サイトが検出でき、節間の違いが明確に示された。しかし、ハイビャクシンの塩基配列は 2 つのハプロタイプによって構成されており、1 つのハプロタイプはビャクシン節のハプロタイプと類似し、2 つ目のハプロタイプはネズミサシ節のハプロタイプと類似した。ビャクシン節には木本植物では稀な倍数体が存在し、ハイビャクシンとビャクシンのみが 4 倍体種である。本研究の結果より、(1) ビャクシンが 2 倍体のミヤマビャクシンの倍数化によって分化したことが、(2) ハイビャクシンはビャクシン節とネズミサシ節間の種間交雑によって生じた可能性が示唆された。

## L-10 18S リボソーマル RNA と *rbcL* 遺伝子に基づく分子系統解析と、微細構造に基づくヤリミドリ属 (*Chlorogonium*) の分割

仲田崇志 (東大・理・生物) \*・Lothar Krienitz, (IGB, Germany) ・野崎久義 (東大・理・生物) ・Thomas Pröschold (CCAP, UK)

Takashi Nakada, Lothar Krienitz, Hisayoshi Nozaki & Thomas Pröschold

ヤリミドリ属 (*Chlorogonium*) は二鞭毛単細胞性の藻類で緑藻綱オオヒゲマワリ目 (Chlorophyceae, Volvocales) に分類される。本属は紡錘形の細胞と「分裂時に原形質が回転しない」という形質によって特徴づけられ、20 種余りが含まれている。現在、6 種の培養株が株保存期間に保存されており、微細構造観察や分子系統解析が行われてきた。*rbcL* (Rubisco 大サブユニット) 遺伝子に基づく系統解析からは単系統性に疑問が持たれたが、統計的支持率が弱く、確証は持たれていなかった。そこで本研究ではヤリミドリ属の系統関係を再検証するため、新たに 18S リボソーマル RNA 遺伝子の配列を解読し、*rbcL* 遺伝子の配列と結合して系統解析を行った。その結果、ヤリミドリ属が少なくとも 3 つの独立した系統よりなることが強く支持された。ヤリミドリ属のタイプ種 *Chlorogonium euchlorum* はフタツメヤリミドリ (*C. elongatum*)、*C. capillatum* と共に単系統群を形成し、この系統群はチョビコナミドリ (*Chlamydomonas perpusilla*) と姉妹群となった。また、*Chlorogonium fusiforme* の姉妹群はアカヒゲムシ (*Haematococcus lacustris*) で、ヤリミドリ属のタイプ種を含む系統群とは系統的に離れていた。*Chlorogonium neglectum* と *Chlorogonium kasakii* はドイツ産の新種と共に単系統群を形成し、やはり他のヤリミドリ属とは独立の系統であることが強く支持された。*C. fusiforme* はピレノイドのデンプン粒が断片化しないことなどにより、ピレノイドが 2 つ以上のデンプン粒に囲まれている他の系統とは区別された。また、*C. neglectum*、*C. kasakii* およびドイツ産の新種はピレノイドにチラコイド膜が陥入せず、また眼点が 2 ないし 3 層の顆粒からなっていることにより、ピレノイドの基質にチラコイドが陥入し、眼点が 1 層の顆粒よりなるヤリミドリ属の他の系統群から区別された。ヤリミドリ属に 3 つの形態的かつ系統的に異なる群が認められたことから、オオヒゲマワリ目の自然分類体系の確立のためには、ヤリミドリ属の分類は見直す必要がある。ここでは伝統的に認められてきた属名を維持するために、ヤリミドリ属をタイプ種を含んだ単系統群に限定して再定義し、他の 2 系統を独立属とする分類を提唱する。

L-11 北海道白亜系蝦夷層群から産出したミズキ目果実の鉱化石

湯川 翔平\*・松本 みどり(千葉大・理・地球)・朝川 毅守(千葉大・理・生物)

Shohei Yukawa, Midori Matsumoto, Takeshi Asakawa

**研究の目的:** 本研究は、ミズキ目(ヌマミズキ科及びミズキ科)の最古の果実を報告し、ミズキ目の最小分岐年代とヌマミズキ科の植物地理について情報を加えることを目的とする。

・**地質:** 本研究のヌマミズキ化石、ミズキ科化石は北海道蝦夷層群小平地域、白亜紀チューロニアン期の佐久層(Takashima *et al.*, 2004)から産出された。

・**ヌマミズキ科化石:** ミズキ目の分類は APG 植物分類体系 II (2003)に従う。ヌマミズキ科であるとの同定理由は「1. 内果皮が木質化している核果である, 2. 内果皮に解離層が見られる, 3. 内果皮の細胞が繊維状である, 4. 子房下位である, 5. 果実中央の維管束がないこと」の5点である。本研究果実化石の内果皮は4室心皮であり、形は球型～長楕円型である。これまでのミズキ目の最古の化石は白亜紀コニアシアン期からの *Hironoia* (Takahashi *et al.*, 2002)であり、白亜紀チューロニアン期からのミズキ目の化石は世界最古となる。本研究の化石は類似の形質を持つ化石属や現生属が見当たらず、新属の可能性が高い。

・**ミズキ科化石:** 同定理由は、「1. 2室で1つの核をなす核果である, 2. 内果皮の細胞が等直径である, 3. 果実中央の維管束がないこと」の3点である。ミズキやハナミズキに類似し、ミズキ科との類縁が強く示唆される。

・**ミズキ目の最小分岐年代:** これまでコニアシアン期の *Hironoia* が最古の Asterid の果実化石であり、ミズキ目がこの時までには分化したことを示すものであった。今回の発見により、これらがチューロニアン期まで遡り、さらにミズキ科とヌマミズキ科がすでに分化していたことが示された。

・**ヌマミズキ科の分布・拡散経路:** 従来ヌマミズキ科の化石は第三紀以降からしか発見されておらず、ヌマミズキ科の起源は北米であると考えられていた(Eyde, 1997)。しかし東アジアにて白亜紀から *Hironoia* や本研究化石が産出していることから、ヌマミズキ科の起源は北米ではなく東アジアであると考えられる。

本研究	<i>Hironoia</i>	<i>Amersinia</i>	<i>Nyssia</i>	<i>Davidia</i>	<i>Mastixia</i>	<i>Camptotheca</i>	<i>Cornus</i>	<i>Swida</i>	
科	ヌマミズキ科(化)	ヌマミズキ科(化)	ヌマミズキ科(化)	ヌマミズキ科(現)	ヌマミズキ科(現)	ヌマミズキ科(現)	ヌマミズキ科(現)	ミズキ科(化)	ミズキ科(現)
子房	子房下位	子房下位	子房下位	子房下位	子房下位	子房下位	子房下位	子房下位	子房下位
果実の外型	球型～長楕円型	紡錘型	狭卵型～卵型	長楕円型	球型	長楕円型	翼果	球型～長球型	球型
果実の大きさ(縦×横)mm	3.95×2.85	6.0×2.6	12×7	12×7	30×28	10×5	30×5	1.5×2.0	6×6
果実の種類	核果	核果	乾果	核果	核果	核果	乾果	核果	核果
内果皮の心皮室数	4	3~4	3(~4)	1(~3)	6~9	1(~2)	1~2(2~3)	2	1~2(~4)
内果皮の細胞組織	繊維状	繊維状	繊維状	繊維状	繊維状	繊維状	繊維状	等直径	等直径
内果皮の厚さ	薄い(200-500µm)	薄い(150-600µm)	薄い(200-300µm)	厚い(0.5-5mm)	厚い(1-3mm)	厚い(0.6-2.5mm)	薄い(75-100µm)	薄い(50-200µm)	薄い(300-1000µm)
発芽孔	—	細長い	短く、尖る	短く、尖る	細長い	細長い	短く、尖る	—	細長い
縦断面	やや楕円	やや楕円	三角形～四角	楕円	円	楕円	三角形	楕円	円

表1: ヌマミズキ科果実化石と類似する分類群との形質の比較(Manchester, 1999; Takahashi *et al.*, 2002を改変)

## L-12 日本列島における植生の成立過程の解明のための地理情報システムの構築

瀬尾明弘\* (総合地球環境学研究所)・村上哲明 (首都大学東京・牧野標本館)・湯本貴和 (総合地球環境学研究所)

Akihiro Seo, Noriaki Murakami, Takakazu Yumoto

日本列島は、約 8000 分類群もの植物が生育する生物多様性の非常に高い地域の 1 つである。本研究では現生の植物を対象として、その種内の遺伝的変異の地理的分布、あるいは地域集団間の遺伝的類似度データベース化することで、より詳細に日本列島における植生の歴史の変遷過程や植物種ごとの分布域の変遷過程を議論するための地理情報システムを構築することを目的としている。

現在、我々が日本列島で目にする様々な植物は、いつ、どこから、またどのような経路で日本列島へ入ってきたものなのだろうか？また、日本列島に生育する植物は、第四紀の気候の変動にともなって、どのように分布を変化させてきたのだろうか？このような疑問に対して行われている分子植物地理学的研究の多くは、そのほとんどが 1 つの植物種のみを対象として解析されている。しかしこれでは、ある植物種に見出された遺伝的分化の地理的パターンがその種特有のものなのか、それとも特定の地域もしくは植物の群系（照葉樹林、夏緑樹林、針葉樹林帯など）や群落に共通して見られるものなのかわからない。また、花粉化石などの証拠に基づいて特定の地域における植物相の変化を明らかにすることはできるが、特定の種の分布拡大経路など、異なる地域間の植物のつながりを明らかにすることは非常に困難である。我々は異なる植物種間で容易にかつ客観的に遺伝的分化の地理的パターンを比較できるように、遺伝的変異の地理的分布をデータベース化し、GIS ソフトウェアなどによって地図上に表示できるシステムの準備を進めている。

日本列島には縄文時代以降、多くのヒトが生活を営み続け、大部分の自然は人間活動の影響を強く受けている。また日本に生息する動物たちは、生活における活動のためのエネルギーを直接的あるいは間接的に植物に依存している。植物の分布が変われば、当然、それに伴ってヒトを含む動物も分布の変遷、あるいは生活様式の変更を余儀なくされたはずである。分子情報という証拠に基づいた植生の地理的分布の歴史の変遷を GIS ソフトウェアなどを用いて地図上に表せることは分類学分野以外のさまざまな目的にも利用できると考えられる。

本発表では分子情報を用いた植物地理学的解析を行うために我々が開発している途中段階のデータベースの紹介を行う予定である。



## L-13 琵琶湖に分布する海浜植物：ハマヒルガオの系統地理

小川睦美（京大・院・人間・環境）\*、瀬戸口浩彰（京大・院・人間・環境）

Mutsumi Ogawa, Hiroaki Setoguchi

琵琶湖は約 500 万年の歴史を持つことが地質学の研究から示唆されている古代湖である。動植物の固有種は数十種が確認されており、その一部は琵琶湖内で進化を遂げたとされている。琵琶湖湖岸には海浜植物の約 6 種が分布する。現在の琵琶湖は内陸にあり、海浜植物が沿岸集団から移入することは難しい。これらの海浜植物は琵琶湖が海と近い位置にあった時代に移入した可能性があり、現在においては琵琶湖集団は沿岸集団との遺伝的交流を失っていると考えられる。琵琶湖の海浜植物と沿岸集団との系統関係を明らかにするため、ハマヒルガオ (*Calystegia soldanella*; ヒルガオ科) を用いて系統地理の研究を行った。日本列島の 47 集団から採集した 235 個体を用い、葉緑体 DNA の非コード領域から約 1229 塩基の配列を決定したところ、5 個のハプロタイプが見つかった。最節約ネットワークによるハプロタイプ間の関係から、琵琶湖の集団は沿岸集団とは異なる独自の 2 ハプロタイプを持つことが明らかとなった。ハマヒルガオの葉緑体 DNA は塩基配列中の変異数が非常に少ないため、琵琶湖の独自のハプロタイプは沿岸集団と長期間にわたって遺伝的交流が隔絶されてきたことを示すと考えられる。沿岸集団に見られる 3 ハプロタイプは互いに非常によく似た配列を持ち、海域間での地理的な構造は見られなかった。ヒルガオを外群とした系統解析の結果からは、琵琶湖の 2 ハプロタイプと近縁なハプロタイプの道程はできなかった。今後さらに詳細な系統関係を調べるために、解像度の高い遺伝マーカーを用いた解析が必要である。

榊崎浩亮\* (広島大・院・理・生物科学)・古木達郎 (千葉県立中央博物館)・嶋村正樹 (広島大・院・理・生物科学)・坪田博美 (広島大・院・理・宮島自然植物実験所)・山口富美夫 (広島大・院・理・生物科学)・出口博則 (広島大・院・理・生物科学)

Hiroaki Masuzaki, Tatsuwo Furuki, Masaki Shimamura, Hiromi Tsubota, Tomio Yamaguchi &

Hironori Deguchi

スジゴケ科ミドリゼニゴケ属 *Aneura* は、不規則に分枝する鮮緑色の葉状タイ類で、日本から 5 種、世界で約 10 種の報告がある。外部形態の多様性に乏しく、乾燥標本からは、分類の指標となる油体の形態情報が得られないことから、分類学的に混乱している種が存在する。

ミズゼニゴケモドキ *Aneura maxima* は東南アジア、北米、欧州などに広く分布しており、日本でも東北地方を北限として広く分布するとされる。本種は Inoue (1976)により日本での生育がはじめて報告され、その際、葉状体翼部の 1 細胞層の部分の幅が広いという共通の特徴をもつ *A. pellioides* は本種のシノニムとされた。*A. maxima* は、これまで、同属のミドリゼニゴケ *A. pinguis* との詳細な形態の比較は行われているものの、*A. pellioides* の分類学的扱いについてはその後十分に検討されていない。本研究では、葉緑体 *rbcL* 遺伝子の塩基配列に基づいて *Aneura* 属の系統解析を行うとともに、*A. maxima* に関して詳細な形態観察を行い、分類学的再検討をおこなった。

系統解析の結果、広義の *Aneura* 属に含まれるヤワラゴケ属 *Lobatiriccardia* と狭義の *Aneura* 属はそれぞれ単系統で、姉妹関係になった。この系統関係から、Furuki (1991)が提案した *Lobatiriccardia* を独立した属と認めるという分類学的な扱いは、妥当であると考えられた。*A. maxima* は、*Aneura* 属の中で、系統的に異なる 2 つのクレードにまとめられた。*A. maxima* とされる標本を観察した結果、典型的な *A. maxima* と比較して、植物体が不透明で濃緑色、油体数が少ない、仮根が無色であるという形態的特徴をもつ標本が見い出された。これはかつて *A. pellioides* として理解されてきたものであることをつきとめた (表 1)。上記の 2 つのクレードもそれぞれ、*A. maxima* と *A. pellioides* に相当する。すなわち、*A. pellioides* は同属の *A. blasioides* と *A. gemmifera* とともに 1 つのクレードを形成し、*A. maxima* はその姉妹群となった。また、*Aneura maxima* と *A. pellioides* は、日本国内における分布域も異なり、*A. maxima* が主に九州北部以南に分布するのに対し、*A. pellioides* が九州より北に分布することが明らかになった。本研究で、*A. pellioides* は、*A. maxima* とは区別される、独立した種であることを提案する。

表 1 *Aneura pellioides* と *A. maxima* の形態比較

	<i>Aneura pellioides</i>	<i>Aneura maxima</i>
植物体	不透明な濃緑色	透明な緑色
油体の数 (翼部, 中心部)	5-25/cell (翼部) 10-25(30)/cell (中心部)	20-70/cell (翼部, 中心部)
仮根	無色	淡褐色
雌枝	葉状体辺縁部の峡部に マウンド状となる	周辺部の峡部から 雌短枝となる

海老原 淳\* (科博・植物), Fred J. Rumsey (The Natural History Museum, UK), Donald R. Farrar (Iowa State University), 伊藤元己 (東大・院・総合文化・広域システム)

Atsushi Ebihara, Fred. J. Rumsey, Donald R. Farrar, Motomi Ito

日本産ハイホラゴケ群は、網状進化によって形成された雑種複合体であることが、発表者らのこれまでの研究によって明らかになっている。葉緑体遺伝子を用いた分子系統解析結果に基づいたコケシノブ科の新しい分類体系 (Ebihara et al. 2006) では、ハイホラゴケとその近縁種は *Vandenboschia* subgen. *Vandenboschia* (ハイホラゴケ属ハイホラゴケ亜属) として再定義された。本属は、ヨーロッパ (*Vandenboschia speciosa*)・北米 (*V. boschiana*)・南米 (*V. radicans*, *V. collariata*)・アフリカ (*V. gigantea*)・ハワイ (*V. davallioides*, *V. cyrtotheca*) など世界各地に広く分布する。しかしながら、各種間に決定的な識別形質を見出すのが難しいことや、種内変異の幅が広いことなどから、*V. radicans* の異名として取り扱われることのある種も多かった。このような地球規模での複雑な形態変異の存在から、日本で見出されたものと同様の複雑な種の実体が、日本産以外の植物にも存在する可能性が考えられた。

本研究では、世界各地から収集したハイホラゴケ亜属の植物を用い、核 *GapCp* 領域を解析した結果、多数の個体において、大きく異なる複数の塩基配列が単一個体内から検出された。この結果は、ハイホラゴケ亜属は地球規模でも雑種起源の系統を多数含み、交雑/倍数化と長距離分散を伴った単純でない種形成の歴史を持っている可能性を示唆するものであると言える。単一個体から分離した各塩基配列を用いて構築した分子系統樹から、本亜属の地球規模での種形成について考察する。

## L-16 蘚類ミヤマイクビゴケとイクビゴケの分布と環境要因

白崎仁 (新潟薬大・生物)

Shirasaki, H.

ミヤマイクビゴケ (*Diphyscium foliosum*) とイクビゴケ (*D. fulvifolium*) は、新潟県では、広く分布するが、その分布様式に違いがある。日本海側の多雪地域にあたる新潟県とその隣接地域の環境要因と両種の分布の違いとの関連性をさぐってみた。ミヤマイクビゴケは主に内陸の山岳地域に、イクビゴケは海岸沿いの低地から内陸部に偏っている。両種の分布様式は異なっているが、稀に近接して生育地しているところもある。両種の生育地はよく似ていて、落葉樹林に多いが、林床には生育せず、林縁・山道沿いに生育することが多い。小さい崖の土上で、排水の良い場所に生育する。直射日光は強く当たらないが、草本の少ない所に生育することが多い。

### 環境要因と分布の関連性

野外における分布や生態の観察を続け、分布情報データベースを作成した。AMEDASのデータと連携させて、全分布地点における、年平均気温、暖かさの指数、夏季と冬季の降水量、最深積雪量、および8月の可能蒸発散量(Thorntwaite, 1948)を求め、環境要因に対する分布頻度を算出した。

冬の降水量に対する分布頻度にはあまり差が見られなかったが、それ以外の4要因については、両種の分布頻度に有意な差異が見られた。垂直分布に密接な関連性ある要因は、イクビゴケは年平均気温、暖かさの指数、および8月の可能蒸発散量、ミヤマイクビゴケは年平均気温だけのようなものである。イクビゴケはミヤマイクビゴケよりも、平均気温により強く限定されるらしい。孢子体の発達状態と海拔の関係を標本についてみると、ミヤマイクビゴケは、受精と孢子散布の時期が海拔に関係なく、ほぼ一斉だが、イクビゴケは海拔によって受精と孢子散布の時期が変わるようである。

### まとめ

1. 両種の分布は、冬季の降水量や積雪量に影響されない。2. ミヤマイクビゴケの分布は、内陸部に偏る。これは、年平均気温によって限定されている。海拔の上昇と気温の低下に対しては、孢子体の成熟期間を短縮することによって適応している。3. イクビゴケの分布は、海岸沿いの低地から内陸部に及ぶ。これは、年平均気温、暖かさの指数、8月の可能蒸発散量によって限定されている。4. その孢子体の成熟期間のずれは、暖かさの指数に対応していることを示唆する。5. イクビゴケの生育地は、比較的排水の良い崖にある。それは、可能蒸発散量を尺度とする耐乾燥性の強さが反映していると考えられる。

## L-17 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

有川智己(慶応大・生物)\*・坪田博美(広島大・院・理・宮島自然植物実験所)・出口博則(広島大・院・理・生物科学)・西村直樹(岡山理大・自然植物園)・樋口正信(国立科博・植物)

Tomotsugu Arikawa, Hiromi Tsubota, Hironori Deguchi, Naoki Nishimura, Masanobu Higuchi

ハイゴケ科は熱帯から極地まで広く分布する、コケ植物の中でも最も大きな分類群の一つである。当初は匍匐する生育形とハイゴケ型蒴歯をもつ蘚類として認識され、のちに現在ハイゴケ目に含まれる10科ほどに細分された。その後、ハイゴケ目の各科について分類学的再検討が進められてきたが、所属のあいまいな属や種はハイゴケ科として処理される傾向にあった。現在、ハイゴケ科は60以上の属、1000以上の種を含む。しかし、これまでに発表されている分子系統解析では、ハイゴケ科が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にならない。

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は、(1) 解析に用いた分類群の不足、(2) 解析に用いた分子種の情報量の不足、(3) 現在の科の概念の再検討の必要などが原因と考えられる。したがって、我々はできるだけ多くの材料を入手するとともに、解析に適切な分子種を検討し、その分子種を用いて解析を行い、合わせて得られた結果をもとに形態形質の見直しを行うことにより、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して研究を行っている。

今回はとくにハイゴケ属および近縁属に着目し、これまで最もデータが蓄積しているrbcL遺伝子の塩基配列約250 OTU分のデータセットにより、系統解析を行った。これには、今回新規に解析された約50 OTUのデータが含まれている。今回の解析では、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るという結果が得られたが、以下の例に示すいくつかの新知見も得られた。(1) ハイゴケ属は多系統性を示すが、ハイゴケ、オオベニハイゴケ、ヒメハイゴケはウシオゴケ属とグループを作る。(2) キャラハラッコゴケとオオカギイトゴケを除くラッコゴケ属は単系統性を示すが、キャラハラッコゴケはホンダゴケおよびキャラハゴケ属と、オオカギイトゴケはヤマトキヌタゴケと単系統となり、ラッコゴケ属とするのは妥当でないことが示唆される。

今後は、適切な分子種を検討し、多くのOTUを含んだ精度の高い系統樹を作成した上で、これまでに提案された分類体系と再度照らし合わせ、形態形質の見直し、ハイゴケ科やハイゴケ属、科内や属内の分類群についての再検討を行う必要がある。

野崎久義\* (東京大・理・生物・進化多様性)

Hisayoshi Nozaki

人間社会の根底でもあり煩悩の根源でもある”メスとオス”、この起源はどのようなものだったのであろうか。メスとオスの区別ができない同型配偶の性（同じような配偶子が合体する）からメス・オスへと進化したと古くから考えられていたが、これを遺伝子レベルで解明した研究はなかった。この問題を解き明かす可能性のある生物が“メスとオスの性をもつ群体性ボルボックス目（ボルボックス、プレオドリナ等の緑藻）”であった。近縁な単細胞性のクラミドモナスは同型配偶の生物で、マイナスの性（メス・オスが不明であるから便宜的にプラス・マイナスで異なる性を表す）が性特異的 *MID* 遺伝子によって決定され、マイナスはプラスに対して優性で、プラスは *MID* 遺伝子の存在でマイナスに性が転換する。従って、クラミドモナスのプラス（*MID* を欠く）が性の原型であり、マイナスは *MID* 遺伝子によってプラス型から派生したものと考えられていた。しかし、長いあいだ継代培養している既存の材料では性発現能力が低下しているため、新たに自然界からプレオドリナの新種 *Pleodorina starrii* (Nozaki et al. 2006, J. Phycol.) を神奈川県相模湖と津久井湖から採取した。この新規培養株は、メスとオスの性が遺伝的に決定されており、オス株だけで容易に精子を大量形成するので適切な材料であった。独自に開発した *MID* 遺伝子の縮重プライマーを用いて、様々な条件検討の結果、精子形成を誘導したオス株から“*OTOKOGP*”を単離した (Nozaki et al. 2006, Curr. Biol.)。

“*OTOKOGP*” はオスだけがもつ遺伝子であり、精子形成時に強く発現した。系統解析によると“*OTOKOGP*”はクラミドモナスの *MID* 遺伝子と共通の祖先をもち、*MID* 遺伝子をもつマイナスの性からオスが進化したと結論された。即ち、性の原型はメスであり、オスは *MID* 遺伝子をもつので派生した性であると理解される。

“*OTOKOGP*”は性染色体領域の中にあると考えられ、この発見は群体性ボルボックス目を用いた性の進化生物学的研究のブレークスルーでもある。本遺伝子を目印に、群体性ボルボックス目の性の各進化段階の性染色体領域が解読され、メスとオスの起源がより具体的に遺伝子レベルで解明されるであろう。本講演では群体性ボルボックス目の性の進化生物学的研究の現状と展望を紹介する。

## L-19 季節・場所で変わるサンゴジュのダニ室動物相

西田佐知子\* (名大 博), 松村俊一 (琉球大 教育), 吉田智弘 (名大 農),  
西田隆義 (京大 農)

Sachiko Nishida, Shun-ichi Matsumura, Tomohiro Yoshida, Takayoshi Nishida

ダニ室は、木本植物の葉上の脈と脈の間にできる小器官である。植物が作るものであり、毛の束状から袋状まで、様々な形態が知られている。内部に肉食や菌食のダニが報告されていることから、植物とダニの共生器官であり、植物は肉食性・菌食性のダニに住まいや避難所を与える代わりに、食害や病気をもたらす生物を退治してもらう恩恵を受けているという仮説が唱えられている。しかし、内部にいる生物やそれによる利益については報告が少なく、ダニ室が本当に肉食性・菌食性ダニとの共生器官であるのか、まだ明らかになっていない部分が多い。

発表者らは今まで、ダニ室の形態・機能について、クスノキを用いて研究を進めてきた。その結果、クスノキのダニ室には複数の形態が見られること、形態によって内部にいるダニの種類が異なること、口の狭いダニ室には食害をもたらすとされているフシダニの仲間が圧倒的に多いこと等を明らかにしてきた。これらの研究から新たに湧き上がってくるのは、「クスノキ以外のダニ室では、本当に肉食性や菌食性のダニが多いのか」という疑問である。

クスノキのダニ室は他種の多くのダニ室と異なり、その入り口が非常に狭まっている。また、クスノキは古くから栽培が行われており、現在みられるダニ室内の動物相が自然状態を反映していない恐れもある。一方、クスノキ以外のダニ室に関する研究の多くは、一時的な採集や観察しか行われておらず、採集された場所や季節によって、報告されたダニに偏りが生じた可能性も否定できない。

そこで発表者らは、クスノキ以外の植物でのダニ室調査を試みた。調査対象には、スイカズラ科ガマズミ属のサンゴジュ *Viburnum odoratissimum* var. *awabuki* を用いた。サンゴジュのダニ室はクスノキ同様穴型だが、入り口が広い。また、日本国内で野生・栽培両方の調査が可能である。調査では、沖縄の自生樹・栽培樹、名古屋の栽培樹について、四季を通じてダニ室内外の動物相を観察した。

その結果、サンゴジュのダニ室内部の動物相は、栽培樹・生育地・季節によって大きく異なることが確認された。そして、時期や生育地によっては、サンゴジュのダニ室にも、食害を与えると言われていたフシダニが非常に多くみられることがわかった。発表ではこれらの結果をふまえ、今までダニ室について報告されてきた動物相の妥当性や、植物とダニの共生仮説について考察を行いたい。

## L-20 分子マーカーによって識別される 2 種ライラック類うどんこ病菌のヨーロッパへの侵入

瀬古夕介・高松進\* (三重大院生資)

ライラック (ムラサキハシドイ) は欧米を中心に世界中で庭木, 街路樹として親しまれている落葉性花木である. ハシドイ属うどんこ病菌 *Erysiphe syringae* は 1834 年に北米で採集された標本をもとに記載され, 19 世紀末に北米からヨーロッパに侵入した. ヨーロッパではほとんど無性世代 (アナモルフ) のみを形成し, 有性世代 (テレオモルフ) である閉子嚢殻を形成することは希であった. 1982 年に, ドイツの Braun は日本から送られた標本をもとにライラックうどんこ病菌の新種 *E. syringae-japonicae* を記載した. 1998 年にはドイツ, スイスでライラックうどんこ病菌に大量の閉子嚢殻形成が確認され, それは数年で全ヨーロッパに拡大した. その菌は Braun により *E. syringae-japonicae* と同定された. しかし, *E. syringae* と *E. syringae-japonicae* の形態的差異は必ずしも明白ではなく, 両種を同一種と考える研究者もいる. 本研究で, 世界各地から採集したライラックうどんこ病標本の rDNA ITS 領域の塩基配列を解析した結果, それらの標本は 2 つの異なる ITS タイプ (S タイプと K タイプ) に分かれた. 両タイプ間の ITS 塩基配列の相同性は 93.9% と低く, 系統樹上で離れて位置したが, 形態的な区別は困難であった. K タイプの塩基配列はイボタノキ属寄生の日本固有種 *E. katumotoi* と 99.8% 以上の相同性を示したが, 形態的には *E. katumotoi* とは異なった. 次に, 新大陸, ヨーロッパ, ロシア, 日本で 1977-2003 年の間に採集されたライラック属, イボタノキ属うどんこ病菌 137 標本について PCR-RFLP により ITS タイプを決定した. ヨーロッパでは 1988 年以前に採集された古い標本はすべて S タイプであった. 1989 年にウクライナで初めて K タイプが検出され, 2000 年以降急速に K タイプが広がった. 2002 年以降にヨーロッパで採集された標本はすべて K タイプであった. 日本産の 77 標本のうち S タイプは 1983-98 年に採集された 3 菌株のみで, 残り 74 標本は 1980 年採集菌株を含めすべて K タイプであった. 新大陸由来の 13 標本はすべて S タイプであった. 以上の結果から, K タイプ菌が近年東アジアからロシアを経てヨーロッパへ侵入し, 従来ヨーロッパに分布していた S タイプ菌と置き変わった可能性が示唆された. 閉子嚢殻形成頻度を調べたところ, K タイプは閉子嚢殻形成が多く, S タイプでは北米で採集された標本をのぞき閉子嚢殻形成はほとんど認められなかった. 以上の結果から, ヨーロッパで近年になってライラックうどんこ病菌の閉子嚢殻が大量に形成されるようになった原因は K タイプ菌の侵入によるものと考えられた. 今後は分類学的取り扱いを含め, 形態, 分子両面からライラックうどんこ病における両 ITS タイプの進化的起源などについて検討を進める予定である.



