

Evolution of agamosperous dandelions through hybridization between sexual native and agamosperous introduced species

満行, 知花

<https://hdl.handle.net/2324/1441058>

出版情報：九州大学, 2013, 博士（理学）, 課程博士
バージョン：
権利関係：やむを得ない事由により本文ファイル非公開（3）

氏 名： 満行 知花

論文題目：Evolution of agamospermous dandelions through hybridization between sexual native and agamospermous introduced species

(有性在来種と無融合性外来種との雑種化を通じた無融合性タンポポの進化)

区 分：甲

論 文 内 容 の 要 旨

日本では、在来種で有性生殖を行うニホンタンポポ *Taraxacum platycarpum* と外来種で無融合生殖を行うセイヨウタンポポ *T. officinale* との雑種が広く分布している。これらの雑種は3倍体、または4倍体で無融合生殖によって繁殖する。さらに、3倍体雑種は一部稔性のある花粉を生産し、ニホンタンポポとの人工交配によって戻し交配雑種が作出される。雑種は高い遺伝的変異を持つ事が知られていることから、野外でも繰り返しの交配によって新たな無融合生殖を行う雑種が生じているかもしれない。この仮説を検証するため、野外のニホンタンポポの柱頭から採取した種子を播種、育成し、雑種が含まれるかを調べた。その結果、ニホンタンポポのつけた種子430個のうち1個体がセイヨウタンポポ、雑種の特徴である外総苞片の反り返りが見られ、遺伝的に雑種と判定された。この雑種は、染色体数の観察から3倍体である事が明らかになり、一部無性的に種子をつけた。この新たな雑種が生じた集団は、外総苞片の反り返りの見られる個体のほとんどが雑種で、セイヨウタンポポは非常に少なかった(3.5%)ことから、雑種とニホンタンポポとの交配によって生じた戻し交配雑種の可能性が高い。

上記のように、野外で繰り返し無融合生殖を行う雑種が形成される場合、雑種は在来タンポポの持つ日本各地の環境に適応的な遺伝子を受け取る事で日本の環境に適応できるかもしれない。タンポポは病原体への感染がよく見られる事から、本研究では耐病性遺伝子 NBS-LRR R-gene に注目し、雑種が在来タンポポの R-gene を共有しているかを調べた。まず次世代シーケンサーを用いた EST ライブラリー作成によって、国内3地点のニホンタンポポのもつ R-gene を探索した。また、近縁種レタスで用いられているプライマーを用いた degenerated PCR、クローニングによってもニホンタンポポ、雑種、セイヨウタンポポ、そしてコントロールとしてレタスの持つ耐病性遺伝子を探索した。その結果、レタスとタンポポとは RGC ファミリーは共有しているが、各 RGC ファミリー内ではレタスとタンポポは大きく異なり、タンポポ属特有の多様な R-gene が見られた。この結果は菌叢比較で用いられる UniFrac による ID Clustering によっても支持された。これらの R-gene は、タンポポ属に特異的な病原体との共進化の結果生じたと考えられる。また、高いブートストラップ値を示したクラスターを見た場合、雑種はセイヨウタンポポの配列を共有している、または雑種特有のクラスターを形成している事が多かった。特に、愛知の雑種は各 RGC ファミリーで特異的なクレードを形成した。これらの結果は、雑種が在来種の配列を共有していない事を示している。これは、病原体が在来種の common genotype に適応している状態を考えると説明出来る。その場合、雑種は同所的な在来種の一般的な遺伝子型を共有しない方が有利だろう。雑種は、雑種化によって受け取った在来種の稀なアレルを保持する事で病原体の感染を逃れているかもしれない。