中藤成実（東京都東大和市）\*・益山樹生（東京女子大・文理）

Narumi Nakato, Shigeo Masuyama

近年、種子植物では3倍体を介しての新たな倍数体形成が注目されている。今回、ゲジゲジシダ (*Thelypteris decursive-pinnata*) の3倍体を用いてその点を確認する実験を行った。ゲジゲジシダには2倍体・3倍体・4倍体 ( $x = 30$ ) の種内倍数体が知られている。2倍体は陰地性（樹林下）で葉はやや大形になるが、4倍体は陽地性（崖地や道端など）で小型である。3倍体は林縁に生育していることが多い。2・4倍体は一般的な有性生殖を行うが、3倍体は通常の雑種に見られるように減数分裂が不規則で、さまざまな形状の胞子ができる。今回、これらの胞子を無機塩培地に散布したところ、内容物に富んだ胞子が発芽して配偶体となった。そこで、これらの配偶体を用いて以下の交配実験を行い、生じた胞子体の染色体数を調査した。

実験1：3倍体株の配偶体を集団培養 → 胞子体形成（自配・他配受精による）

実験2：3倍体株の配偶体を単離培養 → 胞子体形成（自配受精による）

実験3：3倍体株の配偶体（♀）× 2倍体株の配偶体（♂） → 胞子体形成

実験1で形成された胞子体は3倍体 ( $2n = 90$ )・6倍体 ( $2n = 180$ )・異数性の6倍体 ( $2n = 174, 177, 178$  など)、実験2で生じた胞子体は3倍体 ( $2n = \text{ca. } 86, \text{ ca. } 90$ )・6倍体 ( $2n = 180$ )・異数性の6倍体 ( $2n = 176, 178$  など)であった。これらの実験で生じた3倍体はアポガミーによって、また6倍体群は3倍体株から生じた非減数の3倍性（近3倍性も含む）胞子から形成された配偶体に形成された配偶子の受精によって生じたものであろう。

実験3では、2倍体株の配偶体を集団培養した培地に水を十分に張り、そこに3倍体株の配偶体を一昼夜浮かべた後、それらを単離培養した。単離した配偶体に生じた胞子体は4倍体 ( $2n = 120$ )・5倍体 ( $2n = 150$ )・異数性の5倍体 ( $2n = 147, 149$ )であった。このうち4倍体は、上記のようにして形成された3倍体株由来の3倍性配偶子と2倍体株の半数性配偶子の受精によって生じたものであろう。5倍体の起源については、3倍体株から生じた非減数の3倍性（近3倍性も含む）配偶子と2倍体株から生じた非減数の2倍性配偶子の受精によるものと考えざるを得ない。このことは2倍体株も非減数の2倍性胞子を見逃さない頻度で形成している可能性を示唆している。

松本 定\* (科博・植物園) , 海老原 淳 (科博・植物)

Sadamu Matsumoto, Atsushi Ebihara

東アジアの暖温帯を中心に分布するオンダ科ヤブソテツ属(*Cyrtomium*)は、多型種から成る無融合性複合体を多く含む。近年、有性生殖型が徐々に見つかってきてはいるが、未だ分類学的に混乱している属である。松本(2003)はオニヤブソテツで倍数性と生殖型(孢子嚢中の孢子数で判定可)で基本的4型(ヒメオニヤブソテツ, ムニンオニヤブソテツ, オニヤブソテツ, ナガバヤブソテツ)を見出し、染色体観察と交配実験によって4倍体有性生殖(4X Sex)[ナガバ: AABB]と3倍体無配生殖型(3X Apo)[オニ: AAA]のゲノム構成を明らかにした。筑波実験植物園はヤブソテツ・ヤマヤブソテツ群などとの雑種を含めた生株のコレクションも有しているが、それらの母種と推定される分類群を含め、認識できる型(筒井1988)を中心に分析が行われた。

本研究では、オニヤブソテツ, ヒロハヤブソテツ, ヤブソテツ複合体を主対象に、核 *PgiC* イントロンをマーカーとして、SSCP法によるゲノム構成の解析を行い、一部は葉緑体 *rbcL* 遺伝子の情報を加えることで交雑の方向性も推定した。倍数性の推定にはプロイディーアナライザーも併用した。分離した各塩基配列を元に構築した系統樹から、各分類群のゲノム構成が以下のよう推定された。

#### オニヤブソテツ群 (Group-A)

**2倍体有性生殖型 (2X Sex) [AA]**: 「ヒメ」(海岸型)と「ムニン」(南方型)とは、基本的には分子マーカーによって識別可能。

**3倍体無配生殖型(3X Apo)[AAA]**=「オニ」: 「ヒメ」のゲノムと未知の対立遺伝子をヘテロに持つ系統が多数。一部に「ヒメ」の同質3倍体が存在する。

**4倍体有性生殖型(4X Sex)[AABB]**=ナガバ: オニヤブ群の「ムニン」と、オニヤブ群以外の未知種の交雑に起源し、日本全国・濟州島・中国まで、解析した範囲では変異なし。「ムニン」が母親で、単一起源と思われる。

#### その他のヤブソテツ属

**狭義ヤブソテツ(2X Sex / 3X Apo) [EE]**: Eゲノムの親に相当。

**テリハヤブソテツ (3X Apo) [B×E]**: ヤブソテツ群 (Eゲノム) と未知の親 (Bゲノム, 「ナガバ」の未知の片親に近縁) との雑種起源。

**ヤマヤブソテツ(3X Apo)**: 様々なゲノム構成の系統を含む。---「ヒラオ(光沢)型」[C×E]: ヒロハ群 (Cゲノム) とヤブソテツ群との雑種起源; 「ホソバ型」「ツヤナシ型」[D×E]: 未知の親 (Dゲノム) とヤブソテツ群との雑種起源。

**ミヤコヤブソテツ (3X Apo) [C×F]**: ヒロハ群と未知の親 (Fゲノム) との雑種起源。

**イズヤブソテツ (3X Apo) [D×E×G]**: ヤブソテツ群と2つの未知の親 (D, Gゲノム) の雑種起源。

**ツクシヤブソテツ (3X Apo) [C×E]**: ヒロハ群とヤブソテツ群との雑種起源。

## L-23 シダ植物の葉形制御遺伝子の単離と発現解析 ―大葉の多系統性に関する一考察

上原浩一\* (千葉大・園芸・植物構造), 杉本茂雄 (千葉大・自然科学研究科), 浜田朗子 (東京大・総合文化研究科), 伊藤元己 (東京大・総合文化研究科)

Koichi Uehara

維管束植物, 被子植物とシダ植物の起源, 共通祖先をたどると古生代デボン紀の化石植物トリメロフィトンまでさかのぼることが出来る. だがトリメロフィトンは明瞭な葉の構造を持っておらず, それより進化したシダ植物と被子植物の葉が同じ起源なのか, 別個に起源し独立に進化してきたのかはまだ明らかになっていない. 本研究は葉の形態形成で重要な役割を持ち, 植物において普遍的な機能を司る *KNOX* 遺伝子, *LEAFY* 相同遺伝子に着目し, 維管束植物の大葉形成の制御機構の進化について特に単葉と複葉の形態制御の面から明らかにする事を目的としてシダ植物からの両遺伝子の単離と発現解析を試みた.

*KNOX* 遺伝子は, トウモロコシ葉の葉脈の乱れを起こす遺伝子として単離され, 特に複葉のトマトの葉の形態形成制御の分子遺伝学的研究から複葉の形態形成に関わる事が明らかになり *KNOX* 遺伝子の複葉制御の研究が進んでいる.

一方, シロイヌナズナの花序分裂組織決定遺伝子として知られる *LEAFY* 遺伝子はエンドウの複葉形成に関わることから, 被子植物のモデル植物では葉の形態制御に *KNOX* 系と *LEAFY* 系という2つの異なった制御機構が存在する事が明らかになった. その後によりマメ科植物を除く多くの被子植物で *KNOX* 系が複葉形態制御に関与することがわかっている.

より原始的な維管束植物においてはシダ植物小葉類のイワヒバ属において葉の形態形成が *KNOX* 系により制御されるという報告がある, しかしこの報告は材料が単葉型の小葉のみであること, *LEAFY* 相同遺伝子は調べられていないこと, 単離された *KNOX* 遺伝子等をシロイヌナズナを用いて機能解析し, 被子植物と同じ機能を持つ事を示したのみである事から, シダ植物の複葉の形成制御を *KNOX* 系に特定する結果とは言い難い.

発表者らは複葉の進化を明らかにすることを目的としてシダ植物のシケシダ・ヘラシダ (同属の複葉と単葉をもつ) の *KNOX* 遺伝子・*LEAFY* 相同遺伝子の単離とリアルタイム PCR・*in situ* ハイブリダイゼーションによる遺伝子発現解析を試みた. その結果, 複葉のシケシダと単葉のヘラシダで *LEAFY* 相同遺伝子発現量に有意の差が認められたが *KNOX* 遺伝子は差がなかった. このことからシダ植物では *LEAFY* 相同遺伝子により制御されていることが明らかとなった.

## L-24 島根県産のベニシダ類有性生殖種と無融合生殖種の多型について

林蘇娟\*、後藤彩、水野翼(島根大・生物資源・生物科学)

Lin Su-Juan, Goto Aya and Mizuno Tsubasa

ベニシダ類 *Dryopteris erythrosora* group (Ito, 1939, Hirabayashi, 1974)は日本の本州から九州まで広く分布し、3倍体無配生殖種は圧倒的多数の存在にも関わらず、極めて多型であることで、分類学的に困難なグループとして知られている。

昨年の報告では、無配生殖種の起源と多型形成機構を明らかにするため、多型を引き起こす変異を取り込むことに関与しているベニシダ類の有性生殖種(型)の調査を行った。有性生殖種(型)は関東から九州までの12か県に広く分布していることが判り、形態的、遺伝的変異が有ることが明らかになった。

今回は、さらに島根県産のベニシダ *D. erythrosora*(3x, apo.)とハチジョウベニシダ *Dryopteris caudipinna*(2x,sex.)を中心に、形態的、遺伝的多型の比較的調査をおこなった。

その結果:

1. ベニシダの変異型と分類されているミドリベニシダ(*D. erythrosora* O.kuntze form *viridisora* H.Ito)が島根県(隠岐、長海)にも生息していることが改めて確認され、従来報告されたような三倍体無配生殖型ミドリベニシダの他、二倍体有性生殖型ミドリベニシダが島根県隠岐郡で多数生息していることがわかった。
2. ミドリベニシダ(2x, sex)がハチジョウベニシダ(2x, sex.)と混生、同様に形態的、遺伝的多型であることがわかった。ハチジョウベニシダと比較したところ、形態的に胞膜の色でしか区別出来ず、酵素多型分析によって、遺伝的差異も不明瞭であるため、ミドリベニシダ(2x, sex.)はハチジョウベニシダから独立した分類群として認められなかった。
3. 島根県産のミドリベニシダ(3x, apo.)は最下小羽片が消失、胞膜が紅ではないなどの特徴によって、形態的にベニシダと区別出来ることが明らかになった。ベニシダ(3x, apo.)、ミドリベニシダ(3x, apo.)及びハチジョウベニシダ(2x, sex.)が限られたエリアに混生しているため、3者のアロザイム多型による種間・集団間の分析と生殖機構についての考察を行った。

## L-25 下部白亜系有田層から産出する鉱化化石群集の特徴

山田敏弘（金沢大・院・自然科学）\*・Julien Bernard Legrand（東大・院・生物）・西田治文（中央大・理工・地学生物）

Toshihiro Yamada\*, Julien Bernard Legrand and Harufumi Nishida

東ヨーロッパから極東に及ぶ地域（Euro-Sinian region）のジュラ紀後期～白亜紀前期にかけての植物相は高緯度地域に分布するシベリア型植物群と低緯度地域に分布するゴンドワナ型植物群に大別される。日本においてもこれらに相当する植物群が分布し、内帯日本（中央構造線よりも日本海側の地域）に分布するシベリア型植物群は手取型植物群と呼ばれ、外帯日本（同太平洋側）に分布するゴンドワナ型植物群は領石型植物群と呼ばれている。

シベリア型植物群はイチョウ目や豊富なシダ植物を含むことで特徴づけられ、温暖湿潤な気候下に生息したとされる。一方、ゴンドワナ型植物群はヘゴ科のシダ植物や豊富なベネチテス類によって特徴づけられ、乾期を伴う気候下に生息したと考えられている。従来の研究では、これらの植物群が生息した環境を、表皮細胞の特徴や産出する地層の特徴から推定しているが、植物化石の細胞組織学的特徴に基づいて推定した研究例はない。またこれまでの研究のほとんどは印象化石に基づいており、各植物群を構成する植物の類縁が十分に推定されていない。私たちは最近、和歌山県有田郡吉備町、湯浅町に分布する下部白亜系有田層（オウテリビアン～バレミアン：131～121Ma）からゴンドワナ型植物群を含む鉱化化石群集を発見したので報告する。

鉱化化石群集は沖合の乱泥流堆積物中の石灰質ノジュール中に含まれ、これまでのところ、ウラジロ科、ヘゴ科の孢子囊および小羽片、*Ptilophyllum cutchense*, *Zamites chosiensis*などのキカデオイデア類の葉、*Nilssonia shunbergensis*（ソテツ目）の葉、ナンヨウスギ科の雄性生殖器官などが見いだされた。このうちキカデオイデア類の葉には、「葉の背軸側にはribが発達し、気孔がribの付け根付近にある」、「孔辺細胞の外側に面したクチクラ層が気孔の開口部を覆うように張り出す」などの水分の蒸散を抑えるための特徴が観察され、ゴンドワナ型植物群が乾期を伴う気候下に生息したことを支持した。また、これらの葉の維管束には単子葉類の維管束鞘に類似した組織が発達し、C4/CAM回路を持つことで乾燥に適応していた可能性が推定された。今後この可能性をさらに検証するため、植物体の炭素同位体比（ $\delta C 13$ ）を測定する必要があるだろう。

L-26 タデ原および坊ガツル湿原（大分県九重）周辺に生育する  
植物種の遺伝的特異性

岩崎貴也（京大・理・植物）・瀬尾明弘（地球研）・

村上哲明\*（首都大・牧野標本館）

Takaya Iwasaki, Akihiro Seo, Noriaki Murakami

今回、主たる研究対象地域とした九重火山群湿原内タデ原湿原および坊ガツル湿原は、ブナ帯下部の落葉広葉樹林帯に相当し、高層湿原と低層湿原の丁度中間的な高度に発達した非常に特異な湿原である。このように似た環境が周辺の他の地域にほとんど存在しないような場所には、遺伝的にも特異な植物が適応して生育している可能性がある。

これまで保全目的で行われてきた調査といえば、植生調査が最も一般的なものであった。このような調査は、基本的に種（species）を単位にして行われる。しかし、主として外部形態のちがいによって分類学的に認識・記載されてきた種（形態種）には、隠蔽種を多数含んでいるものさえ少なからずあることが演者らの研究でわかってきている。また、1つの生物学的種内でも、地域集団ごとにある程度の遺伝的分化が見られることが、むしろ一般的である。他の地域の同種集団から遺伝的に大きく分化した植物集団が成立している可能性も十分考えられるタデ原湿原のような場所の保全政策を合理的に策定するには、種を単位にした調査だけでは不完全であり、その遺伝的特異性まで含めた調査を行うことが必須になる。すなわち、そこに生えている個々の植物種の遺伝的構成が、周辺（九州の他地域など）や遠く離れた他の地域（本州など）の同じ植物種の遺伝構成とどのくらい違っているのかを評価する必要があるのである。

そこで、本研究では、Iwasaki *et al.* (2006) で大きな種内の遺伝的変異が報告されており、九州全土の落葉広葉樹林に広く分布しているツリバナ、ウワミズザクラ、ホオノキなどと、湿原内に生育しているツクシゼリなどを材料として選び、九重タデ原湿原および坊ガツル湿原周辺と九州全域から集団サンプリングを行った。そして、これらのサンプルについて葉緑体DNA非コード領域の塩基配列解析を行い、地域間の遺伝的関係性を調べた。得られた結果に基づいて、タデ原および坊ガツル湿原周辺に生育する植物種の遺伝的特異性について考察する。

なお、本研究はセブン-イレブンみどりの基金の「自然環境保護・保全にかかわる調査研究助成」によって行われた。

## L-27 タデスミレ (*Viola thibaudieri*) の個体群構造および生育環境

尾関雅章・大塚孝一\* (長野県環境保全研究所)

Masaaki Ozeki, Koichi Otsuka\*

タデスミレ *Viola thibaudieri* Franch. et Sav. は、スミレ科の夏緑性多年生草本で、タデ類の葉に似た葉をつけることからその名がある。地上茎は、塊状の地下茎から1~3本生じ、高さ30~50cmとなる。花は白色で、径約1.5cm、1地上茎に1~5花をつける。

タデスミレの自生地は、これまで本州中部に2ヶ所が知られているのみで、その推定個体数や減少率の予測から、レッドデータブックでは、絶滅危惧IA類とされている(環境庁2000)。危険性の主要因には、植生遷移・道路工事・採集の影響が指摘されているが、井上(1991)は、このタデスミレの集団のサイズ構造について、小型個体の頻度が低いこと、また実生個体が観察されないことを報告しており、自生地の環境条件の変化にともない、新規個体の参入による個体群の維持・更新が困難となっていることも危惧される。

そこで、タデスミレ個体群のサイズ・空間構造からその更新動態を検討するとともに、新規参入個体定着に係る環境条件を明らかにすることを目的として、タデスミレの個体群調査および生育環境の計測を行った。調査区(15m×15m)は、自生地のミズナラ天然林内に設け、1m<sup>2</sup>ごとにタデスミレの開花状況の確認、サイズ・生育位置および生育環境(開空度・土壌水分・草本層植被率・立木)の計測を行った。なお、本調査では、個々の地上茎を調査対象とし、同一の地下茎から生じる地上茎群を個体として扱った。

調査の結果、267個体(開花個体:63個体、非開花個体:204個体)のタデスミレが確認された。地上茎の基底断面積合計を基にサイズ区分(サイズクラス1~8)を行うと、大型個体の頻度が高い、一山型のサイズ構造を示した(図1)。小型個体の頻度は低かったが、サイズ構成が連続していることから、この個体群では、新規個体の参入が低頻度であるものの連続的に生じていることが示唆された。個体の空間分布では(図2)、開花・非開花個体とも疎らとなる空間がみられ、それらの場所では常緑針葉低木の鬱閉や草本層植被率の低下が生じていた。

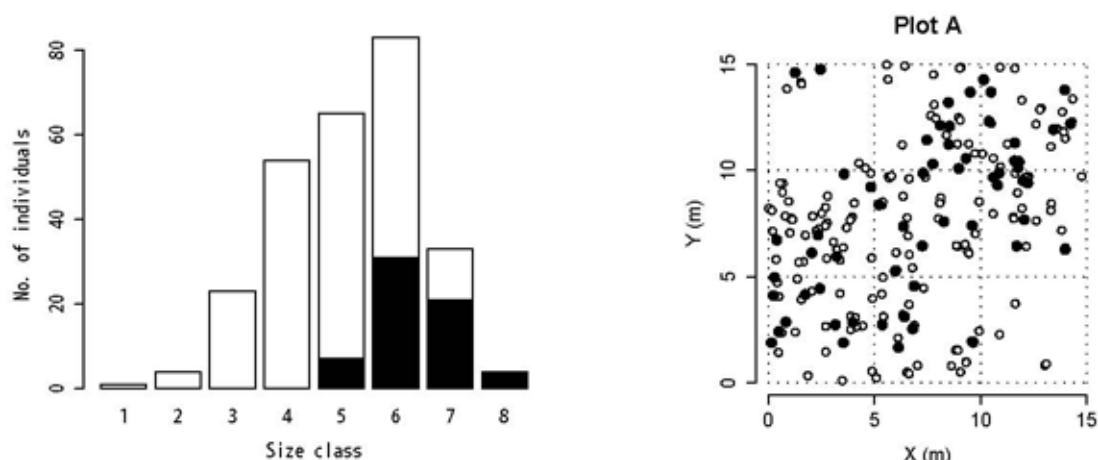


図1 タデスミレのサイズ構造。黒棒図2 タデスミレの個体分布。黒丸はは開花個体、白棒は非開花個体を示す。開花個体、白丸は非開花個体を示す。

## L-28 琉球列島産ヒメショウジョウバカマの外部形態種内変異

國府方吾郎 (科博・筑波実験植物園)\*・横田昌嗣 (琉大・理・海洋自然)

Goro Kokubugata, Masatsugu Yokota

ヒメショウジョウバカマ (*Heloniopsis kawanoi*) はショウジョウバカマ属 (広義ユリ科) の小型の多年草である。本種は西表島で採集されたタイプ標本をもとに小泉 (1937) により記載され、これまでに琉球列島の奄美大島、徳之島、沖縄本島、石垣島、西表島にのみ自生が確認されている。今回、このうち奄美大島1産地と西表島2産地のヒメショウジョウバカマの外部形態を比較した。3産地から採集されたそれぞれのヒメショウジョウバカマを温室において同一環境で栽培し、各個体の花のつき方、花被片の長さとの幅の比を比較した。あわせて体細胞分裂時の染色体数の比較も行った。

奄美大島では雲霧帯のコケの生えた岩や倒木の上などに生育し、西表島では川沿い或いは水が滴る崖などに生育していた。また、沖縄本島、石垣島では西表島と同様な環境に生育していた。

花のつき方において、奄美大島産の花はほぼ上方向を向くのに対し、西表島産の花は花茎に対してやや上斜めに向いた。今回は同一環境で栽培された個体を比較した結果であるが、各自生状態の個体でもこの特徴がみられることが強く示唆された。

花被片の長さとの幅の比 (長さ/幅) において、奄美大島産は花被片の長さが41.5mm、幅が16.2mm (それぞれ6枚の花被片の平均)、その比が2.5であった。一方、西表島の1産地では花被片の長さが47.3mm、幅が9.6mm、その比が5.0、他1産地では花被片の長さが56.7mm、幅が13.3mm、その比が4.3であった。

染色体においては、上記3産地に加え、沖縄本島2産地、石垣島1産地、西表島1産地から採集した計6個体を観察した。観察の結果、6個体ともに染色体数は $2n = 34$ で違いは認められなかった。



日本産アザミ属の分類学的研究 7.  
東北日本・日本海側沿海山地のアザミ

門田裕一(国立科学博物館植物研究部)\*

Yuichi KADOTA\*

東北地方日本海側の沿海山地から、トガアザミ *Cirsium togaense* Kadota とリョウウアザミ *C. domonii* Kadota の 2 新種を記載した。

### 1. トガアザミ (戸賀薊)

トガアザミはリシリアザミから次の点で区別される;

1) 総苞片は 12-13 列であり, 2) 総苞外片が長さ 3 mm でより短く, 3) 茎葉が有柄で, 基部は抱茎せず, 4) 楕円形の腺体が中片と内片にある

トガアザミは秋田県男鹿半島の日本海沿海山地に広く分布し, 海岸沿いの広茎草原や男鹿山地の山間の草原に比較的普通にみられる。しかし, 秋田県内陸部では見つかっていない。和名は基準産地が男鹿市戸賀であることによる。

### 2. リョウウアザミ (両羽薊)

リョウウアザミはリシリアザミから次の点で区別される;

1) 総苞片が 10-11 列であり, 2) 茎葉が長楕円形で, 常に全縁葉的になる

リョウウアザミはトガアザミから次の点で区別される;

1) 総苞片が 10-11 列であり, 2) 茎葉が長楕円形で, 常に全縁葉的になり, 3) 茎葉の基部が抱茎し, 4) 腺体を欠く

リョウウアザミは日本海側沿海山地のカシ類やヤブツバキなどを主体とする常緑広葉樹林の林縁や林間の草原に生える。分布域は鳥海山西麓と, 少し離れた山形県南部の加茂丘陵である。北限は秋田県にかほ市両前寺, 南限は山形県鶴岡市小波渡であり, 新潟県では見つかっていない。なお, 和名の『リョウウ(両羽)』とは羽後と羽前の双方にまたがって分布することによる。

### 3. 新亜節リシリアザミ亜節

トガアザミとリョウウアザミは, 花期に根生葉は生存せず, 茎葉が革質で, 頭花が直立し, 総苞は鐘形〜広筒形, 総苞片は反曲ないし開出し, 染色体数  $2n=4x=68$  の四倍体種であり, 海岸沿いの草原や林縁に生えることで, 利尻島固有のリシリアザミ *C. umezawanum* Kadota (1998) によく似ている。そこで, リシリアザミをタイプとして, ナンプアザミ節 *Sect. Onotrophe* (Cass.) DC. の中に新亜節リシリアザミ亜節 *Sect. Littoralicola* Kadota を建てることを提唱する。

渡邊幹男<sup>1\*</sup>・山本真梨子<sup>1</sup>・石原和代<sup>1</sup>・石川恭子<sup>1</sup>・櫛田敏宏<sup>2</sup>・伊東 明<sup>3</sup>・芹沢俊介<sup>1</sup>  
(1.愛知教育大学 生物) (2. 愛知県総合教育センター) (3. 大阪市立大学・院・理学)

Mikio Watanabe, Mariko Yamamoto, Kazuyo Ishihara, Kyoko Ishikawa, Toshihiro Kushida, Akira Itoh, Shunsuke Serizawa

日本列島に生育するタンポポ属植物は、有性生殖を行う 2 倍体種と無融合生殖を行う倍数体種がある。倍数体種の中には、セイヨウタンポポ *Taraxacum officinale* Weber, アカミタンポポ *T. laevigatum* DC. の、2 種のヨーロッパ原産のタンポポ属植物が帰化種として生育している。特にセイヨウタンポポの大部分が交雑によって有性生殖を行う在来種の遺伝的特性を取り込んでいる (渡邊ほか 1997a,b, 芝池他 2002)。このように、交雑によって他種の遺伝子を取り込む傾向を持つ無融合生殖種は強奪種と呼ばれ、他の有性生殖種の遺伝子を取り込むことによって相手の種の分布域を侵略し、分布を拡大していくことができるものと思われる。なかでも雑種性セイヨウタンポポは、スーパー帰化種として在来種の生育地にまで分布を拡大している (渡邊ほか 1997c)。1990 年代半ばにおける愛知県の 3 地域でのニホンタンポポと雑種性セイヨウの遺伝的特性から、雑種は比較的低頻度で生じ、クローンとして広がっている可能性が高いことが推定された (渡邊ほか 1997a)。しかし、2004 および 05 年に愛知県の豊明市および岡崎市の 2 地域でアロザイム酵素多型解析を用いて遺伝的特性を再調査した結果、特に雑種性セイヨウは遺伝的に複数のパターンがあり、クローン性があまり高くないことが示唆された。そこで、強奪種として形成された各種タンポポのさらに詳細な遺伝的特性を明らかにする目的で調査を行った。

調査は、2006 年 4 月下旬に大阪府堺市泉北ニュータウンで行った。そして、採集された個体はアロザイム酵素多型解析(GOT, 6PG) および葉緑体 DNA(trnL-F)解析を用いて各種タンポポに識別した。また、詳細な遺伝的特性を明らかにするためにマイクロサテライトマーカーによる解析を行った。さらに遺伝子型を決定するためにフローサイトメトリーにより、倍数性を明らかにした。

今回 9 つのマイクロサテライトマーカーを用いてニホンタンポポ 21 個体、雑種性セイヨウ 20 個体、偽雑種性セイヨウ 4 個体、真セイヨウ 1 個体、偽セイヨウ 5 個体、偽雑種性アカミ 1 個体、真アカミ 3 個体、偽アカミ 3 個体の計 58 個体について解析を行った結果、雑種性セイヨウ 20 個体中 16 クローンであった以外はすべて遺伝的に異なっていた。すなわち、無融合生殖種である帰化タンポポは強奪種として頻繁に交雑をおこない雑種形成をし、遺伝的多様性が生じることが示唆された。

## L-31 琉球列島における *Ainsliaea* 近縁種間の系統地理学的研究

三井裕樹（京都大・院・人間・環境）\*, 瀬戸口浩彰（京都大・院・人間・環境）

Yuki Mitsui, Hiroaki Setoguchi

これまでの系統地理学的な研究から、第四紀の気候変動に伴う海水面の上昇と下降によって、琉球列島が中国大陸と日本列島を結ぶ陸橋の形成と分断を繰り返し、植物の移動と隔離を促したことが、植物の分化に大きな影響を与えたことがわかっている。現在琉球列島において広域、あるいは局所的に分布し多様化を遂げているモミジハグマ属 (*Ainsliaea*) の近縁な4種；オキナワテイショウソウ (*A. macroclinidioides* var. *okinawensis*)、ナガバハグマ (*A. oblonga*)、ホソバハグマ (*A. faurieana*)、キッコウハグマ (*A. apiculata*) の集団間の遺伝構造と、種分化における地史の影響を明らかにすることを目的に、琉球列島の約20集団を用いて系統地理学的研究を行った。核と葉緑体の非コード領域の配列から約2400塩基の配列を決定し、台湾の *A. macroclinidioides* を外群とした最節約法による系統解析を行った結果、琉球列島に広域分布するオキナワテイショウソウの南琉球地域の集団が最も祖先的であり、南琉球地域の集団と中琉球地域以北の別種を含む集団との間において遺伝的に大きな分化が見られた。また、中琉球以北の4種の集団間には遺伝的な分化がほとんど見られないことがわかった。この近縁な4種は比較的新しい時代に分化し、形態的に大きく異なることから、各地域の生育環境下で非常に強い選択圧がかかり種分化を遂げていると考えられる。また、南琉球と中琉球の間の慶良間海峡が、歴史的に最も大きな地理的な障壁であったことが示唆された。

## L-32 島嶼環境が植物の種分化に与えた影響～伊豆諸島固有種ニオイウツギにおける各種形質・遺伝的多型解析からの考察～

山田孝幸\*（東北大・院・生命）・兒玉公成（東北大・理・生物）・柏木丈拡（高知大・農）・沢村正義（高知大・農）・牧雅之（東北大・院・生命）

Takayuki Yamada, Kosei Kodama, Takehiro Kashiwagi, Masayoshi Sawamura, Masayuki Maki

過去の多くの研究例から、島嶼では固有の植物相が存在し、大陸とは異なる種分化機構が働くことが示唆されている。本研究では、伊豆諸島固有種ニオイウツギ(*Weigela coraeensis* var. *fragrans* Ohwi)とその母種であるハコネウツギ(*W. coraeensis* var. *coraeensis* Thunb.)の分化について、外部形態学的解析、花香分析、訪花昆虫相の解析、遺伝学的解析から得られたデータをもとに検討する。

ハコネウツギ類の花筒長は、本州の集団に比べて伊豆諸島の集団の方が短くなる傾向が見られた。また、伊豆諸島内においても、北部の集団に比べ、南部の集団では花筒長が有意に短くなる傾向が見られた。判別分析を行うと、本州と伊豆諸島の集団は花部形態上分化していることが分かった。花香分析においては、13種類の花香成分が同定され、最も多量に検出された成分はリモネンであった。花香成分の組成および花香の総量において、集団間分化は認められなかった。訪花昆虫相を調査した結果、大島を除く伊豆諸島では、本州においてハコネウツギの主要な訪花昆虫であるマルハナバチ類が存在せず、代わりに、マルハナバチ類より小型のコハナバチ類が、ニオイウツギの主要な訪花昆虫であることが判明した。ニオイウツギでは、コハナバチ類の体サイズに合わせて花部が小型化したとみられる。また、従来、ハコネウツギよりもニオイウツギの方が花香が強いとされてきたが、花香成分の組成および花香の総量において、集団間分化が認められなかったことから、ハコネウツギ類は、訪花昆虫相が異なる本州と伊豆諸島において花香を分化させることなく、複数種の訪花昆虫を誘引していると思われる。

酵素多型、ISSR、マイクロサテライトマーカーを用いた解析により、ハコネウツギ類における遺伝的多様性は、本州の集団で高く、伊豆諸島の集団で低い傾向が見られた。さらに、伊豆諸島を南下するにつれて、遺伝的多様性が減少する傾向が見られた。ニオイウツギ集団は、伊豆諸島の北部から南部へと分布を拡大したときに、各島において創始者原理によって遺伝的多様性が減少したと考えられる。また、本州と伊豆諸島の間で遺伝的な分化が生じていること、本州の集団に比べ、伊豆諸島の集団間では集団間分化が進んでいないことから、伊豆諸島のニオイウツギは、ハコネウツギから分化した後、比較的短期間に分布を拡大したものと考えられる。

伊豆諸島に固有な植物種のさらなる研究によって、種を問わず共通に見られる分化過程と、それぞれの種独自の分化過程の両方を明らかにできると期待できる。

徳岡 徹 (京大・人環) \*

Toru Tokuoka (Kyoto University)

スミレ科 (Violaceae) はMunzinger & Ballard(2003)の分類システムによると3亜科23属およそ800種を含み、新旧熱帯に主に分布している。スミレ科内の分類では花や果実の大きさ、葉の油点の有無、花糸の合着度、果実の種類によって、Fusispermoideae 亜科 (*Fusispermum*属のみ)、Leonioideae亜科 (*Leonia*属のみ)、スミレ亜科 (残り21属) に分類され、スミレ亜科内では花が放射相称/左右相称、雄蕊の付属物などで分類されるが中間的な特徴を持つものもあり明確に分類されているとは言い難い。

一方これまでのスミレ科内における分子系統の研究では*rbcL*遺伝子を用いた系統解析 (Hodges et al. 1995; Amer. J. Bot. Suppl.) と *trnL-F*領域を用いた系統解析 (Feng & Ballard 2005; at IBC) が報告されているが、亜科間の系統関係や属間の詳細な系統関係は明らかではない。

そこで、スミレ科の亜科間、属間の系統関係を明らかにし、これまで属間の分類に用いられてきた形態形質の進化を明らかにすることを目的として研究を行った。

スミレ科に含まれる19属39種の葉緑体*rbcL*遺伝子 (1331bp)、*atpB*遺伝子 (1469bp)、*matK*遺伝子 (aligned length;1485bp) 及び核18S rDNA (1736bp) の塩基配列の解析を行い、最節約法で系統解析した。外群にはトケイソウ科を用いた。

その結果、ただ1つの最節約系統樹が得られた。この系統樹では内群の38の分岐のうち35の分岐がブーツストラップ値が50%以上で支持された。

スミレ科の単系統性は強く支持され、スミレ科の最初の分岐は*Fusispermum*属であり、これまでの分類システムとよく一致した。一方、*Leonia*属はスミレ亜科の中に含まれ、*Gloeospermum*属と姉妹群を作る。従って、Leonioideae亜科を特徴づける、葉に油点がある、花糸が融合して長い筒を形成する、堅果をつくるという特徴は*Leonia*属の固有派生形質であると考えられる。

また、花が放射相称/左右相称かという形質では放射相称が原始形質、左右相称が派生形質であり、左右相称への進化がスミレ科内で複数回起こったと考えられる。その他に雄蕊の付属物や種子に関する形質についても議論を行う。

## L-34 日本産スゲ属植物の分子系統学的解析と亜属の分類

星野卓二\*・正木智美(岡山理大・総情・生地)・Marcia J. Waterway (McGill Univ. Canada)

Takuji Hoshino, Tomomi Masaki, Marcia J. Waterway

カヤツリグサ科スゲ属(*Carex*)は日本で 300 種以上が報告されており、属内の種数が高等植物の中で最も多く、高山から海岸まで広く分布している。Kükenthal(1909)はスゲ属を原始スゲ亜属(*Psyllophora* = *Primocarex*)、マスクサ亜属(*Vignea*)、ハナビスゲ亜属(*Vigneastra* = *Indocarex*)、スゲ亜属(*Carex* = *Eucarex*)の4亜属に分けたが、その分類は研究者により異なっている。また、スゲ属は Cariceae 連(スゲ連)に属していて、瘦果が果胞に包まれることで他の連と区別される。スゲ連には *Carex*, *Cymophyllus*, *Kobresia*, *Schoenoxiphium*, *Uncinia* の5属が報告されている(Reznicek 1990)。Kükenthal(1909)は小穂や果胞の形態に基づいて *Schoenoxiphium* から *Kobresia*, *Uncinia*, *Carex* に進化したと述べている。しかし、最近の分子系統の解析からは、スゲ連は単系統となりすべての属がスゲ属に含まれることが報告されている(Starr *et al.* 1999, Yen *et al.* 2000, Roalson *et al.* 2001)。従って、スゲ属の亜属や節の系統を明らかにするためには、近縁属のデータも加えた解析が必要となる。本研究では、日本産スゲ属植物 42 節 96 種とスゲ連4属7種の核リボソーム遺伝子 ITS、ETS 1fを用いて分子系統学的解析を行ない日本産スゲ属の系統関係を明らかにすることを目的とした。

その結果、スゲ連の5属は単系統となり、その中に次の4つのクレードが認められた。1) スゲ亜属タガネソウ節: 小穂は複数で有柄、葉幅が広く、染色体数が  $2n=12$  とスゲ属内で最も少ない。2) 原始スゲ亜属: 小穂は1個。3) マスクサ亜属: 小穂は複数でほとんどが無柄、花序は穂状、前葉はない。4) スゲ亜属とハナビスゲ亜属: 小穂は複数でほとんどが有柄、花序は総状または円錐状。近縁3属(*Kobresia*, *Schoenoxiphium*, *Uncinia*)は、原始スゲ亜属と同一クレードに含まれ入れ子状になっており Kükenthal の見解は支持されなかった。また、ミヤマジュズスゲ節が *Kobresia* や *Uncinia* と同じクレードに含まれたが、小穂軸(花序の側枝)が果胞の中から出る点で共通しており、分類に小穂軸の形態は重要であると考えられる。

タガネソウ節がスゲ連の基部で独立したクレードを形成することが明らかになった。国外の種を加えた 400 種の核リボソームおよび葉緑体遺伝子 *trnL*, *trnL-F* の非コード領域を用いた解析でも同様な結果が得られていることから、タガネソウ節は亜属レベルの分類群として区別できると考えられ、亜属の再検討が必要である。また、日本産スゲ属の節の分類と系統樹の比較では、ヒエスゲ節のように単系統を示すものや数個の節がまとまって1つのクレードに含まれるものが多かった。従って、節の分類に関しても分子系統を参考にして組み直す必要があると考えられる。

## L-35 日本産スゲ属（カヤツリグサ科）の分子系統

山下 純\*（岡山大・資生研）

Jun Yamashita

Ohwi(1936)と Koyama(1961)は、日本産スゲ属に、小穂基部に前葉のない subgen. *Vignea* マスクサ亜属と、小穂基部に前葉のある subgen. *Eucarex* (= *Carex*) 真正スゲ亜属を認めた。節の認識については、彼らの間に相違があり、Ohwi(1936)によれば日本産スゲ属は 2 亜属 51 節に分類されるが、Koyama(1961)によれば 2 亜属 14 節である。Koyama の分類は Ohwi の認めた節をおおむね結合する形になっている。

これらの属内分類群が系統を反映するかどうかは、いまだ不明である。本研究では、日本産スゲ属内の分類群認識を再検討するために、DNA 塩基配列による分子系統解析を行った。また、日本におけるカヤツリグサ科の分子系統学的研究は主に核 DNA の塩基配列を用いて行われてきており、葉緑体遺伝子に基づいた分子系統研究は進んでいないので、カヤツリグサ科の新しい情報源として葉緑体 *trnK* 遺伝子を用いた。

Ohwi(1936)の認識に従って、スゲ属の 2 亜属 25 節 29 種を用い、*matK* を含む *trnK* イントロン全域の約 3300bp を決定し、最節約法で解析した。外群として、カヤツリグサ科 10 属のほか、イネ科、イグサ科、ガマ科を用いた。

得られた最節約分岐図の厳密合意樹を作成した結果、マスクサ亜属は単系統群となったが、マスクサ亜属と真正スゲ亜属は分子系統樹上では対等なまとまりではなく、マスクサ亜属は真正スゲ亜属に含まれた。

また、Koyama(1961)が認めた節に関しては次の点が、いずれも高いブートストラップ確率で示唆された：(1) Koyama はマスクサ亜属の中に sect. *Heleonastes* ハクサンスゲ節と sect. *Vignea* マスクサ節の 2 節を認めたが、分子系統樹上ではハクサンスゲ節はマスクサ節に含まれる。(2) sect. *Extensae* ヒゴクサ節は、分子系統樹上ではまとまらない。(3) 小穂基部の前葉が果胞状に膨らむことによって認識される sect. *Indicae* ジュウモンジスゲ節は、分子系統樹上ではまとまらない。

Ohwi(1936)が認めた節については、今回の分子系統解析では、各節を代表する OTU が少なすぎたために再検討できなかった。しかし sect. *Hirtae* ビロウドスゲ節は単系統群ではないことが示唆された。

さらに、解析に用いた種の形質状態を厳密合意樹上で最節約的に配置したところ、次のような形質進化過程が推定された：(1) 小穂が無柄である形質状態は、小穂が有柄である状態から派生した。(2) 2 岐する柱頭は、3 岐する柱頭から平行的に複数回進化した。

今後は、解析する節の数と各節内の OTU を増やすと共に、同じ材料を用いて核 DNA 領域の解析を行い、葉緑体分子系統と核分子系統とを比較しながら、スゲ属の多様化過程を明らかにし、属内分類群の認識に有効な形質を探る必要がある。

## ザゼンソウ属とミズバショウ属(サトイモ科)の 胚珠の発生と構造の比較研究

門川 朋樹\*・戸部 博(京大院・理・植物)

Tomoki KADOKAWA, Hiroshi TOBE

サトイモ科は多年生草本の単子葉植物で、熱帯から北半球の亜寒帯に掛けて106属約4000種が分布している。肉穂花序、それを包む仏炎苞、網状脈を形成する葉などの形質を共有し科としてよく纏まる一方で、その外部形態は非常に多様であり、また分子系統解析では原始的単子葉植物であるオモダカ目の中でも最も原始的な植物の一つと推定され、多くの分類学的研究が為されてきた。

サトイモ科の胚珠の解剖学的研究は20世紀初頭を中心に行われてきたが、子房室内の粘液が妨げとなり組織の固定・観察に困難が伴ったため、未だ多くの問題点が残されている。例えば重要な分類形質である側膜細胞形成の有無に関しては、16属において報告があるが、そのうち15属において隣接する珠心表皮の並層分裂も報告されており、しかもその研究例のほとんどは添付図がスケッチのみで写真を伴わず、観察結果の検証も困難な例が見られている。

本研究で取り上げるザゼンソウ属はサトイモ科の中でも最も原始的な属の一つと推定されている。サトイモ科中報告のある27属の成熟胚珠では1-3細胞層の珠心先端組織が胚嚢の珠孔側を覆っているが、このザゼンソウ属では例外的に4-6層の珠心先端組織が形成されるとされ、またその由来も未だ明らかではなかった。このザゼンソウ属の胚珠の発生と構造を明かにすることは、サトイモ科の胚珠の進化を推定する上で非常に有益な情報をもたらす。

そこで本研究ではザゼンソウ(*Symplocarpus foetidus* var. *latissimus*)とヒメザゼンソウ(*S. nipponicus*)を中心に近縁であるミズバショウ(*Lysichiton camtschatcense*)と共に胚珠の発生を観察し、他の研究結果と比較を行った。

ザゼンソウ属では側膜細胞の形成が確認された。珠心先端部の表皮細胞がまず1回並層分裂を、続いて2層の娘細胞が再び並層分裂を行い、珠心先端部の組織は表皮由来であることが明らかとなった。厚層の外珠皮は珠孔を形成しない。また内珠皮はよく発達するが、成熟胚珠でも珠心先端に達しない例が観察された。この様な珠孔を形成しない胚珠においても受精が確認された。同様な珠心先端の組織、発達するが珠孔を形成しない内・外珠皮はミズバショウでも観察された。

先端表皮が並層分裂を行う珠心組織の形成はサトイモ科以外にも他のオモダカ目植物やシヨブ目でも知られており、この様な珠心組織形成が原始的単子葉植物の胚珠の特徴である可能性が示唆された。



## L-37 リュウキュウハンゲ属 (サトイモ科) の分子系統と新知見

邑田 仁\* (東大・理・植物園)、田中伸幸 (高知県牧野植物園)、邑田裕子 (摂南大学薬学部)、武 素功 (中国科学院昆明植物研究所)、大井 (東馬) 哲雄 (東大・理・植物園) Jin MURATA\*, Nobuyuki TANAKA, Hiroko MURATA, Sugong WU, Tetsuo OHI-TOMA

リュウキュウハンゲ属 *Typhonium* は主に熱帯アジアに分布し、アフリカ、アジアの温帯、オーストラリアまで広がっている。最近多くの新種が発表され、約70種が認められる。インド産の *Theriophonum*、ヨーロッパ・西アジア産の *Arum*、*Biarum*、*Dracunculus*、アジアからアフリカにかけて広く分布する *Sauromatum* などと共にサトイモ科のアルム連 *Areae* に属するとされてきた。リュウキュウハンゲ属についての分子系統解析は Sriboonma et al. (1993) の RFLP 解析が最初で、この結果とシュート構成などの形態形質の詳細な検討結果 (Murata 1990) に基づき、Sriboonma et al. (1994) がリュウキュウハンゲ属を5節に分けている。*Sauromatum* とリュウキュウハンゲ属との類似性については Murata & Mayo (1990) が指摘し、Hettterscheid & Boyce (2000) が同属に扱った。その後 Renner et al. (2004) がアルム連の分子系統解析を行い、リュウキュウハンゲ属が単系統でないことを示したが、リュウキュウハンゲ属はわずか5種しか扱われておらず、Sriboonma et al. (1994) の分類と対比するには不十分なものであった。そこで、すでに東大植物園や摂南大学薬用植物園で収集・栽培している材料と、ミャンマーなどでの現地調査で入手した新しい資料を含め、リュウキュウハンゲ属23種について葉緑体 DNA *trnL-trnF* および *rpl20-rps12* の2領域の塩基配列を決定し、Renner et al. (2004) のデータに加えて系統解析を行った。その結果以下のことが明らかとなった。1) Sriboonma et al. (1993) の認めた5節はそれぞれ単系統にまとまる。2) *Sauromatum* はそれら5節とほぼ対等に分化している。3) *Theriophonum* は *Typhonium* 節と単系統になる可能性がある。4) 中国の峨眉山に固有の2倍体種 *Typhonium omeiense* は広域分布する4倍体種 *T. horsfieldii* と姉妹群となるが、遺伝的に明らかに分化している。5) ミャンマー新産の *T. gracile* と *T. cordatum* は *Typhonium* 節に属する。

## L-38 単子葉植物の *matK* 遺伝子による大規模分子系統樹

田村 実\* (大阪市大・院・理・植物園), Conny B. Asmussen (Department of Ecology, Royal Veterinary and Agricultural University, Denmark),  
山下 純 (岡山大・資生研), 布施静香 (兵庫県博),  
Mark W. Chase (Royal Botanic Gardens, Kew)

Minoru N. Tamura\*, Conny B. Asmussen, Jun Yamashita, Shizuka Fuse, and Mark W. Chase

単子葉植物は約 2700 属を含む分類群である。今までの単子葉植物の分子系統樹の中で最も大規模なものの中の一つは、私達の知る限り、University of Wisconsin の Thomas J. Givnish らが昨年出版した *ndhF* 遺伝子の塩基配列に基づくもので、そこでは単子葉植物全属の約 1/10 に当たる 270 属の単子葉植物が解析されている。しかし、最近、外部形態の特徴から同じ科に含められると考えられていた植物が、分子系統解析の結果、異なった目に位置付けられるという報告がなされることもある。従って、科の系統的位置を分子系統解析によって推定する際、科を代表させる植物の選び方によっては、科の中心部分の系統的位置を誤って推定してしまう可能性がある。この問題を解決するためには、より詳細に形態を観察することによって形態レベルで科の異質性を見抜くことができる場合、分子系統解析する植物をその科の異質性に応じて複数選ぶのと同時に、たとえ形態的に同じ科に含められる植物であっても、できるだけ多くの植物を分子系統解析に加えるのがよいと考えられる。本研究の目的は、できるだけ多くの単子葉植物を含んだ大規模分子系統樹を構築することにある。

本研究では、単子葉植物全属の約 1/3 に当たる約 940 属の単子葉植物の *matK* 遺伝子の塩基配列を解析し、大規模分子系統樹を構築する。そして、この分子系統樹を用いて、従来の単子葉植物の分類体系を可能な限り再検討することを試みる。

### L-39 福島県広野町双葉層群（コニアシアン前期；後期白亜紀の地層から発見された3数性の微小な小型化石

神原大輔（新潟大学・院・自然科学）\*・高橋正道（新潟大学・理・自然環境）

Daisuke Kanbara & Masamichi Takahashi

双葉層群は福島県いわき市の北部から双葉群広野町、楡葉町南縁にかけて狭長に分布する後期白亜紀の地層群であり、アンモナイト類や海竜類の骨格片などが多数産出するため古くから地質調査が行われてきた。さらに近年では、Mesofossils(小型化石)と呼ばれる立体的な構造を保持した化石も報告されている(Takahashi *et al.*, 1999)。小型化石は白亜紀の花の形態を直接明らかに出来る新しいタイプの化石であるため、多くの議論がされている初期被子植物の姿や進化プロセスを考察する上で重要な手がかりとなる。今回、双葉層群の足沢層(コニアシアン前期；後期白亜紀)から3数性の非常に微小な両性花の小型化石を発見したので報告をする。

この花化石は立体的な構造を残した状態で見つかったが、各側生器官は途中で折れた状態であり先端は残っていない。幅は0.7mm、高さは0.6mmと非常に小型な放射相称花であり、化石の全体像は逆円錐形となっている。花柄の存在は確認できないため、無柄であったか有柄であったかは不明である。花被片はその基部が残っており6枚存在していたと考えている。しかし、内花被の存在を示唆する痕跡がみられるため、12枚の花被片が内外2輪に配列していた可能性もある。雄蕊は18本が一輪に配列していたと考えている。全て花糸の途中で折れているため葯は残っていない。化石に付着する花粉も見られないため、花粉の形態は不明である。中心には雌蕊が確認できるが、雄蕊や花被と同様に途中で折れている。断面が三角形となっているため、3心皮からなっていたことを示唆している。また花柱の基部から発生している幅 $5\mu\text{m}$ 程度の扁平な襞がそれぞれの花糸同士の間に入り込む特徴的な構造がみられる。子房がどの位地にあったのかは確認できないが、花全体の形態から子房中位もしくは子房下位花であったと考えている。

この花化石の、現生被子植物の科、目レベルでの対応関係は特定するまでには至っていない。しかし、花を構成する器官が3またはその倍数からなっていることから単子葉群に属する種であった可能性が高いと考えている。一般に、白亜紀における単子葉群の化石は小型化石に限らず非常に乏しく、具体的な姿も明らかになっていない状況である。そのため、今回発見した花化石は、初期単子葉群の花の形態とその進化を考察する上で重要な手がかりとなる可能性がある。

## P-01 溪流沿い絶滅危惧植物ホソバノギク集団における遺伝的解析

島田紗季（大阪府大 総合科学）\*・副島颯子（大阪府大 理 生物）・中山祐一郎（大阪府大 生命環境）・西野貴子（大阪府大 理 生物）

Shimada Saki,

生物が環境変化に対応していくためには、十分な遺伝的変異が保持されている必要があると考えられている。よって、生物の保全には、単なる生物種の保護だけでなく、種内の遺伝的な多様性の保持が重要な場合がある。

紀伊山地は日本でも有数の多雨地域で深い渓谷が刻まれており、固有の溪流沿い植物が豊富である。キク科のホソバノギク(*Aster sohayakiensis* Koidz.)はそのひとつで、現在、絶滅リスクが最も高いとされる絶滅危惧 I A 類に指定されている。これら溪流沿い植物の絶滅要因として、ダム建設等の山間部での工事が挙げられている。

本研究では、アロザイム分析を用い、ホソバノギクの集団レベル、さらに種レベルで遺伝的多様性がどれだけ維持されているのかを解析した。また、同一支流、同一水系における異なる支流、さらに、異なる水系間での遺伝的変異の比較を行った。

ホソバノギク 10 集団（古座川水系 1 集団、熊野川水系 9 集団）258 個体でアロザイム解析を行った結果、9 酵素 15 遺伝子座を検出し、そのうち 13 遺伝子座で多型だった。

遺伝的パラメータを算出した結果、ホソバノギクの集団レベル、種レベルでの遺伝的多様性は、どちらも一般的な植物集団の遺伝的多様性よりも高くなった。また、集団内での他殖率は高く、集団間の遺伝的分化がみられた。同じ支流に存在する集団間では遺伝子流動量も大きく、異なった支流では遺伝的分化が進んでいた。しかし、異なった水系の集団間の遺伝的変異は、各支流間よりも小さかった。さらに、遺伝的距離について、熊野川本流より南西部に存在する集団(熊野川支流の 5 集団と、古座川水系の 1 集団)は近く、やや離れた熊野川北東部の熊野川支流 3 集団で比較的大きく離れていた。この結果は、支流や水系の関係よりも各集団間の距離が集団の遺伝的分化に強く影響していることを示唆している。

中川さやか\* (高知大・理・自然環境)・藤川和美 (牧野植物園)

Sayaka Nakagawa, Kazumi Fujikawa

シオギク *Chrysanthemum shiwogiku* は、徳島県蒲生田崎から高知県物部川までの太平洋側の海岸に分布し、高知県内の東部海岸線ではほぼ連続して生育する。本種は線形の総苞外片をもち、頭花に舌状花を欠くキク属の多年生草本で、染色体数は  $2n=72$  の 8 倍体である。近年イエギクとの交雑が多くなっていることや、本来分布域が異なるノジギクとの交雑などにより、頭花の周辺花に舌状花をもつ個体が増えているといわれている。高知県室戸市では、舌状花の表れは雑種由来と考えて、シオギクの種の保全のために、舌状花がある個体を除去する活動が進められている。

このような背景から、自生地における現状を把握するため、高知県内のシオギクの自生地のうち西端の約 30km 区間と南端の室戸岬約 3km 区間を踏査して、海岸沿い（浜から約 50m まで）におけるキク属の分布と舌状花の表れを観察した。その結果、キク属は、シオギク、イエギク、ノジギクの 3 種と、ノジギクまたはイエギクとシオギクの雑種と推定される個体が確認された。イエギクは民家と畑に、ノジギクは駐車場と空地に生育した。シオギクとその雑種由来は、護岸工事されていない海岸と道路沿い、畑、空き地、駐車場、お墓、公園、民家、寺神社で確認され、海岸、道路沿いともに崖に多く生育する一方で草むらにも生育していた。調査区域内で、シオギクとその雑種と推定される個体は 1098 個体確認され、舌状花がないものは 913 個体、舌状花があるものは 185 個体であった。舌状花があるもののうち 37% の個体が、50m 以内にイエギクが生育する場所で確認された。イエギクが 50m 以内に生育するかまたはしないかで、舌状花の表れに有意な差があった ( $\alpha=0.01$ )。

次に、形態変異による雑種性の評価と、AFLP 法により浸透交雑を解明するため、環境庁 1/25000 地形図 3 次メッシュに従い 64 区画で材料を収集した。これまで 83 個体の花および葉の形態について 27 形質の計測を行い、AFLP 解析を進めている。発表では、主成分分析により得られた結果から雑種性について考察を行う。

保谷彰彦\*、芝池博幸、楠本良延、山本勝利（農環研）

Akihiko Hoya, Hiroyuki Shibaïke, Yoshinobu Kusumoto, Shori Yamamoto

日本産2倍体タンポポと外来タンポポとの交雑で生じた雑種性タンポポが拡がっている。これまでの研究から、外来タンポポや雑種性タンポポには遺伝的に異なる多様なクローンが存在し、外来タンポポのわが国への複数回の侵入と雑種性タンポポの多数回起源の可能性が示唆されている。このような外来タンポポの分布拡大とその途上で生じた交雑の過程を明らかにすることは、タンポポ属植物の種分化過程を解明するだけでなく、外来植物の日本列島への侵入とその後の分布拡大の過程を検討する上でも重要な知見になると考えられる。

日本産の2倍体タンポポは頭花の形態や分布域等の観点からいくつかの種に分類され、その多くは関東地方から近畿・中国地方などの本州に分布する。一方、本研究で材料とするオキタンポポは島根半島の北東約80kmの海上に位置する隠岐の島町に自生する固有種である。Shibaïke *et al.* (2002)によると、オキタンポポは葉緑体DNA上の *trn T-F* 領域に特徴的な挿入配列が存在し、他の2倍体タンポポと区別することができる。この配列を指標にすることで、本州に分布する2倍体タンポポと交雑し、その後、隠岐の島町へ侵入した雑種性タンポポと、隠岐の島町に侵入した外来タンポポとオキタンポポとの交雑により生じた雑種性タンポポとを識別することができる。また、それらの島内における分布拡大の過程も検討できる。このような隠岐の島における外来タンポポの侵入や交雑、その後の分布拡大過程を解明することは、外来植物の日本列島への侵入とその後の過程を小規模に再現したケーススタディーとして有効ではないだろうか。

そこで、2006年5月に島根県隠岐郡隠岐の島町において、島内を網羅するように選定した12集団から136個体のタンポポ属植物を採集した。これまでの解析から、採集したタンポポの大半をオキタンポポとセイヨウタンポポが占め、雑種性タンポポは15%程度を占めるに過ぎないことが明らかとなった。本講演では、隠岐の島町における雑種性タンポポの起源について議論するとともに、雑種性タンポポの頻度が少ない原因について気象条件との関連等から考察する。

## P-04 汎熱帯海流散布植物グンバイヒルガオの全球的遺伝子流動と分布域内に存在する3つの障壁

脇田悟寿\* (千葉大・院・自然)・高山浩司 (千葉大・理・生物)・立石庸一 (琉球大・教育・理科)・梶田忠 (千葉大・理・生物)

Norihisa Wakita, Koji Takayama, Yoichi Tateishi, Tadashi Kajita

全世界の熱帯海岸域に生育する汎熱帯海流散布植物と呼ばれる植物群は、多くの陸上植物にとっては分散の障壁である海洋を利用することによって長距離散布を可能とし、極めて広い分布を獲得してきたと考えられている。しかし、どのような過程でこれほど広大な分布域が獲得されたのか、また、どのようにして種の同一性が維持されているのかは明らかになっていない。このような問題の解決のためには、様々な地理的位置にある集団間の遺伝子流動を定量して比較することが必要になってくる。

そこで本研究では、汎熱帯海流散布植物の代表種の一つであるヒルガオ科のグンバイヒルガオ (*Ipomoea pes-caprae* (L.) Sweet) を用いて、熱帯域を中心とした全球的な遺伝子流動のパターンを、AFLP マーカーを用いた集団遺伝学的手法により解析した。グンバイヒルガオには葉の形態で区別される 2 亜種 (全熱帯域に分布する *I. pes-caprae* subsp. *brasiliensis* (L.) Ooststr. と、インド洋の北部域にのみ分布する *I. pes-caprae* subsp. *pes-caprae*) が含まれる。解析は全熱帯域に分布する subsp. *brasiliensis* を中心に行ったが、比較のために subsp. *pes-caprae* も用いた。

subsp. *brasiliensis* の分布域全体を広くカバーするように集団を選定し、34 集団 792 サンプルを用いた解析の結果、アメリカ大陸やアフリカ大陸を挟んだ集団間の遺伝的分化は非常に大きいことが示された。このことは、これらの大陸が遺伝子流動の障壁となっていることを示唆している。一方、新大陸西岸と太平洋諸島の集団間においても、大きな遺伝的分化が見られた。このことは、東太平洋の広い海域が集団間の遺伝子流動の大きな妨げとなっていることが示唆している。インド洋と太平洋の集団間では大きな遺伝的分化は見られず、マレー半島域はそれほど大きな障壁になっていないことが示唆された。

海域毎の集団間、および、大きな地理的障壁を挟んだ集団間の遺伝的分化の程度を相互に比較したところ、パナマ地峡を挟んだ集団間の遺伝的分化が最も大きく、次いで東太平洋域、アフリカ大陸という順になった。また、パナマ地峡を挟んだ集団間の遺伝的分化は、形態で顕著に分化している亜種間の遺伝的分化の程度に匹敵するほどの値だった。以上のことから、subsp. *brasiliensis* では、わずか 100km に満たないパナマ地峡を越えるような遺伝子流動が著しく制限されているが、太平洋あるいはインド洋経由の遺伝子流動により、熱帯域を中心とした全球的な分布域が維持されているのではないかと考えている。

## P-05 モクゲンジ (ムクロジ科) における花の雌雄性と開花習性の検討

金子 剛\*・早坂 崇・根本智行 (石巻専修大・理工・基礎理)・佐々木 豊 (石巻市)

Takeshi Kaneko, Takashi Hayasaka, Tomoyuki Nemoto and Yutaka Sasaki

モクゲンジ *Koelreuteria paniculata* Laxm. は日本、朝鮮半島、中国に分布する落葉高木である。日本国内では、本州の山口、島根、兵庫、福井、石川、長野、山梨、宮城、秋田、青森各県のごく限られた地域と隠岐、対馬に分布することが知られている。中でも宮城県の石巻市周辺の海岸部や北上川沿いで多くの個体が確認されている (佐々木, 1988; 佐々木・大橋, 2007)。モクゲンジは、野生個体が少ないことと、寺院に植えられることもあることから、中国・朝鮮に野生するものが日本では逸出野生したとする見方もあったが、野生個体の生育場所の状況から、人為的な植栽や逸出したものとは考えられず、日本にも自生するものと考えられるようになった (村田, 1999; 佐々木・大橋, 2007)。

モクゲンジは7月ごろ大きな円錐花序に約10mmの黄色い花をたくさん咲かせる。花には2型があり、雄花と両性花あるいは雄花と雌花とされてきた。しかし、花の性表現や機能に関して詳細な検討が行われていない。そこで、本研究では、石巻市周辺に生育する個体を用いた継続的な観察とサンプリングにより、花の2型と性機能との関係および開花習性を解析した。その結果、以下のことが明らかになった。

- ① 花の2型性：雄花型と雌花型の2型が同じ花序内に出現する。雄花型は、開花後雄蕊の花糸を長く伸長させるが、雌蕊をほとんど発達させないまま脱落する。一方、雌花型は、開花後雄蕊の花糸をほとんど伸長させないが、雌蕊がよく発達し果実をつける。雄花型の雄蕊は、花糸が伸長する途中から葯を裂開させるが、雌花型の雄蕊は葯を裂開させないまましおれる。
- ② 開花習性：花序内でまず雄花型が開花し、雌花型は遅れて開花する。
- ③ 花粉の形態および花粉の染色性からみた雄蕊の機能：雄花型の葯には1, 100～2, 600個程度の染色性のある花粉粒が含まれており、三溝孔粒で線状紋をもつ。一方、雌花型の葯には染色性のある300～1, 900個程度の花粉粒が含まれているが、雄花型に比べて、花粉粒の数や形にばらつきが大きく、また表面模様が平滑になるものや発芽口がふさがっているものも多い。

以上の結果から、雄花型は雄の機能をもつ雄花であること、また、雌花型は形態的には両生花にみえるが、花粉形成が不安定で、しかも葯が裂開しないという点で、雄の機能が抑制された雌花であるといえる。したがって、モクゲンジは単性雌雄同株とみなすことができる。



## P-06 葉緑体 DNA によるヒメカンスゲ (*Carex conica* Boott) 種内異数体の地理的変異

矢野興一\*・星野卓二 (岡山理大・院・数理環境)

Okihito Yano, Takuji Hoshino

スゲ属ヒメカンスゲ (*Carex conica* Boott) は、北海道から九州まで日本列島に広く分布し、林縁や路傍に普通にみられる多年草である。ヒメカンスゲには、近縁種として、伊豆諸島やトカラ列島などの島嶼部で分化したとされるオオシマカンスゲ (*C. oshimensis* Nakai) やトカラカンスゲ (*C. atroviridis* Ohwi var. *scabrocaudata* T. Koyama) が知られている。また、ヒメカンスゲは、特殊な動原体機能を持つ分散型動原体染色体を持っており、 $2n=32\sim38$  の連続した種内異数体が報告されている。これらの種内異数体と地理的分布には関係があるとされており、 $2n=32$  のヒメカンスゲは中国・四国地方の瀬戸内海沿岸地域のみ、 $2n=34$  は近畿地方以北、 $2n=36$  は中国・四国地方の山地から九州地方、 $2n=38$  は栃木県のみ分布している (Hoshino & Waterway 1994)。日本に広く分布するヒメカンスゲおよびその近縁種は、種分化と染色体の変異の関係を解明する上で重要な植物群と考えられる。

本研究では、ヒメカンスゲ種内異数体およびその近縁種の種分化と分布形成過程を明らかにするために、日本各地より採集したヒメカンスゲとその近縁種について、葉緑体 DNA の *trnT-F* と *atpB-rbcL* の非翻訳領域の合計約 1900bp の塩基配列情報を解析した。

その結果、ヒメカンスゲおよびその近縁種には 10 種類のハプロタイプが認められ、それらの分布には明瞭な地理的変異が見られた。また、ハプロタイプ間の系統解析を行なった結果、大きく次の 2 つの系統に分けられた。(1) トカラカンスゲと近畿地方以北のヒメカンスゲ、(2) オオシマカンスゲと中国・四国～九州地方、北関東地方のヒメカンスゲ。さらに、ヒメカンスゲ種内異数体の染色体データと比較したところ、(1) の系統は  $2n=34$  の単一のタイプが広がっていたが、(2) の系統は  $2n=32$ 、 $36$ 、 $38$  と非常に多様であることが明らかとなった。以上のことより、過去に 2 つの異なる系統がそれぞれ広く分布していたが、氷河期と間氷期による分布の拡大縮小によって、現在の地理的変異が生じたと考えられる。(1) の系統では、気候変動による急速な分布の拡大で単一のサイトタイプのみが広がったものとトカラ列島に隔離されたものがあると考えられる。(2) の系統では、北関東地方にレフュージアが存在したと考えられる。さらに、(2) の系統では、染色体の異数性を伴う種分化が起こったものと考えられる。

P-07      ケハギ（マメ科）の特異な種子形態と関連する種皮組織構造  
             および機能の解析

伊藤睦美\*・根本智行（石巻専修大・理工・基礎理）

Mutsumi Itoh and Tomoyuki Nemoto

ケハギ (*Lespedeza patens* Nakai) は、本州の日本海側（京都府、福井県、石川県、新潟県、長野県、福島県、山形県）の多雪地帯にのみ分布するマメ科ハギ属の1種である。ハギ属の種子は、形が卵形〜だ円形で厚みを持ち、種皮は一般に硬い。しかし、ケハギの種子は、より平たく、種皮が見かけ上薄く見え、他種の種子と形態が異なるように見える。ケハギには植物体全体に開出毛をもつかもたないかでケハギ型 (f. *patens*) とタテヤマ型 (f. *sericea*) の2型が識別されているが、種子の形態は両者で類似している。本研究では、ケハギの種皮の解剖学的構造および種皮の透水・不透水性を、同属の他種と比較しながら解析し、以下の知見を得た。

ケハギ以外の種では、種皮に外側からクチクラ層、柵状組織層、柱状細胞層、柔組織層、痕跡層が認められ、マメ科マメ亜科に一般的な種子構造をもつ。種皮全体の厚さでは、ケハギと他種では明瞭な差は認められなかった。しかし、ケハギではへそ付近以外の種皮に柱状細胞層が形成されず、また、柵状組織層の柵状細胞は、他種と比べて、幅が広く、細胞壁の厚さが薄いことが判明した。

種皮の透水・不透水性を種子を浸水させて調べた結果、ケハギ以外の種では数日から1週間たっても吸水しない不透水性の種皮であるに対して、ケハギの種子は、浸水後10分足らずですでに吸水が始まり、およそ5時間後には吸水が完了する透水性の高い種皮をもつことが分かった。

そこで、ケハギの種子で水が浸入する部位を特定するため、種子各部にマニキュアを塗り、透水性に制限を加えながら浸水部位の特定を試みた。その結果、水の浸水は、へそ周辺あるいは一般に水の侵入部位とされるレンズの部位でも起こらず、むしろ、これらの部位以外の種皮の大部分から水が浸入することが分かった。

以上のことから、ケハギの種子は種皮の柵状細胞と柱状細胞で他種と異なり、その種皮構造が透水性を高めていることが分かった。しかし、日本海側の多雪地帯に分布域をもつケハギで、なぜこのような種皮構造が進化したのか、積雪や越冬との関連についての解明はまだ今後の課題である。

佐藤広行（北大院・農）\*・高橋英樹（北大総合博物館）

Hiroyuki Sato\*, Hideki Takahashi

サハリン・千島列島の植物学的研究は第2次世界大戦により、日本人研究者達による調査が途絶え、戦後しばらくの間はロシア人研究者によって続けられた。近年再び日本人研究者達を含む合同調査が行われている。しかし、高橋（1994）は、「日本とロシアの間では種の範囲について見解が一致していない例が多数ある。」と述べ、形態分類学的な面で佐藤（2007）も「同一種と考えられる植物に対して異なる学名が使用される場合、逆に、異なると考えられる植物に対して同じ学名が使用される場合がある」と述べ、極東地域において日本とロシアなどとの比較研究の必要を指摘している。また、千島列島は島ごとに隔離されているので、植物分類地理学的に注目すべき域となっている（高橋, 1994）。このような背景から、筆者らはイネ科のノガリヤス属 *Calamagrostis* に着目し、北海道・サハリン・千島産の植物の種の実体と植物地理を明らかにすることを目的とし研究を行っている。

今回は、その過程で花器形態が似ている北海道の東部に産するチシマガリヤス *C. neglecta* (Ehrh.) Gaertn., Mey. et Scherb. var. *aculeolata* (Hack.) Miyabe et Kudo とロシア側で認められている千島列島産の *C. inexpansa* A. Gray との学名の変遷と形態を比較検討した。

その結果、極東地域のチシマガリヤス類は、1931年には宮部・工藤により、千島列島にはチシマガリヤス *C. neglecta* Gaertn., Mey. et Scherb. が産し、北海道にはヒロホノチシマガリヤス *C. neglecta* var. *aculeolata* が産すると報告され、その後大井（1931）により、*C. aculeolata* としてまとめられたが、後年、大井（1953）は日本産のものを *C. neglecta* (Ehrh.) Gaertn., Mey. et Scherb. var. *aculeolata* (Hack.) Miyabe et Kudo とした。

そのため *C. neglecta* (Ehrh.) Gaertn., Mey. et Scherb. は日本に産しないとされたが、これまで日本で言われてきたチシマガリヤス *C. neglecta* (Ehrh.) Gaertn., Mey. et Scherb. var. *aculeolata* (Hack.) Miyabe et Kudo には、穂の長さ・枝の長さ・包穎の先端が鋭先か鈍頭という点により、*C. neglecta* (Ehrh.) Gaertn., Mey. et Scherb. と、ロシア側で認められている千島列島産の *C. inexpansa* A. Gray の存在を確認した。

よって日本産の「チシマガリヤス」には、*C. neglecta* (Ehrh.) Gaertn., Mey. et Scherb. と *C. inexpansa* A. Gray の2つの分類群が含まれることが示唆された。

## P-09 ウミショウブにおける雄花の発生過程と月周リズムの関係

中川昌人\*・木本行俊・高相徳志郎（地球研・西表プロジェクト）

Masato Nakagawa, Yukitoshi Kimoto, Tokushiro Takaso

ウミショウブ (*Enhalus acoroides* (L.f.) Royle) は、トチカガミ科の大型の海産被子植物で、インド洋から太平洋北西部にかけて分布し、日本では石垣島・西表島に生育している。この植物は雌雄異株であるが、水上媒と呼ばれる送粉様式をもち、花粉をもつ雄花が個体から切り離され、水面を移動し雌花まで運ばれる。さらに、開花が月周リズムに同調し、大潮の最干潮日とその翌日に一斉に開花し、潮の干満を利用し送粉を行うと考えられている。このような送粉様式は海産被子植物の中でも非常にユニークな送粉様式である。

海域の生物種の繁殖において月周リズムは時に重要な役割を果たすと考えられているが、ウミショウブの一斉開花については、そのメカニズムなどほとんど明らかにされていないのが現状である。これまでに幾つかの仮説が提唱されており、いずれも潮の干満に伴う物理的的刺激の変化を主たる要因としてあげている。しかしながら、これらの仮説の検証は行われておらず、一斉開花のメカニズムを理解する基礎となる花の発生過程に関しても十分に研究されておらず、多くの問題点が存在する。

本研究ではウミショウブの一斉開花メカニズムの解明を目的として、雄花の発生過程の解析を行った。解析に必要なサンプルは西表島祖納周辺において採集した。特に、発生過程の経時的変化を明らかにするために、2006年6月から7月にかけて、約1週間おきに4回、根茎を含む個体の採集を行い、各10~30の若い花序のサンプルを得た。これらのサンプルに関して、雄花（花芽）のサイズの計測し、葯・花粉の発生段階について解剖学的な観察を行った。これらの結果をもとに、ウミショウブにおける一斉開花のパターンと雄花の発生過程との関連を検証し、月周リズムの関係について考察する。

## P-10 絶滅危惧種ビャッコイ (*Isolepis crassiuscula* Hook. f.) の染色体と葉緑体遺伝子の分析

平原友紀\*・星野卓二 (岡山理大・院・数理環境)

Tomonori Hirahara, Takuji Hoshino

ビャッコイ (*Isolepis crassiuscula* Hook. f.) は日本とインドネシア, パプアニューギニア, オーストラリア, ニュージーランドに分布することが報告されている. 日本では福島県白河市の湧水地にのみ生育しており, 福島県の天然記念物および, 絶滅危惧種 (IB) に指定されている. Muasya *et al.* (2001) および Muasya and Simpson (2002) は, 分子系統解析に基づいてビャッコイ属の範囲と属内分類群を整理した. その結果, ビャッコイは主に南半球に分布する *Fluitantes* 亜属に含まれることが報告されている. 本研究では, 日本に隔離分布するビャッコイのDNA塩基配列を解析し, ビャッコイ属における日本のビャッコイの位置づけを試みた. また, これまでに明らかになっていないビャッコイの染色体を分析した.

ビャッコイを福島県白河市より2株採集し, 葉緑体 *rbcL* 遺伝子と *trnL* intron 領域の塩基配列を決定した. 本研究では, 日本産ビャッコイの塩基配列の比較に, オーストラリア産ビャッコイを含む *Fluitantes* 亜属の8種と *Isolepis* 亜属の2種を用いた. また, 採集したビャッコイ1株について染色体を分析した.

本研究の結果, ビャッコイの染色体数は  $2n = 96$  であり, 今までに報告されたビャッコイ属の他種よりも高次の染色体数を持つことが明らかになった.

福島県白河市より採集したビャッコイ2株の *rbcL* 遺伝子は1369塩基, *trnL* intron 領域は631塩基であり, 2株の塩基配列は100%一致した. また, ビャッコイ属10種について *rbcL* 遺伝子と *trnL* intron 領域の比較を行なった結果, 日本産ビャッコイは同属9種よりも, オーストラリア産ビャッコイと相同性が高いことが明らかになった. このことから, 日本産とオーストラリア産のビャッコイを同種とする現在の分類学的取り扱いと矛盾しないことがわかった. したがって, 日本産ビャッコイの起源としては, もともと北半球に生育していた集団が遺存的に残った可能性と, 鳥などによって運ばれた可能性の2つが考えられる.

## P-11 伊豆半島におけるホソバテンナンショウとイズテンナンショウの 交雑現象の解析

柿嶋聡\* (東大・院・理・植物園) ・大井-東馬哲雄 (東大・院・理・植物園) ・  
邑田仁 (東大・院・理・植物園)

Satoshi Kakishima, Tetsuo Ohi-Toma, Jin Murata

テンナンショウ属マムシグサ群 (*Arisaema serratum* group) は、日本列島において著しく多様化している。マムシグサ群は集団内・集団間の形態的変異が大きく、分類が非常に困難なグループとして認識されてきた (邑田 1995 など)。また、アロザイム多型解析 (Murata and Kawahara 1995) や葉緑体 DNA を用いた系統解析 (Murata et al. IBC 2005) からは、形態種間、集団間、集団内の遺伝的な分化がいずれもとても小さいことが明らかとなっている。さらに、形態種間で人工交配が容易である (Murata and Ohno 1989) が、一般に自然集団では、複数の形態種が同所的に生育する場合でも、中間的な形態を持つ個体の頻度はきわめて低い。本研究では、マムシグサ群の形態種間における交雑の実体を明らかとしたうえで、形態種の独自性がどのようにして保たれているかを検討するため、伊豆半島における広域分布種ホソバテンナンショウ (*A. angustatum*, 以下、ホソバ) と、この地域の固有形態種と考えられるイズテンナンショウ (*A. izuense*, 以下、イズ) に注目した。

伊豆半島の 5 集団 (ホソバとイズの単独集団と混生集団) と、奈良県大台ヶ原のホソバ単独集団を中心に現地調査を行い、形態測定および DNA 解析用試料の採取を行なった。その結果、ホソバとイズの混生地帯に隣接したホソバの分布域内に限り、ホソバとイズの中間的な形態を持つもの (以下、中間型) が見つかった。外部形態の統計学的な比較により、ホソバとイズは形態的に識別できること、中間型はホソバとイズの中間的な形態であることが確認された。

葉緑体 DNA 多型解析からは、ホソバとイズは異なるハプロタイプを持つことが明らかとなった。また、ホソバ・中間型混生集団では、中間型は『ホソバ』と『イズ』の両方のハプロタイプを持っており、ホソバは『ホソバ』独自のハプロタイプのみを持っていた。さらに、葉緑体 DNA microsatellite 変異により『ホソバ』ハプロタイプを細分化すると、ホソバと中間型の一部の個体でそれぞれ固有のハプロタイプが認識された。これらのことから、ホソバとイズの間で見られる中間型は現在進行中の交雑によるものではなく、近い過去に生じた交雑の影響を残したものである可能性がある。現在、核 DNA microsatellite 遺伝子座を用いた解析を行っており、その結果も踏まえて、伊豆半島における 2 形態種間の遺伝子流動について報告する。

高橋直子（日女大・理・物生）\*・井上章子（東大・院・新領域）・

今市涼子（日女大・理・物生）

Naoko Takahashi, Akiko Inoue, Ryoko Imaichi

一般的に、シダ類の配偶体は心臓形を示すが、小葉類やマツバラ類、ハナヤスリ科の地中生配偶体は塊状を示す。シダ植物の分子系統と配偶体の形態から、シダ植物の配偶体では塊状が祖先形質、心臓形が派生形質であることが示唆される。

心臓形配偶体の中にも初期形態が塊状を示すものがある。薄囊シダ類の基部に位置するゼンマイ（ゼンマイ科）では塊状部周縁に形成された頂端細胞の働きによって、心臓形の部分が塊状部に付加されるように発達することが明らかにされている（井上ら、未発表）。ウラジロ科も薄囊シダ類の中では初期に分岐した分類群であり、配偶体全体の形態は心臓形を示すが、初期は塊状を示すことが報告されている（Stokey 1950, Haufler 1982）。しかし、塊状から心臓形への発達過程の詳細は不明である。

本研究では、ウラジロ科ウラジロ属に属するニューカレドニア産 *Gleichenia brackenridgei* Fourn. と日本産ウラジロ (*Gleichenia japonica* Spr.) の2種の配偶体の形態形成過程を、連続表面観察法と樹脂切片法を用いて明らかにした。

*Gleichenia brackenridgei* においては、発芽直後の2-3細胞のステージで初生仮根を生じた細胞は、その後分裂を行わずに基部に残存し、仮根を生じなかった細胞が不規則に分裂を繰り返して塊状に成長した。その後、塊状配偶体周縁部に楔形の頂端細胞が形成され、この頂端細胞由来のセグメントを主として翼が発達した。翼の拡大と同時に、頂端部下方には、初期の塊状部に足されるように多層部がつくられた。また、初期の塊状部からは配偶体本体の翼以外にも1層の細胞群（裂片）の形成が頻繁に観察された。

ウラジロ科配偶体の発達過程は、初期の塊状配偶体の周縁部に頂端細胞が形成され、心臓部がつくられる点においてゼンマイと共通していた。裂片の形成はゼンマイには見られない形質であり、トクサ類や一部の小葉類に類似している。生殖器官を形成する多層部以外に裂片をつくるのは、地中から地表へ進出した配偶体が光合成を能率的に行うために都合のよい形態であると考えられ、収斂進化の結果獲得された形質であると推測される。

以上から、シダ植物の配偶体の塊状から心臓形への形態進化は、塊状部に扁平な部分が付加されることによって起こったことが示唆される。

P-13 ITS領域を用いた、アキチョウジの交雑現象についての解析

豊田誠\* (徳島大・院・人間・自然環境)・山城考 (徳島大・総合科学・自然システム)・牧雅之 (東北大・院・生命)

Makoto Toyota\*, Tadashi Yamashiro, Masayuki Maki.

四国に分布するヤマハッカ属植物 (シソ科) における交雑現象について、量的形態形質に基づく集団解析および核DNAのITS領域の塩基配列に基づく分子系統学的解析を行った。

葉の形質について主成分分析を行った結果、阿讃山脈のアキチョウジは、ヤマハッカと群を成した。このことから、阿讃山脈のアキチョウジ集団がヤマハッカと交雑を起こしている可能性が示唆されたが、花筒長はアキチョウジとヤマハッカの形質を持つ中間的なものではなく、花筒の長いアキチョウジの形質のみを持っていた。

ヤマハッカ属5分類群の84クローンの核DNAのITS領域に基づく系統解析では、アキチョウジ、ヤマハッカ、ヒキオコシのクローンを含むクレード (クレード1) とアキチョウジ、タカクマヒキオコシ、ヤマハッカ、ミヤマヒキオコシのクローンを含むクレード (クレード2) の2クレードが認められた。アキチョウジとヤマハッカでは異なる複数の配列が検出され、それらは、2つのクレードに分散した。このことは、アキチョウジが、ヒキオコシやヤマハッカと交雑していることを示している。さらに、核ITS領域において共有派生形質を比較すると、アキチョウジの遺伝子に固定するような、協調進化が働いている可能性が示唆された。また、ヘテロなりボタイプを持つサンプルも存在し、これらの集団では交雑が比較的最近起こった可能性を示唆している。

これらのことより、アキチョウジとヒキオコシ、ヤマハッカ間で交雑現象が起きていることが示唆された。交雑個体においては、アキチョウジの主要な送粉者であるトラマルハナバチの送粉パターンがアキチョウジとヤマハッカの交雑の起こり方に影響し、花筒が長いというアキチョウジの形質が選択された可能性が考えられる。



岩崎貴也（京大・理・植物）\*・青木京子（京大・人環）・瀬尾明弘（地球研）・村上哲明（首都大・牧野標本館）

Takaya Iwasaki, Kyoko Aoki, Akihiro Seo, Noriaki Murakami

現在、日本の温帯林は北海道南部から九州までの丘陵から山地を中心に広く分布している。しかし、今から約2万年前の最終氷期最盛期には、現在より気温が7-8℃低く、温帯林はその分布を現在よりも大きく南下・縮小させていたと考えられている。したがって、最近1~2万年の間にその分布は大きく変化したことになる。このような急激な分布変遷の影響は、温帯林構成種における種内の遺伝的変異の不均一な分布（遺伝構造）としても残っていることが期待できる。実際に、ブナ (Fujii *et al.* 2002) やキブシ (Ohi *et al.* 2003) では、葉緑体 DNA の塩基配列多型に関して、いくつかの明瞭な遺伝構造の存在が報告されていた。しかし、これらの先行研究では、それぞれ1つの種を調べただけであり、みられた遺伝構造がどの程度、歴史的要因によるものかが明らかではなかった。そこで、本研究では、複数の温帯林構成植物種における種内の地理的な遺伝構造を比較し、種間で共通するようなパターンを見出すことで、最終氷期最盛期における温帯林のレフュジア（逃避地）の位置や、その後の分布拡大経路を明らかにすることを目的とした。

本研究では、Iwasaki *et al.* (2006) で大きな種内の遺伝的変異が報告されている温帯林構成植物種13種のうち、日本列島全域の温帯林に普通種として分布する4種（ツリバナ、ウワミズザクラ、ホオノキ、アカシデ）を詳細な解析を行う材料として選んだ。この4種について、それぞれ地理的に離れた複数の集団からサンプルを採集し、葉緑体 DNA 非コード領域の塩基配列を解析することで、遺伝的変異の地理的分布パターンを調べた。得られたパターンを種間で比較することで、①若狭湾周辺地域において、3種以上で共通して地域固有ハプロタイプが集中分布していた、②北緯38度線よりも北に地域固有ハプロタイプはほとんどみられなかった、③九州～四国～紀伊半島地域、中国地方東部～若狭湾～北陸地方の日本海側地域、関東地方という3地域にはそれぞれ独特なコモン・ハプロタイプが分布していた、といったようないくつかの共通パターンを見出すことができた。現在、冷温帯林において似た環境に生育している複数の植物種で共通したパターンが得られたことから、これらの結果は歴史的要因を反映していると考えられる。そこで、みられた共通パターンについて分子植物地理学的考察を試みた。また、これらの結果を総合して、「若狭湾周辺に残っていたレフュジアからは海岸線に沿って日本海側地域に広がり、関東地方のどこかに残っていたレフュジアからも太平洋側に沿って東北あるいは中部地方に広がった。一方、紀伊半島から九州にかけての地域では比較的規模の大きい複数のレフュジアが氷期中も存在しており、そこから周辺地域に分布拡大をしたことによって現在の分布が形成された」という最終氷期以降の温帯林の分布変遷についての仮説を立てた。

須山知香\*・植田邦彦（金沢大院・自然科学）

Chika Suyama &amp; Kunihiko Ueda

マツムシソウ科植物は旧世界に分布する草本または灌木植物で 10 属約 300 種が知られ、形態分類においては良く纏まった一群として扱われてきた (Ehrendorfer 1964a,b, Verlaque 1984). しかし、本科内の分類では、それぞれの植物体全体は似通っているのに対して目立って分化している果実の細部構造（特に被萼）が分類形質として重視されており、細分化の傾向がある。このため、科内の分類、特に属や連の区分についての議論が多い。Caputo *et al.* (2004) は分子系統解析により本科内の系統の評価が試みたが、解析に用いた種数が少なく偏りがあったため、結果は従来分類体系と大きく異なる系統関係となり、特に *Knautia* 属が系統樹上で予想に反した奇妙な位置となったことを疑問点とした (Caputo *et al.* 2004).

本研究ではマツムシソウ科 8 属 38 種と、分子系統解析から近縁であることが従来示されていたトリプロステギア科、モリナ科、オミナエシ科 (10 種) を含めて、核 DNA (ITS) および葉緑体 DNA (*trnL* intron) による分子系統解析を行った。我々は先行研究で課題とされていたサンプリングの偏りを減らすとともに、国際塩基配列データベースに登録されているデータを詳細に再検討し、誤って用いられていた偽遺伝子と思われるデータを排除することにより解析の精度を高めた。塩基置換モデルを導入した最尤法を用いて作成した系統樹では、今回比較した全てのサンプルは各科ごとのクレードに纏まり、マツムシソウ科は単系統となることが示された。また、マツムシソウ属は、ヨーロッパからアジア最東端・アフリカ最南端単まで、科の中では最も広域に分布するグループであるが、単系統となった。他の属ごとのクレードも被萼の形態比較を基本とした従来分類体系と概ね一致した。

マツムシソウ科の起源地については、分布種数の多さや属の分布様式から、これまで地中海～中近東地域とされてきた。モリナ科の分子系統解析 (Bell & Donoghue 2003) では、トリプロステギア科、モリナ科、オミナエシ科の各クレードの基部に位置したグループは全てアジア地域に分布するものであることから、マツムシソウ目の起源地はアジアであるとしている。また、本研究の結果マツムシソウ科に最も近縁であったトリプロステギア科は、東アジア・東南アジアのみに分布する。しかし、マツムシソウ科最基部のクレードとなった *Knautia* 属は欧州・地中海沿岸・西アジアに分布しており、両者は現在ユーラシア大陸を東西に隔てた分布となっていることから、マツムシソウ科の起源地および現在の分布域の確立には複数の仮説が考えられる。

日本の絶滅危惧植物のリスク評価  
—環境省版レッドリスト見直し調査報告—

藤田卓（九大）\*・小川誠（徳島県博）・勝山輝男（神奈川県博）・角野康郎（神戸大）・川窪伸光（岐阜大）・芹沢俊介（愛教大）・高橋英樹（北大）・高宮正之（熊本大）・藤井伸二（人間環境大）・松田裕之・宗田一男（横国大）・横田昌嗣（琉大）・米倉浩司（東北大）・矢原徹一（九大）

Taku Fujita, Makoto Ogawa, Teruo Katsuyama, Yasuro Kadono, Nobumitsu Kawakubo, Syunsuke Serizawa, Hideki Takahashi, Masayuki Takamiya, Shinji Fujii, Hiroyuki Matsuda, Kazuo Muneda, Masatsugu Yokota, Koji Yonekura, Tetsukazu Yahara

レッドデータブック（以下RDB）は、絶滅危惧種の現状や個体群変遷を現す生物多様性保全の重要な基礎資料となる。しかし従来のRDBは定性的な調査に基づくことや、RDBの改訂にあたって調査対象種や手法が異なる等、絶滅危惧種の個体群の現状や変遷を明らかにするには限界があった。そこで本研究では2000年発行の全国版植物RDBと同じ方法を用いて、日本の絶滅危惧植物の現状および10年間の個体群変遷を明らかにすることを目的とした。

2000年に発行されたRDBは、日本全国の1665分類群の株数と減少率など定量的な情報を2万5千分の1地形図（以下メッシュ）毎に集め、世界で初めて絶滅確率に基づく定量的判定を優先的に採用したRDBである。本調査では、10年前の調査と同じ方法を用いて、527名の調査員の協力のもと約1950分類群の絶滅危惧植物の株数・減少率を取得した。

10年前と現在の株数をメッシュ毎に比較した結果、現状維持のメッシュが多い（71%）ものの、増加したメッシュ（11%）に比べて減少したメッシュ（18%）の方が多く、絶滅危惧種全体でみると減少傾向が伺えた。地域絶滅したメッシュは全メッシュの6%を占め、10年前の株数が少ない方が絶滅しやすかった。減少率は各種の生育環境によって異なり、湿地および水域に生育する種は絶滅するメッシュの割合が高いのに対して、岩場に生育する種は絶滅するメッシュの割合が低かった。

## P-17 担子菌門アカキクラゲ目菌類の系統と樹種選択性

白水 貴 (筑波大学) \*・廣瀬 大 (筑波大学)・徳増 征二 (筑波大学)

Takashi Shirouzu, Dai Hirose, Seiji Tokumasu

従属栄養生物である菌類にとって、生息場所は生活の場であると同時に栄養摂取源であり、基質 (substratum) と呼ばれる。生きている生物やその一部を基質として利用する菌類は栄養摂取源とする生物との利害関係に基づいて寄生菌類、共生菌類と呼ばれる。これらの菌類の基質に対する選択性についてはすでに多くの研究が行われており、菌類の系統や進化を議論する際に重要な要因であると認識されている。腐生菌類に関しても、基質の種類と出現菌の間にある程度の対応関係があることがすでに知られている。しかし、その実態や選択性についての研究は進んでおらず、腐生菌類の基質選択性と系統や進化の間どのような関係があるのかは明らかでない。そこで、本研究ではそれらの点に着目し、腐生菌類の基質選択性について検討を行った。

材料としたアカキクラゲ目菌類は、主に森林内で枯れ枝、倒木、切り株などの木材を基質とする褐色腐朽菌の一群である。従来の分類学的な研究は、この菌群には針葉樹、広葉樹それぞれに選択性を持つと考えられる種が存在している。しかし、これまでの研究は樹種や採集時期が限られていて、客観的な評価を行うには情報不足である。

演者はアカキクラゲ目菌類全体の系統分類を研究しているが、その一環として個々の種の樹種に対する選択性と菌の系統の関係を考察する目的で以下の調査を行った。すなわち、本目菌類の子実体調査を針葉樹林、落葉広葉樹林、常緑広葉樹林の計 12 箇所で定期的に行い、発見した子実体を基質である枯れ枝や材ごと採集した。その際、基質に関して樹種、直径、樹皮の有無、材の分解段階などを記録した。採集した子実体は実験室にて詳細な顕微鏡観察を行い同定した。得られた菌の種組成を調査地間、樹種間で比較し、また、基質の直径や分解程度との関係について解析を試みた。

解析の結果、本目菌類の子実体発生に関して 1) 針葉樹または広葉樹に選択性を有する種群が存在すること、2) 基質の直径や分解程度と関係ある種が存在することが明らかとなった。そして、1) は主に植物との共進化の結果を、2) は属以下のレベルの系統関係を反映している可能性が示唆された。

## P-18 五葉性マツ類と共生する外生菌根菌ベニハナイグチの生物地理学

広瀬大 (筑波大院生命環境) \*・徳増征二 (筑波大院生命環境)

Dai Hirose, Seiji Tokumasu

分子生物学的手法は多くの動植物種における生物地理学的研究の進展をもたらし、微生物である真菌類の生物地理学的研究にも新たな可能性を提供した。しかし、動植物で本邦における生物地理学的情報が蓄積される一方、それらと密接に関係する真菌類に関しては殆ど研究が行われていない。そこで本研究ではすでに生物地理学的研究が行われている植物種と共生する菌根菌を材料とした研究を行い植物で得られている情報との比較検討を試みた。本研究で材料として選択した外生菌根菌は森林生態系を構成する多くの木本植物の根系で外生菌根と呼ばれる共生体を形成する真菌類の一生態群である。これまでに演者らは本邦の山地に生育するゴヨウマツ (*Pinus parviflora*) やハイマツ (*P. pumila*) など五葉マツ類と共生する外生菌根菌の生態学的研究を進めており、宿主根系で優占する外生菌根菌の一種であるベニハナイグチ (*Suillus pictus*) の宿主特異性やその繁殖戦略などの生態的特性を明らかにしてきた。本研究では、本菌の地理的分布と遺伝的変異の分布パターンを明らかにし、分布成立過程を考察することを目的とした。

ゴヨウマツ及びハイマツの自生地から本邦の全域を網羅できるように 40 地域を選択し、2004 年及び 2005 年にベニハナイグチの菌根又は子実体の分布調査を行った。分布が確認でき、十分な試料数が確保できた集団に関して、Hirose and Tokumasu (2007) で開発されたマイクロサテライトマーカーを用い遺伝的変異を評価し、その分布パターンを明らかにした。

北海道から九州にわたる 39 地域集団で子実体又は菌根の分布を確認することができ、本菌は宿主の分布する地域にほぼ普遍的に分布していると考えられた。十分な試料数を確保できた 27 地域集団 (ハイマツ : 14 集団, ゴヨウマツ : 13 集団) に関して遺伝的変異の分布パターンを明らかにした。Cavalli-Sforza の遺伝的距離  $D_A$  により遺伝的類縁関係を調べた結果、ハイマツ集団では中部地域、ゴヨウマツ集団ではゴヨウマツの変種キタゴヨウ (*P. parviflora* var. *pentaphylla*) を宿主とする東北以北で遺伝的類似度が高い傾向がみられた。また、ハイマツ集団では、集団内の対立遺伝子の多様性を表す尺度である Allelic Richness と地理的位置 (緯度) との間に有意な負の相関関係が見られた。これらの結果と先行研究の結果に基づき本菌の本邦における地理的分布の成立に関する考察を行ったところ、現在の分布パターンは宿主の後氷期以降の分布変遷と本菌の繁殖戦略の両方に強く影響されて成立していることが示唆された。

嶋村正樹\*・麻生佳孝・出口博則 (広島大院・理・生物)

Masaki Shimamura, Yoshitaka Asou, Hironori Deguchi

本研究では従来、詳細な形態情報がなかった蘚類イシヅチゴケ科イシヅチゴケ (*Oedipodium griffithianum*) の胞子体を観察した。

成熟した胞子体は、高さ 8 -12 mm, 蒴の直径が約 1 mm. 頸部がよく発達し、蒴と柄の境界は不明瞭. 頸部から蒴にかけて、気孔がみられる. 蒴の上部の 2 層の薄壁の細胞からなる裂開線で蓋がはずれることで胞子散布を行う. 蒴歯はない. 蘚帽は胞子体が成熟する過程で脱落しやすい. 胞子は直径約 30  $\mu\text{m}$  で、向心面には Y 字条溝がみられる.

マゴケ亜綱には蒴歯がみられない種が、系統的に離れた分類群で散発的にみられるが、それらの多くは胞子体が小さく、蒴を構成する細胞数も少ない. したがって、発生学的に蒴歯を形成する余地が無く、胞子体全体の退化にともない、蒴歯を失ったと考えられている. 一方、イシヅチゴケの胞子体は、よく発達した蓋をもち、胞子室の上部に蒴歯の出来る余地と細胞群があるにも関わらず蒴歯の分化が見られない. 本来、蒴歯となるべき細胞群は、蒴が裂開する際に、蓋の一部として胞子囊から外れてしまう.

胞子の向心面に Y 字条溝が存在することは、マゴケ亜綱ではこれまでのところ報告がない. このような形態の胞子はクロゴケ、ミズゴケ、ナンジャモンジャゴケなど、マゴケ亜綱以外の原始的な形態をとどめていると考えられる蘚類に限って見られることは、イシヅチゴケのマゴケ亜綱における特異性を示している.

イシヅチゴケ 1 種からなるイシヅチゴケ科は、葉や胞子体の外形の類似からヒョウタンゴケ目に分類される例が多かった. しかし、最近の分子系統学的解析は、ヨツバゴケ科やキセルゴケ科とともにマゴケ亜綱で最も原始的な位置を占めることを示している. 本研究の結果もイシヅチゴケのマゴケ亜綱における原始性を強く支持する. イシヅチゴケの胞子体に蒴歯が無いことは、退化により失ったのではなく、マゴケ亜綱の中で最も原始的な形態をとどめていると考える方が妥当かもしれない. 原系体が葉状であることなど、配偶体世代の特異な形態も、マゴケ亜綱における原始的な形質として再評価する必要があると考えられる.

P-20 群体性ボルボックス目 *Eudorina unicocca* および類似種に関する  
分類学的研究

山田敏寛(東大・理・生物)\*・宮地和幸(東邦大・理・生物)・野崎久義(東大・理・生物)、  
Toshihiro K. Yamada、Kazuyuki Miyaji、Hisayoshi Nozaki

*Eudorina* 属は *Volvox*、*Pleodorina* などとともに雌雄の配偶子が分化した異型配偶・卵生殖の有性生殖をおこなうことを特徴としている。一方 *Yamagishiella* は Nozaki and Kuroiwa (1992) によって設立された属で、*Yamagishiella unicocca* 1 種を含む。本属は、栄養形態は *Eudorina* と類似するが同型配偶の有性生殖で異なり (Nozaki and Kuroiwa 1992)、分子データによっても両属は識別される (Nozaki et al. 1997)。特に *Eudorina unicocca* はピレノイドを 1 個持っており、栄養形態では *Y. unicocca* との識別ができない。Goldstein (1964) が *E. unicocca* として同定した無性的に休眠孢子を形成する有性生殖が不明の株があるが、これらは分子データもなく、*Yamagishiella* である可能性も考えられる。しかし、これらの株は保存されておらず、属レベルの同定を検証することができない。従って、栄養形態で *E. unicocca* または *Y. unicocca* と同定される生物群のより明確な形態的認識と自然な種レベルの分類体系の確立のためには新たな株、および分子系統解析結果に基づいた新たな識別形質の探索が必要である。

最近、神奈川県相模湖および津久井湖より分離・培養した株から、栄養形態では *E. unicocca* または *Y. unicocca* と同定できるものが得られた。本研究ではこれらの株の詳細な比較形態観察と分子系統解析に基づいて分類学的研究を行った。神奈川県産の株の群体は回転楕円形で、32 個または 16 個の等長 2 鞭毛型の細胞が寒天状基質の中に中空の構造として配列している。細胞表面に多数の収縮胞をもつ。葉緑体は大きな杯状で、底部に大きなピレノイドを基本的に 1 個もつ。メチレンブルーで染色すると群体の細胞間に仕切り構造が明瞭となる。有性生殖が観察されず、無性的に休眠孢子を形成した。

本藻は葉緑体に大きなピレノイドを 1 個もつ点で、*Y. unicocca* または *E. unicocca* と同定されるが、有性生殖が不明のため形態的同定ができなかった。従って、*rbcL* 遺伝子を用いた分子系統解析を実施した結果、Goldstein (1964) の用いた *E. unicocca* 3 株とともに単系統群を形成したので、*E. unicocca* として同定した。さらに *E. unicocca* の内部で、群体の仕切り構造の有無と一致する 2 つの系統が示された。また、核コード ITS 領域配列の解析も両者の系統的独立性を支持した。同様の仕切り構造は *Pleodorina* でも種レベルの識別基準となっている (Nozaki et al. 1989, 2006)。従って *E. unicocca* の 2 つの系統はそれぞれ別種とすべきであると結論された。また、多くの株を比較形態学的に調査した結果、細胞の収縮胞の数と分布が *Eudorina* と *Yamagishiella* の識別基準になることが示された。

■引用文献：Goldstein, 1964, J. Protozool., 11: 317、Nozaki and Kuroiwa, 1992, Phycologia, 31: 529、Nozaki et al., 1989, Phycologia, 28: 252、Nozaki et al., 1997, J. Phycol., 33: 272、Nozaki et al., 2006, J. Phycol., 42: 1072。

## P-21 マングローブ植物*Rhizophora mangle*の葉緑体DNAの地理的変異

田村茉莉子（千葉大・理・生物）\*，高山浩司（千葉大・理・生物），立石庸一（琉球大・教育・理科），梶田忠（千葉大・理・生物）

Mariko Tamura\* , Koji Takayama , Yoichi Tateishi , Tadashi Kajita

*Rhizophora mangle*はヒルギ科オオバヒルギ属の植物で、新大陸の東西及び西アフリカのマングローブ林を構成する主要樹種である。胎生種子が海流により散布されることで、現在の分布域を獲得したと考えられているが、近縁種との分化の過程や、新大陸の東西の集団間でどの程度の遺伝子流動が生じているかは明らかになっていない。

そこで本研究では、葉緑体DNAの塩基配列データを用いて*R. mangle*とその近縁種における遺伝的変異のパターンを解析し、1)南北アメリカ大陸や大西洋といった地理的障壁と集団間の遺伝的分化の関連、および、2)南太平洋に隔離分布する*R. samoensis* (*R. mangle*と同種という見解もある)の由来について明らかにすることを目的とした。

系統推定には葉緑体DNAの4領域 (*trnS-trnG* IGS, *atpB-rbcL* IGS, *rpl16* intron, *rbcL*)、合計約4,000bpの配列を使用した。新大陸の太平洋側から4集団、大西洋側から4集団、西アフリカから3集団、南太平洋域から2集団(*R. samoensis*)、それぞれ数個体ずつ、合計30サンプルを解析したところ、4つのハプロタイプが認識された。オヒルギ(*Bruguiera gymnorhiza*)を外群として得られた分子系統樹からは、*R. mangle*, *R. samoensis*, *R. racemosa*は単系統群を構成し、インド洋から西太平洋にかけて分布する*R. apiculata*と*R. mucronata*からなるクレードとは姉妹関係にあることが明らかとなった。また、4つのハプロタイプのうち1つは大西洋域のみに分布し(*R. mangle*と*R. racemosa*で共通)、3つは太平洋域のみに分布していた(うち1つは*R. mangle*と*R. samoensis*で共通)。

さらに、各集団からそれぞれ約30サンプルずつ、合計335サンプルについて、*rpl16* intronの塩基配列のみを用いてハプロタイプの地理的分布を調べた。認識された3つのハプロタイプのうち、太平洋域の集団は2つ、大西洋域の集団は1つのハプロタイプから構成されており、両地域に共通して分布するハプロタイプは得られなかった。このことは南北アメリカ大陸が遺伝子流動(種子散布)の大きな障壁となっていることを示唆している。また、南太平洋に分布する*R. samoensis*の集団は、*R. mangle*の太平洋側の集団がもつ1つのハプロタイプのみからなっていた。このことから、*R. samoensis*は、新大陸の太平洋側から南太平洋への長距離種子散布に起源するものであると推測した。



## P-22 インドネシア、東カリマンタンで発見された地衣類数種の分布

宮脇博巳\*(佐賀大・文化教育), 山口富美夫(広島大・院・理・生物科学), 清水英幸(国立環境研究所), H. Simbolon (Herbarium Bogoriense, Botanical Division, Research Center for Biology, LIPI, Bogor, Indonesia), 鈴木英治(鹿児島大・理・地球環境科学)

「森林火災が生物多様性に与える生態学的研究調査」(環境省地球環境研究総合推進費)実施にともない、インドネシア、東カリマンタン、バリクパパン市北西約 80km のブキットバンキライの森で 2001 年 2 月から 2008 年 9 月の間に 7 回、延べ約 50 日森林調査を行った。その際採集された興味深い地衣類数種の形態的特徴と分布を報告したい。

森林火災の被害を受けなかった熱帯雨林の樹皮より採集された *Graphis* sp.1 は、香港を始め亜熱帯、熱帯域の二次林に広く分布する *Graphina acharii* (Fée) Müll. Arg. に外見上類似する。しかし、*Graphina acharii* は、属の特徴である石垣状の仕切りを胞子の両端に持つが、*Graphis* sp.1 は、*Graphis* の特徴である平行多型胞子であり区別された。

Hammer (2001) は、生殖器官を確認することなく、栄養体の記載により、オーストラリア北部で採集された標本を基にハナゴケ科の新属 *Squamella* を設立し、*S. spumosa* も新種記載した。今回比較的火災を免れた湿地の樹木の樹皮より *Squamella* sp. を採集した。結果として *Squamella* の分布は、オーストラリア北部から東カリマンタン(ボルネオ島)に広がると推察された。

日本にも産する *Coccocarpia pellita* (Ach.) Müll. Arg. が東カリマンタンから初めて採集された。本種も森林火災の被害を受けなかった熱帯雨林に限って採集され、状態の良い森を示す良い生物指標と判断された。

他に、*Cyclographina macgreorii* (Vain.) Awas. & M. Joshi や *Sarcographa* sp. などを紹介する。

## P-23 神奈川県におけるウメノキゴケ遺伝子型の分布パターン

大村嘉人\* (国環研)・河地正伸 (国環研)・笠井文絵 (国環研)・相原敬次 (神奈川県環境科学センター)・武田麻由子 (神奈川県環境科学センター)・埜田宏 (森林総研)

Yoshihito Ohmura\*, Masanobu Kawachi, Fumie Kasai, Keiji Aihara, Mayuko Takeda, Hiroshi Taoda

地衣化菌類には特定の藻類に対する選択性があり、緊密な共生関係が構築されていると考えられている。この選択性が進化の歴史の中で確立されてきた背景には、環境ストレスによる淘汰や地理的分断など何らかの選択圧が影響してきたと考えられる。しかし、そのメカニズムについてはほとんど分かっていない。本研究では、地衣類の菌と藻の遺伝子型の地理的分布について調査を行い、環境ストレスの選択圧を受けて特定の遺伝子型の集団が形成されているのかについて調べることを目的とした。

調査は2005年4月から2006年10月にかけて、神奈川県のほぼ全域を網羅する133地点の墓地や公園で行った。材料には県内に広く分布するウメノキゴケ(*Parmotrema tinctorum*)を用いた。墓石や樹皮上に生育していたウメノキゴケ120点を採取し、菌と藻それぞれの核rDNA ITS領域の塩基配列から両者の遺伝子型および組み合わせを決定した。それらの遺伝子型の分布を2次元メッシュ上にプロットし、大気汚染や気象条件といった環境要因との比較を行った。

その結果、ウメノキゴケの遺伝子型は、地衣菌7タイプ、共生藻22タイプ、それぞれの組み合わせでは35タイプが検出された。これらのうち、地衣菌では6タイプが1塩基のみの違いであり、1タイプは4塩基の挿入を含むといった僅かな変異しか認められなかった。一方、共生藻は757アライメントサイトのうち205の変異領域が認められ、NJ法による系統解析から5つのクレード(A~E)が見出された。神奈川県におけるこれらの遺伝子型に基づく分布パターンは、地衣菌ではほとんどが同一タイプのため、明瞭なパターンは見出されなかったが、共生藻では概ね4つのパターンが識別された。すなわち、①クレードAに属する高頻度の遺伝子型のみからなる集団(NO<sub>2</sub>濃度が0.025ppm程度の大气汚染地域とほぼ一致)、②クレードAのみから構成されるがクレードAの低頻度の遺伝子型を含む集団(NO<sub>2</sub><0.02ppmの大气清浄地域とほぼ一致)、③クレードBを含む集団(小田原市や鎌倉市などの寺院の多い地域と一致)、④クレードDを含む集団(三浦半島)であった。クレードCとEの個体はそれぞれ一地点のみの分布であり、環境要因との比較はできなかった。菌と藻の組み合わせの分布パターンは共生藻のパターンにほぼ一致していた。

それぞれの分布パターンにおける共生藻の遺伝子型の頻度や遺伝的距離から大気汚染が選択圧として働いていることが示唆された。小田原市、鎌倉市、三浦半島の地域集団はクレードA以外の系統の遺伝子型を含むことから、選択圧が低いことが示唆された。三浦半島では、風向きのために平野部からの個体の流入や大気汚染の影響が少なかったことが想像され、遺伝的浮動によって特異的な集団が形成されたことが考えられた。

## P-24 東カリマンタンのプナン・ブナルイのサゴヤシについての知識と利用

小泉都\* (京都大学・AA・東南ア)

Miyako Koizumi

インドネシア、東カリマンタン州、カヤン・ムンタラン国立公園内、ロング・ブラカ村 (2° 41' N, 115° 43' E) において、2002 から 2007 年にかけて、元狩猟採集民 (定住化して農耕を行っている) プナン・ブナルイの民族植物学知識の調査を行った。このうち野生のサゴヤシ (幹から澱粉を採取できる木性ヤシ) についての結果を報告する。

彼らによると、以下の7種類の野生のサゴヤシが彼らの生活域でみられるという (カッコ内は観察できていないが、聞き取りから予想される分類群)。

1. **Uvut (Nangah)** *Eugeissona utilis* Becc.
2. **Uvut payah** (*Eugeissona* sp.? Not observed)
3. **Jakah** *Arenga undulatifolia* Becc.
4. **Jakah payah = Bo'** (*Arenga* sp. ? Not observed. *Arenga brevipes* Becc., according to Puri 2001)
5. **Lesei** *Caryota mitis* Lour.
6. **Iman** *Caryota no* Becc.
7. **Anau** (*Borassodendron borneensis* Dransfield.? Not observed)

このうち、*Eugeissona utilis* については、成長段階について以下のような語彙がある。

Tevangah: 落ちた実。

Urip tevangah uvut: 実生 (高さ 30 cm くらいまで)。発芽後~1 枚目の葉がでるころまでは、胚乳を食べることができる。

Tevangah uvut: 花序がでるまで。新芽を食べることができる。花序がでる前には澱粉がとれるようになる。

Nangah: 繁殖段階にはいったもの。ただし、花序がでていなくても、15 m くらいに成長すれば Nangah と呼ぶ。

Bue uben: 一回目の花序。20 cm くらいのまだ開ききっていない状態。

Bue rang suwah = Bue nyaragap: 一回目の花序。開いたもの。

(Purah uvut: *Eugeissona utilis* の花序一般をさす。花粉を食べることができる。)

Purah silun daran: 一回目の花序。2 cm くらいの実がのぞいている。

(若い実は食べられる。Purah silun daran より後、Pura pega' より前)

Purah pega': 一回目の花序。実が大きくなって落ちる前。

Purah sekelep: 二回目の花序。

Tevangah ulun kutit: 小鳥 (*Pitta granatina*?) の頭くらいの若い実。

Tevangah tek: 直径 4 cm くらいの若い実。食べられる。

Tevanagh upah: 落ちる前の実。

Muluh: 実が落ちてしまったサゴ。澱粉はもうとれない。

濱田真成\*・高橋弘（岐大・教育）

Masanari Hamada, Hiroshi Takahashi

岐阜県東濃地方は、岐阜県の南東部に位置する。

ここには、低湿地が多く分布することにより、湿地性の植物が多数生育する。また、ここには、太平洋側に分布する植物、長野県県境山岳沿いに南下する植物などもみられる。さらに、近年、この近辺に特異的に分布する植物も知られるようになってきており、植物地理学上注目される地域である。しかし、この地域のフロラは、まだ、十分に解明されたとはいえない。

そこで、本研究では、現地調査を行うと同時に、岐阜大学及び岐阜県博物館に所蔵されている標本を元に、この地域のフロラの解明を試みると共に、この地域に偏って分布する植物について、その詳細な分布を調べた。

その結果、岐阜県内では約 157 科 2548 種の種子植物が生育しており、そのうちの 6 割近くの約 140 科 1579 種の種子植物が東濃地方で確認できた。東海丘陵要素の岐阜県での分布は、ウンヌケ(*Eulalia speciosa* (Debeaux) O. Kuntze), シラタマホシクサ(*Eriocaulon nudicuspe* Maxim.)等は主に東濃地方に限られて分布し、クロミノニシゴリ(*Symplocos paniculata* (Thunb.) Miq.), シデコブシ(*Magnolia stellata* (Sieb. et Zucc.) Maxim.)等は主に東濃地方と中濃地方の南部に、ヘビノボラズ(*Berberis sieboldii* Miq.), ハナノキ(*Acer pycnanthum* K. Koch)等は主に中濃地方から東濃地方と県内中部以北に分布していた。マメナシ(*Pyrus calleryana* Decne.), ヒメミミカキグサ(*Utricularia nipponica* Makino)などは岐阜県では確認できなかった。

また、その他、特徴的な分布をするものについて、分布図を示して、植物地理学的な考察を行う。

## P-26 日本, 琉球, 台湾産イノデ属画像データベースの作成

大悟法滋\* (上越教育大・総合学習)・五百川裕 (上越教育大・自然)

Sigeru Daigobo, Yu Iokawa

イノデ属シダ植物は、盾型の包膜、遊離脈、毛が無く多様な鱗片を持つことなどで定義され、世界に広く分布し、200種以上を含むまとまった属として扱われてきた。日本およびその周辺地域のイノデ属について、Tagawa(1940)は、単羽状と複羽状に大別し、8節に分類した。Daigobo(1972)は、背軸側葉面の微小鱗片の形態を重視して、この微小鱗片を *microscale* と呼び、葉軸や葉柄にみられる鱗片の発生初期段階を示していると推定し、その形態をいくつかのタイプに分けて、包膜、葉軸や葉柄の鱗片の形態、孢子のう群のつき方、裂片などの形態を加味し、さらに16節に細分した。しかしながら、鱗片の発生についての検証はなく、*microscale* 以外の諸形質については、簡単な記載文のみで詳細は公表されていない。

近年、DNAの塩基配列比較による系統解析技術が進歩し、シダ植物でも多くの分類群で使用され成果をあげている。イノデ属については、Little & Barrington (2003)が、世界各地の34分類群を対象として、ヤブソテツ属やカナワラビ属を含むオシダ科他属の21分類群と共に、葉緑体DNAの *rbcL* の塩基配列比較を行い、ジュウモンジシダ、タチデンド、オリヅルシダを含む一般的なイノデ属はヤブソテツ属が含まれて多系統であることを明らかにした。そして、形態形質を加えた解析によって、イノデ属は、葉柄基部の鱗片に縁毛があり、一回羽状複葉で、終裂片の先端が乾膜質となり、盾型の包膜、および *microscale* を持つ共通祖先から進化したことを推定している。しかし、彼らの言う狭義イノデ属内での各種の系統関係、および形態形質の進化については十分な解析は行われておらず、さらに詳細な研究が必要とされている。

イノデ属植物の分類形質については、各種文献の記載文によって表現されているが、検索表のキーワードなどでは具体的な形態等を判断しにくいものもあり、葉質や葉色等、生品でわかりやすい形質も標本では識別しにくいものもあって、種の同定等に混乱を生じている場合も少なくない。また、多くの雑種の存在が同定を難しくしている場合もあって、日本産のイノデ属については、研究対象として取り組みにくい印象を強めているように思われる。そこで、イノデ属のさらに詳細な系統分類学的研究の進展の一助となるように、日本、琉球、台湾産のイノデ属について、Daigobo(1972)の提案した16節ごとに、上越教育大学収蔵の標本画像を中心に、諸形質についての拡大写真、図版等を適宜組み合わせた画像データベースを作成して上越教育大学植物研究室ホームページ (<http://www.syokubutu.rika.juen.ac.jp/syokubutu.html>) で公開することとした。今回のポスター発表では、その概要を紹介するとともに、1970年当時推定した16節と各形質の関係図(大悟法未発表)を、Little & Barrington (2003)の葉緑体DNAの分子系統解析の結果と比較しながら紹介する。

Tagawa, M. 1940. *Polystichum* of Japan, Korea and Formosa I. *Acta Phytotax. Geobot.* 9: 119-138.

Daigobo, S. 1972. Taxonomic studies on the fern genus *Polystichum* in Japan, Ryukyu, and Taiwan. *Sc. Rep. TKD. Sect. B.* 15: 57-80.

Little, D.P. & Barrington, D.S. 2003. Major evolutionary events in the origin and diversification of the fern genus *Polystichum* (Dryopteridaceae). *Am. J. Bot.* 90: 508-514.

## P-27 中部地方におけるチマキザサ・ミヤコザサ・アマギザサ節植物の形態比較

高橋一臣（富山県中央植物園）

Kazuomi Takahashi

ササ属 (*Sasa*) にはかつて 400 種以上もの“種”が記載されたが、その多くは栄養器官各部における毛の種類や有無などの組合せにもとづいて区別され、単なる集団内多型とみなされるものが多い。ササ属植物における生物学的実体は、従来の種ではなく節（せつ）くらいのレベルにある可能性がある。

鈴木 (1996) は、ササ属にチシマザサ節 (sect. *Macrochlamys*)、アマギザサ (イブキザサ) 節 (sect. *Monilicladae*)、チマキザサ節 (sect. *Sasa*)、ミヤコザサ節 (sect. *Crassinodi*) の 4 つの節を認めている。このうちチシマザサ節は、栄養器官の特徴だけでなく小穂の形態でも他の 3 節と異なっている。主に日本海側の多雪地帯に分布するチシマザサ節は、やはり日本海側に分布するチマキザサ節と分布が大きく重なる。しかし、両者の間には若干の生育地の分化がみられ、また、推定雑種 (オクヤマザサなど) には花粉稔性の低下が認められる。

一方、チシマザサ節以外の 3 つの節は、基本的に稈の分枝様式によって区別される。すなわち、チマキザサ節では稈はまばらに、ミヤコザサ節では稈は分枝しないか基部のみで、アマギザサ節では稈は上部で密に枝を分岐する。これらは日本海側から太平洋側にかけて、ほぼ地理的に置き代わるように分布する。

このように、ササ属の節レベルの分類では稈の分枝様式が重視されるが、枝を出す位置は環境条件による影響を受けやすい。また、標本、特に当年生の分枝していない稈では分枝様式の判定が難しい。ただし、ミヤコザサ節の場合は地表付近を除いて地上部の節（ふし）には芽をつけないため、芽の位置を同定基準とすることができる。ところが、チマキザサ節とアマギザサ節では着芽パターンが共通し、ともに稈のほぼすべての節に芽をつける。つまり、アマギザサ節は稈の上部で分枝するのが特徴とされるが、潜在的には下部の節からも枝を出すことができる。

そこで、枝の位置を直接参照しなくてもこれら 3 つの節が識別できるか検討するために、中部地方を中心にいくつかの地域で葉の展開が完了した当年生の稈を採集し、稈・葉・稈鞘の形態を計測した。主成分分析の結果、これら 3 節は、少なくとも典型的とみられる集団については当年生の分枝していない標本によってもほぼ識別できることがわかった。さらに、典型的な集団とは異なった変異を示した集団や、飛騨地方の一部でみられた同所的な分布について報告する予定である。

GBSSI (*waxy*) 相同遺伝子を用いた  
汎熱帯海流散布植物オオハマボウの分子系統地理

高山浩司 (千葉大・理) \*・立石庸一 (琉大・教育)・梶田忠 (千葉大・理)

Koji Takayama, Yoichi Tateishi, Tadashi Kajita

アオイ科フヨウ属のオオハマボウは、西アフリカ (大西洋) からインド洋を越え南太平洋にまで広く分布する汎熱帯海流散布植物である。オオハマボウの分布域の周辺地域には、形態的に良く類似した 4 種が分布している。葉緑体遺伝子を用いた解析からは、これらの近縁種がオオハマボウを母種として分化してきた可能性が示された。この結果は、広域分布する母種の分布域周辺の様々な地域で、種分化が繰り返し生じているという種分化のパターンが存在することを示唆している。また、近縁種のモンテンボクやアメリカハマボウでは、オオハマボウとの間で葉緑体遺伝子ハプロタイプの共有も見つかっており、種間の遺伝子流動が起こったと推測されている。

本研究では核遺伝子マーカーを用いた解析をおこない、オオハマボウと近縁種の分化過程や遺伝子流動の可能性について検討した。種子植物の多くの科で low copy gene として知られている GBSSI (*waxy*) 相同遺伝子について、オオハマボウと近縁 4 種および外群を含めた 6 種約 70 個体の塩基配列を決定した。GBSSI 相同遺伝子はこれまで解析した葉緑体遺伝子の 5 領域に比べ、約 10 倍程度突然変異率が高いことが明らかとなった。系統解析により得られた遺伝子系統樹は大きく 2 つのクレード (I・II) に分かれた。クレード I にはオオハマボウとモンテンボクを含む近縁 4 種が含まれ、クレード II にはオオハマボウとモンテンボクのみが含まれた。小笠原諸島固有種のモンテンボクは単系統にはまともならず、オオハマボウとの間でハプロタイプの共有も見られた。この結果は、両種の間で二次的な遺伝子流動が起こった可能性を示唆している。また、新大陸の大西洋のアメリカハマボウ集団の多くはオオハマボウと共通の葉緑体遺伝子ハプロタイプを持っていたが、GBSSI 遺伝子の系統樹では太平洋側の集団と同じクレードに含まれることが明らかとなった。従って、大西洋地域における葉緑体遺伝子の共有は遺伝子浸透によってもたらされたものである可能性が高いと考えられる。オオハマボウの大西洋地域の集団は、太平洋・インド洋地域の大部分の集団が含まれるクレードとは異なるクレードに含まれた。大西洋地域の集団は集団間の遺伝的分化の程度 ( $F_{ST}$ ) からも、太平洋・インド洋地域の集団とは大きく分化していた。このことはアフリカ大陸が種子海流散布の大きな障壁となっていることを示唆している。

## P-29 六甲山のブナはどこから来たか？兵庫県のブナ (*Fagus crenata*) の遺伝型解析

高野温子\* (兵庫県博) ・布施静香 (兵庫県博) ・橋本佳延 (兵庫県博) ・坂田宏志 (兵庫県博) ・三橋弘宗 (兵庫県博)

Atsuko Takano (Hyogo Museum), Shizuka Fuse (Hyogo Museum), Yoshinobu Hashimoto (Hyogo Museum), Hiroshi Sakata (Hyogo Museum), Hiromune Mitsuhashi (Hyogo Museum)

ブナ (*Fagus crenata* Blume) は、最終氷期の間、本州中部では日本海側沿岸部と紀伊半島海岸部、及び伊勢湾周辺に分布を狭めて分布していたと考えられているが、現在、兵庫県には日本海側から瀬戸内側にかけてブナが点在している。特に瀬戸内側の六甲山や能勢妙見山に分布するブナは、その由来が日本海側なのか、それとも紀伊半島なのか生物地理学的に興味深い。植物社会学的にみると、ブナが優占する林の種組成は丹波地方以北の日本海側 (ブナークロモジ群集) と西日本太平洋側 (ブナーシラキ群集) で大きく異なっており、瀬戸内側の六甲山や能勢妙見山のブナ優占林の種組成は紀伊半島のものに近いとされている (福嶋ほか 1999)。

一方、ブナについての種々の分子マーカーを用いた生物地理学的研究も行われており (例えば Tomaru et al. 1998, Fujii et al. 2002, Okaura and Harada 2002), そのなかでも Fujii et al. (2002) によれば、兵庫県周辺では日本海側に位置する氷ノ山のブナが中部日本海側に広く見られる「ハプロタイプB」、扇ノ山のブナはユニークな「ハプロタイプC」をもつことが分かっている。しかし、県内の他集団、特に瀬戸内側におけるブナについての遺伝的情報はなく、兵庫県のブナの由来を解明するには不十分であるといえる。

そこで我々は、瀬戸内側に位置する六甲山や能勢妙見山に見られるブナの由来を探るために、兵庫県内のブナ 12 集団計 32 個体について、葉緑体遺伝子 *trnK* と *trnL-trnF* 遺伝子間領域の塩基配列を決定し、Fujii et al. (2002) の 13 ハプロタイプのどれに対応するかを調べるとともに、後氷期におけるブナの分布拡大の過程をシミュレーションによって解析した。

結果、扇ノ山を除く兵庫県内の全集団でハプロタイプBが見出された。また日本海側の集団 (氷ノ山、扇ノ山、蘇武岳、三川山、来日岳) からはハプロタイプCも合わせて見つかった。分布拡大過程のシミュレーションでも、日本海側から六甲山に南下するほうが、紀伊半島から六甲山に移動するよりもコストがかからないという結果が得られた。以上の結果より、六甲山、能勢妙見山のブナは、後氷期に日本海側から南下してきたものと考えられる。



## P-30 伊豆諸島に固有なハチジョウイボタと対応種オオバイボタの分化に関する研究

兒玉公成\* (東北大・理・生物)・山田孝幸 (東北大・院・生命)・牧雅之 (東北大・院・生命)

Kosei Kodama, Takayuki Yamada, Masayuki Maki

伊豆諸島には独自の種分化を遂げた固有種が複数存在し、モクセイ科の低木であるハチジョウイボタ (*Ligustrum ovalifolium* var. *pacificum* (Nakai) Mizushima) はその一例である。一方、本州にはハチジョウイボタの近縁変種(母種)とされるオオバイボタ (*Ligustrum ovalifolium* var. *ovalifolium* Hassk.) が分布する。これらの2変種は、伊豆諸島と本州の地理的隔離によって引き起こされた異所的種分化の産物であると考えられる。本研究では、形態学的、遺伝学的、さらに訪花昆虫相の観点から解析することを通じて、ハチジョウイボタとオオバイボタにおける変種間分化について検討する。

2007年の5月から6月にかけて、伊豆諸島(伊豆大島、利島、新島、神津島、三宅島、御蔵島、八丈島)からハチジョウイボタを、本州(宮城県、茨城県、三浦半島、および伊豆半島)からオオバイボタをサンプリングし、各サンプル個体について、花序と複数の花の形質を測定した。また、各集団において、個体に訪花する昆虫についてもサンプリングを行った。その結果、伊豆諸島に生息するハチジョウイボタは、本州に生息するオオバイボタに比べ、花のサイズが減少していることが確認され、さらに、ハチジョウイボタでは、南に位置する集団ほど花のサイズが減少していることも確認された。また、訪花昆虫の構成種がオオバイボタおよびハチジョウイボタの集団によって異なっていることが明らかとなった。このことが、ハチジョウイボタとオオバイボタの花における変種間分化に関与しているだけでなく、ハチジョウイボタの集団間における花部形態の変異を生じさせた可能性がある。

さらに、オオバイボタから複数のマイクロサテライト DNA 領域を単離し、それらの領域を増幅するプライマーを設計した。現在、これらのマイクロサテライト解析を用いた集団遺伝学的解析を進めており、ハチジョウイボタとオオバイボタ間でどの程度の遺伝的分化が生じているのか、ハチジョウイボタにおいてどの程度の集団間分化が見られるか、同じく伊豆諸島固有に固有であるシマホタルブクロやニオイウツギと同様に、南下するにつれて集団の遺伝的多様性が低下するかなどについて、検討する予定である。

## P-31 ユリ科キバナノホトトギス節4種のマイクロサテライトDNA変異

高橋 康紘 (東北大・院・生命)・牧 雅之 (東北大・院・生命)

Yasuhiro Takahashi, Masayuki Maki

ユリ科キバナノホトトギス節(sect. *Flavae*)には、キバナノホトトギス(*Trycyrtis flava* Maxim.)、チャボホトトギス(*T. nana* Yatabe)、タカクマホトトギス(*T. ohsumiensis* Masamune)、キバナノツキヌキホトトギス(*T. perfoliata* Masamune)の4種が含まれる。これら4種はいずれも比較的珍しい種であり、チャボホトトギス以外の3種はレッドデータブックに記載されている。

本研究では、マイクロサテライト(SSR)マーカーを用いて、キバナノホトトギス節4種の遺伝的変異を種レベル、集団レベルで解析することを目的とした。本研究にあたって、キバナノホトトギスで増幅する11個のマイクロサテライトプライマーを設計し、そのうち、4種全てで増幅する7遺伝子座を解析に用いた。解析は、キバナノホトトギス6集団、チャボホトトギス9集団、タカクマホトトギス2集団、キバナノツキヌキホトトギス1集団を対象とし、1集団あたり16~32個体をサンプリングして遺伝子型を決定した。

解析の結果、チャボホトトギスの遺伝的多様性が種・集団レベルともに他の3種に比べて小さいことが分かった。ヘテロ接合体頻度は、チャボホトトギスが0.14と最も小さく、他の3種は、キバナノホトトギスが0.66、キバナノツキヌキホトトギスが0.67、タカクマホトトギスが0.67であった。1遺伝子座あたりの対立遺伝子数は、キバナノホトトギスが13.0、タカクマホトトギスが10.7、チャボホトトギスが8.7で、キバナノツキヌキホトトギスは2.7と最も少なかった。キバナノツキヌキホトトギスが最も少なかったのは、解析を行ったのが1集団だけだったためと思われる。4種の中で分布域が最も広いチャボホトトギスの遺伝的多様性が他の3種に比べて高いという、予想とは逆の結果になった。この酵素多型においてもみられた傾向は、マイクロサテライトDNAのように極めて変異性が高い遺伝子座においても成り立つことが分かる。多型遺伝子座における近交係数を算出したところ、チャボホトトギスの近交係数が他の3種に比べて大きく、有意に0からずれていることが分かった。このことから、チャボホトトギスでは主に自家交配が、他の3種では主に他家交配が行われていることが示唆される。したがって、交配様式が、キバナノホトトギス節4種の遺伝的多様性を決定する主要な要因であると考えられる。4種の交配様式の違いは、チャボホトトギスが雌雄同熟性であるのに対し、他の3種が雌雄異熟性であるためだろう。

集団間分化の程度をキバナノホトトギスとチャボホトトギスで比較すると、チャボホトトギスの方が集団間分化の程度が高いことが分かった。チャボホトトギスは、主に自家交配を行っているので、集団間の遺伝子流動が小さくなり、集団間分化が促進されていると考えられる。

今回用いたマイクロサテライト遺伝子座は、検出された対立遺伝子数やヘテロ接合体頻度が酵素多型と比較するときわめて高く、キバナノホトトギス節植物の集団解析において有効な遺伝子マーカーであるといえる。

牧 雅之 (東北大・院・生命科学) \*

Masayuki MAKI

ユリ科シライトソウ属 (*Chionographis* Maxim.) は、国内に6分類群 (シライトソウ, チャボシライトソウ, クロカミシライトソウ, アズマシライトソウ, ミノシライトソウ, クロヒメシライトソウ) が知られている. このうち, シライトソウ, チャボシライトソウ, クロカミシライトソウは2倍体であり, アズマシライトソウ, ミノシライトソウ, クロヒメシライトソウは4倍体である. また, 4倍体の集団では, 雌花両性花異株 (gynodioecy) が広く見られる.

これまでの多くの分類学的取り扱いでは, 4倍体の3分類群はシライトソウ (狭義) の種内分類群とされてきた. また, クロカミシライトソウは, チャボシライトソウとシライトソウの中間的な形態をもつものの, シライトソウの変種として扱われているのが普通である.

最近, Tanaka (2003) は, 花被片や葉脈, 性表現の違いなどをもとに, 4倍体の3分類群を2倍体のシライトソウ, チャボシライトソウとは別種として扱い, ミノシライトソウとクロヒメシライトソウをアズマシライトソウの種内分類群 (亜種) とした.

Maki (1992) は, 酵素多型解析の結果から, クロカミシライトソウはシライトソウよりもチャボシライトソウに近いと主張した. また, 4倍体の分類群は異質倍数体起源であるが, シライトソウともチャボシライトソウとも遺伝的に類縁性が低いことを示した.

本発表では, 葉緑体DNAの複数の遺伝子間領域, 18S-26SリボゾームDNAのITS領域, 5SリボゾームDNAのNTS領域, グリセルアルデヒド-3-リン酸脱水素酵素遺伝子の塩基配列情報を用いて, シライトソウ属の系統解析を行った結果を報告する. 解析対象は, シライトソウ (宮崎, 静岡の2集団), チャボシライトソウ (宮崎, 高知の2集団), クロカミシライトソウ (佐賀の1集団), アズマシライトソウ (埼玉の1集団), ミノシライトソウ (岐阜の2集団), クロヒメシライトソウ (秋田, 新潟の2集団), アメリカシライトソウ (*Chamaelirium luteum*: 栽培品) であり, 外群としてショウジョウバカマとツクバネソウを加えた.

分子系統解析の結果から, Tanaka (2003) が主張するように, 4倍体分類群はシライトソウ (狭義) の種内分類群として扱われるべきではないことが示唆された. また, Maki (1992) の結果とは反して, クロカミシライトソウはシライトソウと近縁であることが明らかとなった. これらの結果をもとに, 4倍体分類群の起源やシライトソウ属の分類体系についても論じる.

**P-33 Possible interlocus recombination event of the LFY2 gene in *Ceratopteris thalictroides***

Bayu Adjie\* (千葉大・院・自然科学), 綿野泰行 (千葉大・理)

*LEAFY* is a gene which controls floral meristem identity in *Arabidopsis*. Its homologue is widely distributed among land plants, but their function in ferns and mosses is still unknown. *Ceratopteris richardii* was reported to have two *LEAFY* homologs: *CrLFY1* and *CrLFY2*. Present study was purposed to analyze the orthologous genes *CLFY1* and *CLFY2* in the fern genus *Ceratopteris*, which provided important evidences to elucidate the origins of cryptic species in the fern tetraploid *C. thalictroides*. We amplified *CLFY1* and *CLFY2* by using gene-specific PCR primers, clone them, and sequenced from four species in genus *Ceratopteris*. The comparison of the gene trees of *CLFY1* and *CLFY2* showed some incongruent points. For example, most individual of north type of *C. thalictroides* showed fix heterozygosity (having two alleles from different cluster, X and Y), however, one strain from Taiwan (Taiwan3) was an exception. The recombination detection software (RECCO) suggested that one of *CLFY2* allele (Taiwan3.1) of the individual could be a recombinant between alleles of cluster X and Y. This should be addressed as the first evidence for intragenic recombination between the duplicated loci produced by polyploidization in homosporous ferns.

Mohammad Vatanparast\* (千葉大・院・自然)、Shahrokh Kazempour Osaloo (Department of Plant Biology, Tarbiat Modares University, Tehran, Iran)

Cladistic analyses based upon 50 multistate morphological characters for 48 *Trifolium* (Fabaceae) species of all 8 sections with *Trigonella foenum graecum* and *Trigonella stellata* as outgroup taxa were investigated. The genus appears monophyletic; species of section *Lotoidea* are sisters to the remainder species of the genus. Sections *Vesicaria* and *Chronosemium* form monophyletic groups, separately, with high bootstrap value. However, two cosmopolitan sections, *Lotoidea* and *Trifolium* are parasphyetic. The New World species (*T. nanum*, *T. longipes*, *T. pinetorum* and *T. depauperatum*) are nested clearly within the old world ones and form a paraphyletic group in spite to molecular studies. The two species (*T. nanum*, *T. longipes*) of section *Lotoidea* are basal within the genus that supporting the hypothesis of New World origin for the genus.

田中伸幸\* (牧野植物園)、遊川知久 (国立科博・筑波実験植物園)、藤川和美 (牧野植物園)、大井 (東馬) 哲雄 (東京大・院・理・植物園)、邑田仁 (東京大・院・理・植物園)、小山鐵夫 (牧野植物園)

Nobuyuki Tanaka, Tomohisa Yukawa, Kazumi Fujikawa, Tetsuo Ohi-Toma, Jin Murata, Tetsuo Koyama

ミャンマーはアジアで植物多様性の調査研究が最も遅れている地域のひとつである。西北部を中心に 2000 年よりミャンマーの 5 箇所において植物調査を実施し、様々な知見が得られつつある。今回はそのうち、西部のチン州ビクトリア山国立公園および北部カチン州のフーコン河谷野生トラ保護区での調査結果の一部を紹介する。

ビクトリア山国立公園はビクトリア山 (3053m) とその周辺地域を含み、地域植生を大別すると低地は熱帯季節林から高度を増すにつれ乾性フタバガキ林、温帯林と頂上付近は草地となり (Kingdon-Ward, 1958)、維管束植物は 2500 種が生育すると評価がなされている (WWF & IUCN, 1995)。このように植物の宝庫とされているものの、1950 年以降に採集された標本の蓄積は無く、詳細な各分類群を対象とした研究事例は乏しい。特にラン科の調査・研究に集中的に取り組んだ事例は未だなく、知見はほとんど集積されていない。これまでの調査の結果、複数の未記載種と思われるラン科植物を発見した。これらの中で *Dendrobium* と *Doritis* の各 1 種は新種であることが判明したので紹介する。

一方、カチン州のフーコン河谷は本格的な植物調査の事例が全くなかった地域である。2005 年 9 月及び 12 月に同地域の調査研究を実施したところ、シュウカイドウ科の *Begonia* 属 *Sphenanthera* 節に属する新種が見出されたので紹介する。また、複数のミャンマー新産種が明らかになり、分布に関する新知見が得られた。フーコンで発見された新産種 5 種のうち 4 種はミャンマーより東が分布の中心であり、ミャンマーと日華区系、インドシナ区系との関係を解析する上で重要な資料と考えられた。こうした植物相の関連については今後の継続的な調査で情報が蓄積されるにつれて次第に明らかになっていくものと思われる。また、本研究の同定過程では生殖器官がなく同定が困難な標本について、葉から DNA を抽出後、*rbcl* 遺伝子の塩基配列を決定した上で NCBI の BLAST により相同性検索を行い、科、属などの特定を行った。この方法で同定した *Stichoneuron membranaceum* (Stemonaceae) はこれまでインド東部からのわずかな標本資料からのみ知られていたが、ミャンマーにも分布することが明らかとなった。

石川直子（基生研）\*・横山潤（東北大・理・院）・塚谷裕一（東大・理・院、基生研）

Naoko ISHIKAWA (National Institute for Basic Biology) \*, Jun YOKOYAMA (Graduate School of Life Sciences, Tohoku University), Hirokazu TSUKAYA (Graduate School of Science, University of Tokyo; National Institute for Basic Biology)

*Plantago* 属 (Plantaginaceae) には、世界に広く分布する約 200 種が含まれ、形態上の違いをもとに *Albicans*, *Bougueria*, *Coronopus*, *Littorella*, *Plantago*, *Psyllium* の 6 つの亜属に分類される。この *Plantago* 属では、ITS および葉緑体 DNA *trnL-F* 領域を用いた分子系統解析等の結果から、亜属間、及び一部の亜属内の系統関係が明らかにされている。しかしながら、約 130 種を含み *Plantago* 属最大の亜属である *Plantago* 亜属については、従来の解析では十分な解像度が得られなかったため、亜属内の関係はこれまで明らかにされていない。

そこで現在、我々は、この *Plantago* 亜属内の詳細な系統関係を明らかにするため、核ゲノムにコードされる *SUC1* 遺伝子のエキソン 1-エキソン 2 を含む領域を用いた分子系統解析を行っている。*Plantago* 亜属は *Plantago*, *Virginica*, *Oliganthos*, *Mesembrynia*, *Micropsyllium* の 5 節に分けられ、いずれの節も世界に広く分布している。日本を含む東アジアから東南アジア地域には、*Plantago* 節の十数種と *Mesembrynia* 節の数種が分布している。本解析では、イギリス王立 Kew 植物園の DNA bank より取り寄せた 19 種を含む、5 節 29 種について解析を行った。さらに *Plantago* 亜属には倍数体種が多く含まれることから、それら倍数体の起源を明らかにするため、2 倍体以上のサンプルについては、PCR 断片をクローン化した後に塩基配列決定を行い、分子系統解析に使用した。

解析の結果、まず国内に分布する最も一般的な *Plantago* 亜属植物で、*Plantago* 節の 4 倍体種であるオオバコ *P. asiatica* が、*Plantago* 節のセイヨオオバコ類縁の祖先種と、*Mesembrynia* 節のムジナオオバコ類縁の祖先種との雑種由来であることが明らかになった。またさらに *Plantago* 亜属には、交雑由来と考えられる倍数体は、オオバコ以外にも複数見つかった。このことから *Plantago* 亜属は、雑種形成を経て複雑に種分化して来た可能性がある。またさらに上記の結果は、*SUC1* 領域の解析により、*Plantago* 亜属内の節間および種間の詳細な系統関係を明らかにすることができることを示すものである。*Plantago* 亜属の節間の系統関係についても報告する予定である。

佐藤桐子\* (高知女大・院・人間生活)・荻沼一男 (高知女大・生活科学)  
 ・百原 新 (千葉大・園芸・緑地環境)・遊川知久 (国立科博・  
 筑波実験植物園)・瀬戸口浩彰 (京大・院・人間・環境)  
 Hisako Sato, Kazuo Oginuma, Arata Momohara, Tomohisa Yukawa, Hiroaki  
 Setoguchi

ドクダミ属はドクダミ (*Houttuynia cordata* Thunb.) 1種からなり、日本、琉球諸島、中国、ネパールから東南アジアに分布する多年草である。

これまでのドクダミの染色体数の報告は、 $n=52-56$  (Shibata & Miyake, 1908),  $n=48$  (Mihara, 1960),  $2n=24$  (Hsu, 1968),  $2n=ca. 96$  (Okabe, 1934; Kurosawa, 1966),  $2n=96$  (Okada, 1986),  $2n=100-104$  (Soderberg, 1927)など多様であったが、Okada (1986) は本属の染色体基本数を  $x=12$  と推定した。

本研究では、日本 (高知市)、台湾、中国南西部、ネパールおよびタイ王国に分布するドクダミを採集し、その根端分裂細胞から染色体の観察を行った。その結果、日本、台湾の2ヶ所および中国の1ヶ所の株は  $2n=96$  であった。この染色体数は、Mihara (1960)およびOkada (1986)の報告と一致した。本研究では、しかしながら、 $2n=96$  以外に4つの倍数体を新たに見いだした。すなわち、 $2n=72$  が中国の5ヶ所とタイ王国の1ヶ所、 $2n=80$  が中国の1ヶ所、 $2n=112$  がネパールの2ヶ所および  $2n=128$  が中国の2ヶ所で生育していることが判った。

これらの染色体数から、ドクダミ属の染色体基本数は Okada (1986)が提唱した  $x=12$  ではなく  $x=8$  であることが判った。すなわち、 $2n=72$  は  $x=8$  の9倍体であり、 $2n=80$  は10倍体、 $2n=96$  は12倍体、 $2n=112$  は14倍体、 $2n=128$  は16倍体であることが判った。このように、ドクダミは  $x=8$  を基本数とする高次倍数体として生育していること、中国の雲南省のTengchongでは別集団ではあるが  $2n=80$  と  $2n=128$  が生育していることが判った。また、ネパールの  $2n=112$  を除けば、他の倍数体は全て中国に生育していることが判った。

ドクダミ科 (Saururaceae)はドクダミ属 (*Houttuynia*)を含め4属 (*Anemopsis*, *Gymnotheca*, *Saururus*) から構成されている (ATG II, 2003)。本研究で新たに明らかとなったドクダミ属の染色体基本数 ( $x=8$ )とこれまでに報告されている他の4属の基本数から、Meng *et al.* (2003)が提唱した核DNAから解析した系統樹を用いてドクダミ科の染色体進化について報告する。



P-38 形態およびDNAを用いたムラサキシキブ (*Calliparpa japonica*)  
の分類学的再検討

平野阿矢\*・副島顕子・西野貴子 (大阪府大・理)

Aya Hirano, Akiko Soejima, Takako Nishino

*Callicarpa japonica*は日本、韓国、台湾および中国南部に分布するが、日本においてはムラサキシキブ (var. *japonica*) とオオムラサキシキブ (var. *luxurians*) の2変種が認められており、主に葉の大きさと厚さで分けられている。しかし形態の変異幅が大きく、両者の中間形が存在するため形態のみで区別することはしばしば困難である。

岸本(2003 卒論)は葉緑体DNA解析により、日本産の*C. japonica*は遺伝的に北系統と南系統に分けられることを示した。また、形態的にもこの2つのグループに分けられる傾向を認め、北系統をムラサキシキブ、南系統をオオムラサキシキブとみなすことができるとした。しかし実際には、形態では南系統に類似する伊豆諸島の集団が遺伝的には北系統に属すること、*C. japonica*の分布域全体の解析ができていないことなどから、この種が本当にムラサキシキブとオオムラサキシキブに分けられるかどうかは疑問である。そこで今回は*C. japonica*の日本における分布域全体からサンプルを採集し、さらに分子マーカーの数も増やして、形態解析および分子解析による*C. japonica*の分類学的再検討を行った。

日本の73集団に韓国の2集団を加えた214個体を形態解析または分子解析、あるいはその両方に用いた。葉緑体DNAの5領域(trnV-M、trnG-fM、trnC-psbS、rps16イントロン、trnH-psbA)と核DNAのITS1+2領域の塩基配列の解析により東日本のグループと西日本のグループが認められた。これはそれぞれ岸本(2003)の北系統、南系統と一致した。しかしながら形態は各地で連続しており、分子解析で区別できた2つのグループに対応するような形態の差異は見られなかった。また、葉緑体DNAには7ジェノタイプ、ITSには6ジェノタイプが認識できたが、形態変異と対応するジェノタイプは見られなかった。このことから、*C. japonica*を形態または遺伝的特徴で明確に区別できるような種内分類群に分けることはできなかった。

一方、葉緑体DNA、ITS両方のジェノタイプの分布から、東日本よりも西日本に多様性が高いことが分かった。これは最終氷期のレフュジアの数や規模を反映していると考えられた。すなわち、東日本ではレフュジアの数が少なく、規模も小さかったために多様性が縮小され現在も小さいままであるのに対し、西日本ではレフュジアの数が多く、規模も大きかったために多様性がある程度保存され、現在の多様性も大きいと解釈できる。

## P-39 鈴鹿山地藤原岳周辺に産するカンアオイ属の一新種

菅原 敬\* (首都大・牧野標本館)、谷脇香織 (都立大・理・生物)

Takashi Sugawara, Kaori Taniwaki

鈴鹿山地には、カンアオイ属植物としてスズカカンアオイ、スエヒロアオイ、ヒメカンアオイ、ミヤコアオイなどの生育がこれまで報告されていた (村田, 2004) が、北部の藤原岳周辺にはこれらと開花期の異なるカンアオイが確認された。このカンアオイは 5 月中旬から下旬に開花し、藤原岳、そしてやや南部の福王山山麓や滋賀県永源寺町日本コバ山麓にも生育する。従来この地域のカンアオイは近畿地方から北陸地方、そして中部地方の南西部などに広く分布するヒメカンアオイ、あるいは同じ鈴鹿山地南部の野登山に分布するスエヒロアオイなどに同定されていた (村田, 2004 参照)。しかし、開花期の違いは生殖的隔離を生み出す背景でもあり、新分類群の可能性が高いと考え、集団サンプリングによる標本資料に基づく形態的特徴の把握と近縁分類群との比較、生育状況の調査などを進めてきた。

その結果、この藤原岳周辺のカンアオイは、確かに上記のヒメカンアオイ (*Asarum fauriei* var. *takaoui*) やスエヒロアオイ (*Asarum dilatatum*) に花筒の形や花筒内部附属器官の形状、萼筒内壁襞の複雑さの程度等が似るが、より大きな萼筒をもち、その雄しべの葯はより長い傾向にある。また、雌蕊の花柱附属突起はヒメカンアオイやスエヒロアオイのように萼筒入口にまで達することはなく、より下方に位置する。さらにこのカンアオイの開花期 (5 月中旬から下旬) は、ふつう 2-3 月に開花するヒメカンアオイや 10 月に開花するスエヒロアオイとは明らかに異なる。地理的分布を調べてみると藤原岳周辺とその近隣にはヒメカンアオイやスエヒロアオイの分布は確認できず、5 月に開花する問題のカンアオイだけが出現し、独自の地理的分布域を占めているように思われる。従って、このカンアオイを独立種とみなし、*Asarum majale* T. Sugaw. (和名: コトウカンアオイ) として記載した。なお、和名の“コトウ”はその分布域が鈴鹿山地北部藤原岳周辺の琵琶湖東部の山地に分布することに因んだものである。

P-40 トキワイカリソウとバイカイカリソウの交雑帯における  
花色と葉形変異の定量的解析

堀江佐知子\*(東北大・院・理学)・鈴木和雄(徳島大・総合科学)・牧雅之(東北大・院・生命)

Sachiko Horie, Kazuo Suzuki, Masayuki Maki

メギ科イカリソウ属トキワイカリソウ[*Epimedium sempervirens* var. *rugosum* (Nakai) K.Suzuki:花が紅く距があり, 葉には鋸歯があるなどの特徴を持つ]とバイカイカリソウ[*E. diphyllum* (C. Morr. et Decne.) Lodd.: 花が白く距がない, 葉には鋸歯がないなどの特徴を持つ]は両者の分布域が接触する本州中国地方中部において, それらの中間的な形態を示す個体からなる集団が存在することが知られている. これまで演者らは, 複数の分子マーカーで解析を行い, このような集団は両分類群の二次的接触とその後の交雑によって形成されたものであることを示した.

トキワイカリソウとバイカイカリソウは異なる外部形態形質が多く, 外部形態から得られる情報は多い. しかし, 定量的に評価するのが難しい形質も多い. 色や形は, サイズとともに重要な形質の一つである. 近年, これらの形質の定量的計測が集団解析に利用されるようになってきている. そこで本研究は, これまで評価が難しかった色や形を定量的に計測し, トキワイカリソウとバイカイカリソウの交雑帯における外部形態変異の再評価を行うことを目的とし解析を行った.

各材料は地理的位置から考えて, それぞれ交雑に無関与と思われるトキワイカリソウとバイカイカリソウの集団, および交雑帯内部に位置する集団から, 各集団あたり複数の個体をサンプリングし, 解析に用いた.

まず, 花色の解析では分光光度計を用いて, 反射率を測定した. また, 葉形の解析は解析ソフト SHAPE を用いて, 楕円フーリエ記述子(elliptic Fourier descriptors)に基づく形状評価を行った. 楕円フーリエ記述子は輪郭形状の定量的評価法のひとつで, 輪郭の座標情報を周期関数として表し, そのフーリエ級数の係数によって形を記述することができる.

花色解析の結果, トキワイカリソウの紅色とバイカイカリソウの白色は異なる反射率を示し, 交雑集団で見られる花色はそれらと比較して同じか中間の値を示した. 葉形解析では, トキワイカリソウとバイカイカリソウのそれぞれで得られる主成分得点が異なり, 交雑集団個体はそれらと比較して同じか中間の値を示した. これらの結果から, 花色, 葉形を定量的に評価し, 各個体のクラス分けを行った. その他の形質も含め, トキワイカリソウとバイカイカリソウの交雑帯における外部形態の変異について報告する.

## P-41 フナバラソウとイヨカズラの交雑集団における形態学的研究

### 2.福井の集団における解析

多田 史人\* (東北大・院・生命)・山城 考 (徳島大・総合科学)・佐藤 友香 (福井市自然史博)・牧 雅之 (東北大・院・生命)

Fumito Tada, Tadashi Yamashiro, Yuka Sato, Masayuki Maki

異種間交雑は新しい性質の個体が生じるという点で、進化生物学的に意味がある現象である。種間交雑は、点突然変異と違って一度に多くの遺伝子座に変異が生じるのと同じと見なすことができ、劇的な進化につながる可能性がある。自然界では、1度異なる種に分かれた種同士の生殖隔離が弱まることにより、異種間交雑が起こるが、異種間交雑が起こったとしても、必ずしも新しい種が生じるとは限らない。しかし、交雑個体に生育能力、生殖能力がある場合は、両親種や交雑個体との間でさらに交雑が起こり、両親種の形質をあわせ持った多様な個体が生じる。交雑が続けば、両種の形態・遺伝的な性質をもった均一な集団になるかもしれない。あるいは、自然選択によって片方の親種の形質を多く持った個体からなる集団になるかもしれない。さらに、いわゆる組み換え種分化を引き起こす場合もあり得る。

フナバラソウ(*Vincetoxicum atratum* (Bunge) Morr. et Dence.)とイヨカズラ(*V. japonicum* Morr. et Dence.)はキョウチクトウ科ガガイモ亜科カモメヅル属の多年草である。宮城県および福井県には、これら2種間で交雑が起きていると思われる集団が複数知られている。演者らは、各集団でどのように交雑が起きているのか、さまざまな交雑集団ができる要因は何であるのか、これから交雑集団はどのように変化していくのかについて明らかにすることを目的に研究を進めている。本発表では、6つの交雑集団(宮城県4集団、福井県2集団)とイヨカズラ11集団、フナバラソウ6集団において、19形質を測定し、主成分分析を行った結果について報告する。

主成分分析の結果、フナバラソウとイヨカズラははっきりと異なるグループを形成した。交雑集団は、宮城県牡鹿半島周辺の集団はイヨカズラと重なる傾向があり、宮城県唐桑半島の集団はフナバラソウと重なる傾向があった。一方、福井の集団は両親種の間プロットされた。これらの結果は、交雑集団によって個体構成が大きく異なることを意味する。花部形態のほとんどの形質の測定値はフナバラソウ~交雑個体~イヨカズラと連続的に変化したが、毛の形質は不連続であり、遺伝的に優劣関係にあると推定された。一方、葉の形質は連続的に変化した。また、宮城の交雑集団において花柄が長くなるという超越形質が見られたが、福井の集団では超越形質は見られなかった。これらの結果をもとに、フナバラソウとイヨカズラの交雑集団の形成について考察する。

鶴谷 保\* (上越教育大・院・自然)・五百川裕 (上越教育大・自然)・大悟法滋 (上越教育大・総合学習)

Tamotsu Tsurutani, Yu Iokawa, Sigeru Daigobo

ユズリハ *Daphniphyllum macropodum* Miq. は、ユズリハ科に属する雌雄異株の風媒常緑広葉樹で、日本に広く分布する他、韓国南部から中国南部にまで分布する。樹形や葉、雄ずい等の形態に変異があるため、これまで多くの類似種や下位分類群が記載されており、ユズリハ属のモノグラフをまとめた Huang (1965) は、下位分類群として基準品種の他3品種を認めたが、Noshiro (1999) 等は、Huang が異名とした変種エゾユズリハ var. *humile* (Maxim. ex Franch. et Sav.) K. Rosenthal のみを下位分類群として扱っており、ユズリハ *D. macropodum* の形態変異の分類学的取り扱いに関する研究は未だ不足しているものと考えられた。

そこで、日本の主要な標本館の押し葉標本を対象として詳細な比較観察を行うと共に、標本では不明な形態形質を生育地で生体を対象に調査することで、ユズリハ *D. macropodum* の形態変異の実態を把握して分類学的検討を行い、識別可能な下位分類群を明らかにすることとした。そして、識別された各分類群の分布を明らかにすると共に、DNAの塩基配列比較を行って、分類群の遺伝的な背景を調査することとした。

その結果、押し葉標本調査では新たな識別形質となる形態変異は見出せなかったが、生育地における生体調査によって、葉身の白斑の有無、葉柄の色、および樹形は、下位分類群を識別できる形質であることが明らかとなり、前2者は固有の分布域を持たない分類群となることから品種ランクで、葉身に白斑を持つファイリユズリハ f. *variegatum* (Bean) Rehder、葉柄が緑色であるアオジクユズリハ f. *viridipes* (Nakai) Ohwi として分類する見解を採用した。アオジクユズリハについては、既に日本植物分類学会第5回大会で報告したが、葉柄だけでなく成熟果皮も緑色で、雄ずいの葯が淡黄色であることを発見し、葉柄の紅色濃度の季節変化に影響されない識別形質を追加できた。樹形においては、明瞭な主幹を持つかどうかを重視し、複数の幹を持つ場合に他の幹より3倍以上太い直立する幹を、明瞭な主幹と定義し、明瞭な主幹を持たず樹高がふつつ3m以下である低木分類群と、明瞭な主幹を持ち成木の樹高はふつつ5mを超す亜高木または高木分類群とに識別できることを確認した。低木分類群は北海道から中国地方の日本海側、亜高木または高木分類群は、東北中部から近畿の太平洋側、中国地方、四国、九州に分布する他、北陸地方の海岸沿いにも稀に分布する。両分類群は一部地域で分布が重なるが、それぞれ固有の分布域を有しており、変種ランクで分類することとして、原発表論文の樹形記載に従って低木分類群をエゾユズリハ var. *humile* (Maxim. ex Franch. et Sav.) K. Rosenthal、亜高木または高木分類群を基本種ユズリハとする見解を採用することとした。同属別種のヒメユズリハ *D. teijsmannii* Zoll. ex Kurz を外群としたDNAの塩基配列比較では、核DNAのITS領域において、ユズリハ、アオジクユズリハ、およびエゾユズリハには違いが全く無く、それらとヒメユズリハの間には20ヶ所の塩基置換または挿入/欠失による違いが検出され、葉緑体DNAの *trnL* イントロン領域では、エゾユズリハだけに共通する変異が2ヶ所のみ検出された。これは、エゾユズリハが派生的な分類群であることを示唆するものであり、日本に分布を広げたユズリハ *D. macropodum* から、低木化したエゾユズリハが分化したことを推察させる結果である。

藤井紀行\* (首都大・牧野標本館)・植田邦彦 (金沢大・院・自然科学)・綿野泰行 (千葉大・理)

Noriyuki Fujii, Kunihiko Ueda, Yasuyuki Watano

ヨツバシオガマ (*Pedicularis chamissonis* Steven) は、ゴマノハグサ科シオガマギク属の多年生草本で、日本列島の本州中部から北海道、千島列島、カムチャッカ半島、アリューシャン列島の北太平洋沿岸に広く分布している。日本では高山帯の草地に生育するいわゆる高山植物である。

講演者らは、葉緑体 DNA を用いた系統地理学的解析から、本種の中に大きな2つの系統が存在し (北方系統と本州中部系統)、両者は東北中南部の月山や飯豊山を境に分布を異にしていることを報告した (Fujii *et al.* 1997)。さらに両者が同所的に分布する月山における解析では、両者の間に遺伝的交流がないことを支持する結果が得られ、さらに花冠や葉の形態、生育場所において違いが見られることを報告した (Fujii *et al.* 2001)。以上の結果から、演者らは両系統のヨツバシオガマを別種として扱うべきと考えている。そこで本研究では、両系統のヨツバシオガマの学名を検討することを目的に、これまでのヨツバシオガマに関わる学名の変遷を把握するために文献調査やタイプ標本の調査を行った。また両系統の分布を明らかにするために、以下の標本庫において標本調査を行った (MAK, SAP, SHIN, TI)。

最初、ヨツバシオガマ (*Pedicularis chamissonis* Steven) は、1823年に Steven によってアリューシャン列島のウナラスカ島の標本をもとに記載されている。一方、日本では 1865年 Miquel によって、石川県白山の標本をもとに、*P. japonica* Miq. が発表されている。その後、1877年に Maximowicz により、日本産のものが *P. chamissonis* var. *japonica* として組みかえられた。1903年に Bonati により八甲田山の標本をもとに *P. fauriae* Bonati が記載されているが、その学名は *P. chamissonis* var. *japonica* のシノニムとして扱われることが多い。

Maximowicz による組みかえ以降、種内分類群の設定の仕方は研究者により違いがあるが、一つの種を認めるという見解にコンセンサスは得られていた。

以上のような分類学的な取り扱いの経緯を踏まえ、ヨツバシオガマの北方系統と本州中部系統の学名を考えた場合、北方系統のものを *P. chamissonis*、本州中部系統のものを *P. japonica* として扱うのが適当と考える。タイプ標本の形態と照らし合わせても問題はなかった。標本による分布調査から、北方系統は飯豊山よりも南の谷川岳や至仏山、八ヶ岳にも分布していることが分かった。一方、本州中部系統の北限は、山形県月山であることが分かった。

## P-44 水生植物コウホネ(スイレン科)の系統地理および形態的変異

志賀 隆\*(大阪市立自然史博物館)・井鷲裕司(京都大学農学研究科)・角野康郎(神戸大学理学部)

Takashi Shiga, Yuji Isagi & Yasuro Kadono

水生植物は水域に適応した特殊な植物群である。それぞれの分類群、種内の地域集団が水域ごとに隔離されて分布しており、その分布パターンの成立には地形および地史的要因の大きな影響を受けていると考えられているが、これまで生物地理学的な考察は分類群の分布パターンの類型化にとどまってきた。

コウホネ属 *Nuphar* Sm. (Nymphaeaceae) は北半球の主に淡水域に生育する多年生水生植物である。その分布拡大方法は種子と根茎による水散布にほとんど限られており、水系の歴史性に強く依存した遺伝構造、集団分化が生じている可能性が考えられる。発表者らは分子マーカーを用いて、これまでほとんど明らかにされてこなかった水生植物の種分化と集団分化の地理的パターンを明らかにすることを目的に、コウホネ属の系統地理学的な研究を進めている。本発表では特に日本全国に分布するコウホネ *N. japonica* DC. について解析した結果を報告する。

サンプルは日本全国よりコウホネを採集し、AFLP 分析 (29 集団)、酵素多型分析 (23 集団 452 個体)、葉緑体 *trnL* イントロン領域 (30 集団) および形態形質 (30 集団 306 個体) の調査を行った。AFLP 分析と酵素多型分析については近縁種で分布域が異なるネムロコウホネ *N. pumila* (Timm) DC. (東北地方以北に分布) とオグラコウホネ *N. oguraensis* Miki (西日本に分布) についても行い、コウホネとの比較を試みた。まず、AFLP 分析により得られた多型をもとに作成した系統樹からコウホネでは東日本系統と西日本系統の 2 つの地理的な系統が識別され、*trnL* イントロン領域のハプロタイプの分布もこれに対応した。これらの 2 系統群は形態的にも異なることから異所的種分化が進んでいることが示唆された。また、コウホネの東日本系統は西日本系統と比較して集団内の遺伝的多様性や集団間の遺伝的分化の程度が低かった。ネムロコウホネとオグラコウホネの 2 種間においても北方種であるネムロコウホネの方が集団内の遺伝的多様性や集団間の遺伝的分化が低く、コウホネの種内系統と同様の結果が得られた。これらのことから分類群に関わらず、コウホネ属では東～北日本集団は著しいボトルネックを経験するとともに急速に分布を拡大した可能性が明らかになった。

藤川和美\* (牧野植物園) ・ 小山博滋 (国立科学博物館名誉研究員)

Kazumi Fujikawa, Hiroshige Koyama

日本の国土の約 1.8 倍の面積を有するミャンマーは、最新の種子植物チェックリスト (Kress *et al.* 2003) によると 11,800 種以上が報告されている。しかし、このリストは Lace *et al.* (1912) の改訂版であるため情報が限られている。アジア地域で最も標本が少ないミャンマーにおいて生育する種の実体を把握するためには、数多くの標本の収集と蓄積、それにもとづく観察が必要である。平成 12 年より始められたミャンマー林務省との共同研究である「ミャンマーフロラ計画・有用植物インベントリー調査」によって、これまでにミャンマー国内 5 箇所国立公園や保護地区で調査が行われた。これらの調査によって採集されたキク科植物の標本は 549 点となった。ここではショウジョウハグマ属 (*Vernonia*) とオタカラコウ属 (*Ligularia*) に関する知見を報告する。

ショウジョウハグマ属は全世界の熱帯に広く分布し、約 1000 種が報告され、草本、低木から高木または蔓性で、頭花は総て両性の筒状花からなる。Kress *et al.* によるとミャンマーには 35 種 (*Acilepis*, *Cyanthillium*, *Gymnanthemum*, *Myanmaria* 属を含む広義 *Vernonia* 属) が報告されているが、得られた標本の検討結果、10 種 1 変種が明らかとなった。それらは東アジアから東南アジア、ヒマラヤ広域に分布する *Vernonia cinerea* ムラサキムカシヨモギと *V. cinerea* var. *parviflora* コバナムラサキムカシヨモギ、*V. patula* ウラジロカッコウ、中国から東南アジア、東ヒマラヤに分布する *V. divergens*, *V. volkameriifolia*, *V. roxburghii*, *V. squarrosa* や *V. anthelmintica*, *V. blanda*, *V. bockiana*, *V. juncea* である。このうち Kress *et al.* のチェックリスト、Kurz (1872) や近隣国の植物誌等の文献情報を併せると、*V. bockiana* と *V. juncea* がミャンマー新産となる。

*V. juncea* は、中部ポバ山周辺の乾燥した疎林で、叢生し、開花期に葉が展開していない株を採集した。これまで本種に関しては、その実体が把握されていないようで、Kress *et al.* をはじめ近隣国の各植物誌にもほとんど情報がない。株は 1.0–1.5m で、茎には稜がある。頭花は無柄、葉の展開する前の 2–3 月に開花する。葉は円形–倒卵形、両面には毛が密生する。瘦果は円柱状で、毛が密生する。冠毛は一列で淡褐色である。

オタカラコウ属は中国を中心とする東アジアの温帯から暖帯に分布し、約 100 種が報告される多年生草本である。西部チン州のピクトリア山 (3053m) の 2700m を超える地点で中国南部からヒマラヤにかけて分布する *Ligularia racemosa* が生育している。その山麓に当たる標高 750-1750m の山地の常緑広葉樹混交林の林縁で、*L. japonica* ハンカイソウを採集した。Kress *et al.* の報告によるとオタカラコウ属として 6 種が記録されており、チン州には *L. dentata* マルバダケブキが分布するとあるが、これまでの調査では得られていない。ハンカイソウはミャンマーのいずれの植物誌にも記録がないので、新産となる。



人はどうして、  
花をきれいだと思うんだろう。



特別展 FLOWER

～太古の花から青いバラまで～



2007年

3月24日[土]→6月17日[日] 国立科学博物館 (東京・上野公園)

開館時間=午前9時～午後5時(毎週金曜日は午後8時まで、入館は各閉館時間の30分前まで) 休館日=毎週月曜日および3/27(火)(ただし3/26、4/2、4/30は開館)

主催=国立科学博物館、朝日新聞社、テレビ朝日 特別協賛= アサヒ電機 新生銀行

後援=文部科学省、 スウェーデン大使館、 スウェーデン リンネ2007実行委員会、学術協力=農研機構花き研究所 協力=カネボウ化粧品、サントリー、JR東日本、文化堂印刷、ホシザキ東京、渡辺パイプ、(財)日本花普及センター、(財)日本いけばな芸術協会、(社)いけばなインターナショナル、池坊、一葉式いけばな、小翠流、古流松連会、清風草堂、草月流、大和花道、園生派、風俗博物館、フラワーサロン・ミキ アートスクール、マミフラワーデザインスクール お問い合わせ=ハローダイヤル 03-5777-8000 公式ホームページ=<http://www.asahi.com/hanaten/> 書い♡ワの写真 ©サントリー株式会社



# 花

## 特別展 FLOWER

～太古の花から青いバラまで～

植物と動物の進化の過程や、文化史、芸術史の中で重要な役割を担ってきた「花」。本展では、花の科学的特質から花の研究や文化まで、貴重な資料や生花の展示により紹介。花の魅力を満喫できる展覧会です。

### プロローグ

#### 花のある風景

大型映像による迫力ある花の風景をお楽しみいただけます。四季それぞれの花が群生している様子などが画面一杯に映し出されます。

写真はイメージです



### 第1章

## 花の誕生とその進化

#### zone1

#### 花とはなにか

おしべ、めしべ、花弁、かくの位置や数など、さまざまな花の基本的な構造を科学的に解説。

#### zone3

#### 花の多様性

白、黄、赤、紫、黒の5つの主要な花色を生花で展示。虫媒花、鳥媒花の紹介の他、フジヤクチナシなど花の香り体験も。

#### zone5

#### 世界のふしぎな花

世界一大きい花「ラフレシア」、世界一背の高い花「バヤ・ライモンディー」、世界一大きい花序「スマトラオオコンニャク」など、世界のめずらしい花の数々を実物、標本、模型などで紹介。



キノウテンガイ



ラフレシアの標本 (国際花と緑の博覧会記念物展)

#### zone2

#### 花の誕生と進化

裸子植物から被子植物へ、花の進化の過程を化石、標本などで解説。

#### zone4

#### 華麗なる花の世界

微速度撮影によるヒマラヤの青いケシ、シユウメイギク、キキョウなど10種類以上の花の間花シーンを映像で紹介。

#### zone6

#### 世界の花々

ヒマラヤの青いケシ、サボテン、ヒスイカズラ、カンガルーポーなど高山、乾燥地、オーストラリアなどに生育するそれぞれの気候に適応した花の実物を展示。



ヒスイカズラ

カンガルーポー



ヒマラヤの青いケシ

### 第2章

## 花と人とのかかわり

#### zone7

#### 花の研究史

花の色発現の解明に人生をささげた柴田桂太、林孝三、花の育種に人生をささげた佐良康彦、鈴木省三の業績を紹介、現在の最先端の研究成果も紹介。



「青いバラ」のサントリー株式会社



青いカーネーション「ムーンダスト」



トルコギキョウ

#### zone8

#### 花をつくる

ヨーロッパのシーンを再現し、マーガレット、アジサイ、サクラソウなどの生花を数週間交代で展示(下記スケジュール参照)。様々な種類のバラと最先端のバイオテクノロジーを駆使して作られた「青いバラ」「青いカーネーション」は会期を通じてご覧いただけます。

花の展示	3月24日(土)～4月15日(日)	マーガレット・アジサイ
スケジュール	4月17日(火)～5月6日(日)	チューリップ・サクラソウ
※変更の可能性あり	5月8日(火)～5月27日(日)	カーネーション・キク
	5月29日(火)～6月17日(日)	トルコギキョウ・ペチュニア
	6月19日(火)～6月17日(日)	ハナショウブ

#### zone9

#### 花おりおり

縄文時代の花との最初の出会から、源氏物語の世界、江戸の粋まで、日本人と花のかかわりあいを紹介。八波源によるいけばなや、江口美貴、川崎景太およびママフラワーデザインスクールによるアレンジメントの展示も随時、楽しめます。

写真はイメージです



池坊

小原流

龍生流

草月流

南無山草花文様小袖 (東京博物館蔵)

朝日新聞の好評連載コラム、「花おりおり」DVD、VHSビデオで発売中。

お求めは「朝日イベント・プラス」フリーダイヤル0120-013-193。またはインターネット<http://shop.asahi.com/event/>。

### 第2会場

#### zone10

#### カール・フォン・リンネ

2007年で生誕300年を迎えるカール・フォン・リンネ(1707～1778年)の業績を貴重な資料で紹介。著書「自然の体系」の再版本、自筆の手紙などの資料(展示替えあり)に加え、リンネが命名した花の写真も展示。あわせてスウェーデン人写真家ヘレン・シュミッツによるリンネにちなんだ写真展「リンネと自然の体系への夢」を開催いたします。

若き日のリンネ(千葉国立中央博物館蔵)



#### いけばな/展示スケジュール

池坊	3月24日(土)～4月6日(日)
大和花道	4月10日(火)～4月15日(日)
一葉式いけばな	4月17日(火)～4月22日(日)
小原流	4月24日(火)～5月6日(日)
古流松露会	5月8日(火)～5月13日(日)
龍生流	5月15日(火)～5月27日(日)
清風菴華	5月29日(火)～6月3日(日)
草月流	6月5日(火)～6月17日(日)

※変更する可能性があります。

#### フラワーアレンジメント/展示スケジュール

ママフラワー・デザインスクール	主催 川崎景太	3月24日(土)～6月17日(日)
フラワーサロン・3K アートスクール	主催 江口美貴	3月24日(土)～4月6日(日)
ママフラワー・デザインスクールによる作品展示		3月24日(土)～6月17日(日)

※変更する可能性があります。

#### 関連イベント

【講演会】4月7日(土)・14日(土)・21日(土) 場所:国立科学博物館・講堂  
 詳細については、決定次第随時下記公式ホームページで発表いたします。  
<http://www.asahi.com/hanaban>  
 【スウェーデン人アーティスト10人による作品展】  
 スウェーデン・ミーツ・リンネ・イン・ジャパン  
 3月24日(土)～4月22日(日) 場所:国立科学博物館サンボンガーデンにて屋外展示

#### チケット

入館料	一般・大学生	小・中・高校生
当日券	1,300円	600円
前売券	1,100円	400円
団体券	1,100円	400円

●団体料金は20名様以上。●常設展もご覧いただけます。  
 ●入場券販売所:主なJR東日本各線の窓口・ビュープラザ、電子チケットぴあ(Pコード:前売687 208/当日687 209)、ローソンチケット(Lコード:前売38787)ほか各プレイガイドにて(前売券販売期間:3月1日～23日) ●全曜限定ペアチケット券/2,000円※2名同時入場。会場でのみ販売。男女問わず。午後3時から午後8時。入館は午後7時30分まで。



JR「上野駅」公園口から徒歩5分  
 東京メトロ銀座線・日比谷線「上野駅」から徒歩10分  
 京成電鉄「京成上野駅」から徒歩10分  
 ※駐車場はありませんので、車の交通はご注意ください。

北海道高山植生研究の第一人者による集大成!



# 北海道 [新刊] 高山植生誌

佐藤 謙 著 B5判・708頁・21000円

北海道の高山植生を初めて網羅的にまとめたモノグラフ。  
その成立を、植物相と群落の両者を  
植物地理学的に分析する手法により、  
地史的背景と生態的特性の両面から考察。  
著者撮影の400枚を超えるカラー写真を  
130頁にわたって収録しています。



## ダーウィンの「忌まわしき謎」を解明する 被子植物の起源と初期進化

高橋 正道 著 A5判・526頁・8925円

白亜紀地層からの被子植物の立体化石の発見は、  
ダーウィンでさえ、  
「忌まわしき謎」として敬遠した  
「被子植物の起源と初期進化」の大問題を解明しつつある。



## 普及版 北海道主要樹木図譜

宮部金吾・工藤祐舜 著 / 須崎忠助 画  
B5判・188頁・5040円

## 新北海道の花

梅沢 俊 著 四六判変型・464頁・2940円

## 新版 北海道の樹

辻井達一・梅沢 俊・佐藤孝夫 著  
四六判・320頁・2520円

## 北海道の湿原と植物

辻井達一・橘 ヒサ子 編著  
四六判・266頁・2940円

## 写真集 北海道の湿原

辻井達一・岡田 操 著  
B4判変型・252頁・18900円

## マリモの科学

阪井 與志雄 著 四六判・222頁・1890円

## 植物の耐寒戦略

寒極の森林から熱帯雨林まで  
酒井 昭 著 四六判・260頁・2310円

## 日本海草図譜

大場達之・宮田昌彦 著 A3判・128頁・25200円

## 札幌の植物 目録と分布表

原 松次 編著 B5判・170頁・3990円

## 有用植物和・英・学名便覧

由田 宏一 編 A5判・376頁・3990円

●価格は税込 ●目録進呈

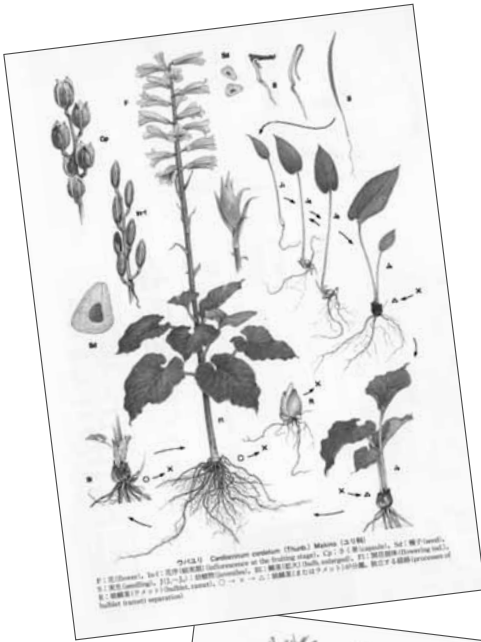
北海道大学出版会 | Hokkaido University Press

〒060-0809 札幌市北区北9条西8丁目 北大構内 Tel.01(747)2308 / Fax.01(736)8605 http://www.hup.gr.jp



植物生活史図鑑

生活史の全貌を知り、その生態と分布から、  
“種”の進化の道のりを考え、保護・保全の指針を提言！



植物生活史図鑑

# 春の植物 1

河野 昭一 監修

A4判・122頁・3150円

植物生活史図鑑

# 春の植物 2

河野 昭一 監修

A4判・120頁・3150円

[ 自 然 史 シ リ ー ズ ]

**植物の自然史** 多様性の進化学

岡田 博・植田邦彦・角野康郎 編著 A5判・280頁・3150円

**森の自然史** 複雑系の生態学

菊沢 喜八郎・甲山 隆司 編 A5判・250頁・3150円

**雑草の自然史** たくましさの生態学

山口 裕文 編著 A5判・248頁・3150円

**栽培植物の自然史** 野生植物と人類の共進化

山口 裕文・島本 義也 編著 A5判・256頁・3150円

**花の自然史** 美しさの進化学

大原 雅 編著 A5判・278頁・3150円

**雑穀の自然史** その起源と文化を求めて

山口 裕文・河瀬 真琴 編著 A5判・262頁・3150円

**高山植物の自然史** お花畑の生態学

工藤 岳 編著 A5判・238頁・3150円

**野生イネの自然史** 実りの進化生態学

森島 啓子 編著 A5判・228頁・3150円

◎価格は税込 ◎目録進呈

北海道大学出版会 | Hokkaido University Press

〒060-0809 札幌市北区北9条西8丁目 北大構内 Tel.01(747)2308 / Fax.01(736)8605 http://www.hup.gr.jp

# バイオプロセスハンドブック

—バイオケミカルエンジニアリングの基礎から有用物質生産・環境調和技術まで—

■2007年3月発行  
 ■定価:54,390円(本体51,800円+税5%)  
 ■B5 800頁  
 ■ISBN 978-4-86043-106-8

これまでの化石資源に依存した生産プロセスは、プロセス自体や製品の環境負荷が大きいことや資源の枯渇等が問題となっている。これを克服するために、生産プロセスに生物機能を活用するバイオプロセスが試みられている。近年のゲノム解析の進展により、生産目的にあわせた生物を設計し、物質生産を効率的に行うことが可能となりつつある。

本書では、各生物種ごとのバイオケミカルエンジニアリングの基礎から、有用物質生産技術や環境修復技術などの実用化に向けた分野別事例を詳解する。

## 第1編 生物の働きとバイオケミカルエンジニアリングの基礎

- 第1章 バイオプロセスにおける有用物質生産のための生物
- 第2章 タンパク質工学の基礎
- 第3章 酵素工学の基礎
- 第4章 微生物工学の基礎
- 第5章 植物工学の基礎
- 第6章 動物工学の基礎
- 第7章 昆虫工学の基礎

## 第2編 バイオプロセス実行化のための基礎技術

- 第1章 生体触媒の反応速度論
- 第2章 各種バイオリクターの基本設計と操作法

## 第3編 バイオ活性物質とバイオプロセスの分析・計測・解析技術

- 第1章 タンパク質評価技術
- 第2章 バイオプロセスの観測と計測法

## 第4編 バイオプロセスによる物質生産工業の現状と展望

—国家プロジェクト「バイオプロセス実用化開発」を経て—

## 第5編 バイオプロセス応用の生産技術開発 分野別事例

- 第1章 医薬・食品・農業分野
- 第2章 材料生産技術分野
- 第3章 エネルギー分野
- 第4章 環境分野

## 第6編 有用微生物・遺伝資源の知的財産権の現状と課題

## 第7編 産業プロセスのバイオ化を目指して

## Advanced Biomimetics Series①

# プラントミメティクス

—植物に学ぶ—

監修:甲斐 昌一(九州大学大学院工学研究院教授)  
 森川 弘道(広島大学大学院理学研究科教授)

編集委員:鈴木 泰博(名古屋大学)  
 高林 純示(京都大学)  
 福崎 英一郎(大阪大学)  
 福田 裕穂(東京大学)  
 湯本 貴和(地球環境学研究所)

■発行:2006年8月  
 ■定価:53,760円(本体51,200円+税5%)  
 ■B5 720頁 上製・函入  
 ■ISBN 4-86043-131-6 C3040

本書は植物を一つの複雑システムと捉え、理工農を越えて学際的に様々な階層レベルに存在する様々な研究ニーズ・技術ニーズの基礎と応用、さらには初学者の知的好奇心までも満足させることを目標に編集された。

植物特有の形、自己組織化機能、自己増殖修復機能、学習などのダイナミクスや形成機構の解明、植物間の種々の相互作用から想定される植物の生存・成長・分化機能の解明など純学問的探求を通して、植物が呈す全ての性質を可能な限り人工的に模倣・応用し、最終目標として、遺伝子の発現を介した植物の機能や形態の発現プロセスそのものがどのように人工物として応用できるかに対するヒントや回答を示すことができればと期待している。

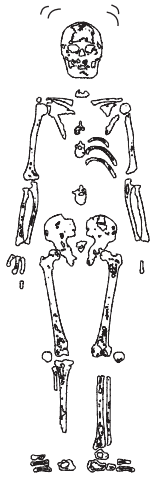
- 1 総論基礎編
  - ・形と構造
  - ・情報と輸送
- 2 植物の制御と代謝
  - ・制御とホルモン
  - ・エネルギーと代謝
- 3 機能応用編
  - ・細胞壁と細胞
  - ・組織と器官(木、竹、つる、草)
  - ・刺激と応答
  - ・自己認識と他者認識
  - ・分泌と応用
  - ・相互作用
  - ・生存戦略
  - ・プラントミメティクスと工学応用





# 特集『日本人の起源 - 日本列島住民の成立と変遷 -』

- 「特集にあたって」..... 木村 賛 (石川県立看護大学)
- 「遺伝子データから日本列島人の成立を考える」..... 斎藤 成也 (国立遺伝学研究所)
- 「日本列島の『旧石器時代人骨』- 古人骨の年代推定とその信頼性 -」..... 近藤 恵 (お茶の水女子大学)
- 「北海道に暮らした人びとの食生活 - 北海道の縄文文化と本州の弥生文化 -」..... 米田 穰 (東京大学)
- 「縄文人とアイヌ人は人種の孤島か」..... 百々 幸雄 (東北大学)
- 「骨から辿る日本人の身体の変化」..... 中橋 孝博 (九州大学)
- 「変化する日本人の身体 - 明治時代から現代まで」..... 河内 まき子 (産業技術総合研究所)
- 「ミトコンドリアDNAが解明する日本人の起源」..... 篠田 謙一 (国立科学博物館)
- 「日本列島の人口の変化 過去から未来へ」..... 金子 隆一 (国立社会保障・人口問題研究所)



## 小特集『休眠する生物 - 驚異の耐性能力』

「ネムリユスリカ ~ 驚異的な乾燥耐性と分子メカニズム ~」

..... 奥田 隆・黄川田隆洋 (農業生物資源研究所)

「クマムシ類のさまざまな生態と環境耐性」

..... 鈴木 忠 (慶應義塾大学)

「繊毛虫コルポータ ~ 休眠シストの形成と環境耐性 ~」

..... 松岡 達臣 (高知大学)



### 環境保全の現状

「小笠原の絶滅危惧植物の自生地復元を目指して」

..... 邑田 仁・平井 一則 (東京大学・附属植物園)

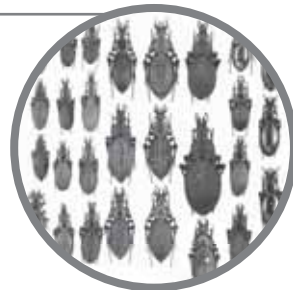
### 特別企画

「国際生物学オリンピック 参加手記・問題集」

..... 松香 光夫 (玉川大学)、都築 功 (都立玉川高校)

### いきもののふしぎ

「新しい博物学 - オサムシの分子系統の研究」 大澤 省三



世界のオサムシ

ベトナムの遺跡の古人骨

## 建築家・園芸家 のための

# 都市緑化読本

近藤三雄 東京農業大学 造園科学科教授

- 第1章 都市緑化にあたって知っておきたい基礎知識
- 第2章 多種多様な緑化用植物
- 第3章 緑化手法とそれを支える最新技術
- 第4章 さまざまな空間の緑化
- 第5章 緑化は維持管理が大事
- 第6章 都市緑化と環境問題
- 第7章 これからの都市緑化

近年、ヒートアイランド対策や都市再生事業の一環として、都市緑化事業がさかんに展開されている。造園家だけではなく、建築家・園芸家も数多くこの分野に参入する中で、関係者は都市緑化に関する基本的な知識や視点をしっかりと認識する必要がある。

本書では、植物にとって厳しい環境である都市を舞台に、どのような知恵と技術を駆使して緑化していくかを、写真を多数交えて解説する。



2007年2月発行  
定価：1,680円  
(本体1,600円+税5%)  
四六判 256頁  
ISBN 978-4-86043-140-2

生体、医薬品・骨・樹脂成形品・小型電子部品の  
 非破壊検査や解析に最適です。

インスペクシオ  
**[inspeXio]**  
**SMX-90CT**

NEW



マウス大腿骨のデータは、京都大学大学院工学  
 研究科 機械理工学専攻 安達 泰治助教教授のご提供

### EASY

誰でも直感的に操作できるインターフェースを採用。マニピュレータは透視画面上でマウスで操作できます。前面と上面が開く開口部は、上からも手が入るので、サンプルのセッティングも簡単です。

### SPEEDY

キャリブレーションがいりません。X線を照射しながら拡大倍率を決めるだけで撮影できます。

### COMPACT

小さくて使いやすい卓上型です。従来の装置(当社SMX-100CT-SV3)と比べると、設置スペースは約1/4です。

#### コンパクトなボディに便利な機能満載

##### ■高機能MPR

任意位置・角度の断面像がリアルタイムに表示されます。

##### ■計画ダブルオプリーク機能

傾いた状態でCT撮影したサンプルでも、傾き修正した新たな連続断面像を得ることができ、再度MPRで任意断面表示ができます。

##### ■後再構成機能

収集したデータの中からデータの再構成演算ができます。多数のデータ処理をまとめて夜間に行うこともでき、装置を効率的に使用することができます。

#### 仕様

■X線発生部	密封管20~90kV、0~250 $\mu$ A、最大10W
■検出器	デジタルフラットパネル検出器 52.5×52.5mm
■ステージマニピュレータ	
前後動(SOD)	:ストローク最大200mm
管球-検出器距離(SID):固定	
昇降動(Z)	:ストローク最大50mm
テーブルサイズ	: $\phi$ 100mm
■搭載可能サンプル	$\phi$ 160×H100mm、4kg
■CT撮影視野(FOV)	$\phi$ 5~50mm(垂直方向FOV 最大20mm)
■防護箱寸法、重量	(W)830×(D)601×(H)587mm、約250kg
■専用デスク寸法、重量	(W)1,500×(D)750×(H)740mm、約60kg
■電源	単相 AC 100V 1kVA、D種接地

株式会社 **島津製作所**

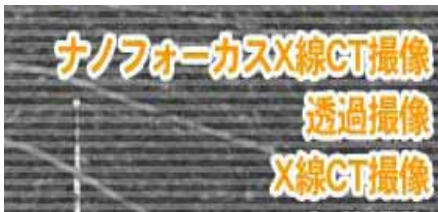
京都市中京区西ノ京桑原町1

<http://www.shimadzu.co.jp/ndi/>

分析計測事業部 お問合せはもよりの営業所へ

●東 京(03) 3219-5735	●つくば(029) 851-8515	●名古屋(052) 565-7531	●四 国(087) 823-6623
●関 西(06) 6373-6562	●北関東(048) 646-0082	●京 都(075) 811-8198	●広 島(082) 248-4312
●札 幌(011) 205-5500	●横 浜(045) 311-4106	●神 戸(078) 331-9665	●九 州(092) 283-3336
●東 北(022) 221-6231	●静 岡(054) 285-0124	●岡 山(086) 221-2511	



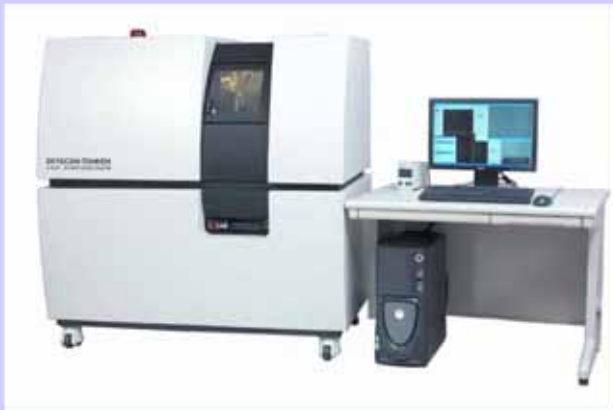


# TOHKEN

東研X線検査株式会社

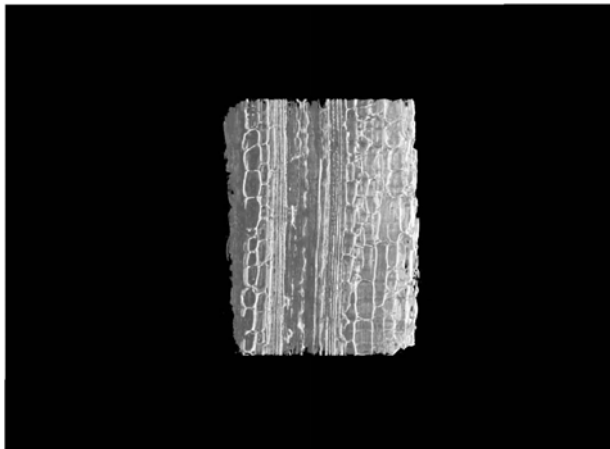
皆様の研究を支援する X 線検査受託サービス

<http://www.tohken.co.jp>

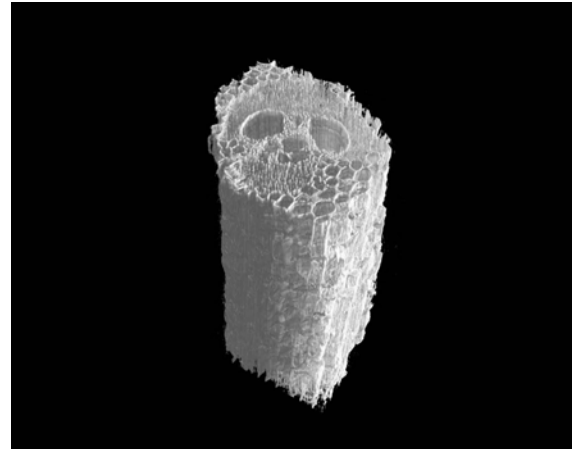


TOHKEN-Sky Scan 2011 (最高空間分解能 150nm/voxel)

- 空間分解能150ナノメートル
- 焦点サイズ0.4ミクロン
- X線検出器 増幅型CCD
- 防震設計の高精度ステージ
- コーンビーム再構成法



竹炭の3D画像(スライス)



テクノロジーの進歩は、限り無く微細な構成物を生み出し、それに伴いより精緻な検査・試験が求められています。

当社は、世界最高の分解能を持つ、微小焦点 X 線検査装置(CT・透過)を使用した撮像により、高解像度・高品質の画像データを提供致します。

東研X線検査株式会社 担当/瀬下(セシモ)

TEL 042-484-6851 FAX 042-484-6852

E-mail [xi@tohken.co.jp](mailto:xi@tohken.co.jp)

〒182-0025 東京都調布市多摩川2-27-7