



日本の森林樹木の地理的遺伝構造 (43) イワテヤマナシ (バラ科ナシ属)

片山, 寛則

(Citation)

森林遺伝育種, 12(4):174-179

(Issue Date)

2023-10-25

(Resource Type)

journal article

(Version)

Version of Record

(Rights)

© 2023 森林遺伝育種学会
クリエイティブ・コモンズ [表示 - 非営利 - 継承 4.0 国際]ライセンス

(URL)

<https://hdl.handle.net/20.500.14094/0100492093>



日本の森林樹木の地理的遺伝構造 (43) イワテヤマナシ (バラ科ナシ属)

片山 寛則^{*,1}

はじめに

イワテヤマナシ (*Pyrus ussuriensis* var. *aromatica*) はバラ科ナシ連ナシ属に属している。中国東北部に自生するウスリーナシ (*P. ussuriensis* Maxim.) の1変種とされ、日本では東北地方に分布する。イワテヤマナシは大正時代には東北地方での自生が確認されており、群落の記録もある。イワテヤマナシの異名同種としてミチノクナシがイワテヤマナシの4年前に命名された (Koidzumi 1915 ; Nakai 1919)。現在はイワテヤマナシ、ミチノクナシ両方の和名が使用されているが、植物学的要素が強い場面ではミチノクナシ、農学的要素が強い場面ではイワテヤマナシの使用頻度が高い。なお、本説では、実際の分布域からイワテヤマナシと呼ぶことにする (Katayama and Uematsu 2006)。Nakai (1918) はイワテヤマナシの分類形態は果実が球形または卵球形、果径が2.0–3.2 cm と小さく、花柄は1.4–4.5 cm、萼が宿存し、芳香を持つものも存在する、と定義している。またイワテヤマナシ由来の在来品種 (衣通姫、金光寺) の存在も記録されている (菊池 1948)。

日本にはマメナシ [*P. calleryana* Decne. var. *dimorphophylla* (Makino) Koidz.]、ヤマナシ [*P. pyrifolia* (Burm. Fil.) Nakai]、アオナシ [*P. ussuriensis* Maxim. var. *hondoensis* (Nakai et Kikuchi) Rehd.]、イワテヤマナシ [*P. ussuriensis* Maxim. var. *aromatica* (Nakai et Kikuchi) Rehd.] という3種2変種のナシが自生する (大井 1965)。ヤマナシは現在の主要な栽培品種が含まれるニホンナシ [*P. pyrifolia* (Burm. Fil.) Nakai] と同種であり、九州、四国、山陰地方に分布しているが、ヤマナシの現存個体は独立樹のみで、群落が見つかっておらず、自生を疑問視する見方もある (梶浦 1984)。ヤマナシが改良されてニホンナシになったかは不明だが、過去には日本各地でニホンナシの在来品種が存在し、明治時代には1,100種類以上の記録がある (梶浦・佐藤 1990)。アオナシは長野県、

山梨県に自生し、過去に栽培の記録もあるようだが、現存数は数十個体とされている (池谷ら 2005)。

ナシ属 (*Pyrus*) は世界中の温帯地域に22種が知られている (Bell 1990 ; Challice and Westwood 1973)。ナシ属は自家不和合性を有する他殖性植物である。花粉は虫媒が主であり容易に雑種を形成する。また種間雑種も出来やすく、形態を基本とした分類は混乱してきた。また古くから食用として利用されてきたナシ属は人為的な攪乱が起きやすい (Browicz 1993 ; Challice and Westwood 1973 ; Rehder 1940)。

イワテヤマナシの分布については過去の文献等の情報は限定的だった (Iketani and Ohashi 2003 ; Nakai 1918)。そこで北東北3県 (岩手県、秋田県、青森県) の全市町村を網羅したイワテヤマナシの分布調査を共同研究者である大阪市立大学理学部附属植物園の植松千代美氏、岡山理科大学の池谷祐幸氏と遂行した (Katayama and Uematsu 2006)。これまで2,000本以上のナシ属植物 (*Pyrus* spp.) が見つかった。そのうちの約8割が岩手県を中心とする北上山系で見つかり、奥羽山系や白神山系では少なかった (図-1)。北上山系中部や山形県の飛島のように狭い範囲に100個体以上自生している場所もあった。

北上山系では山間部の牧草地や溪流沿いなどにも分布していたが、多くは街道沿いや民家の庭先、田畑の境界、墓や祠の周辺、社寺林として孤立して現存しており、人為的な影響を強く受けていた。

現在、東北地方ではイワテヤマナシはもちろん、その他のナシ属植物も利用されておらず、個体数は急速に減少している (片山 2019)。聞き取り調査から、昭和初期までは果実利用だけでなく、材としても使用されており、意識的に維持されてきた。ナシの材は緻密で堅く、薄い赤色のことから囲炉裏の炉縁、木材運搬用ソリの敷板等の使用例がある。岩手県遠野市では和櫛の材料として、また嫁入り道具として嫁ぎ先に苗木を

* E-mail: hkata@kobe-u.ac.jp

¹ かたやま ひろのり 神戸大学大学院農学研究科附属食資源教育研究センター

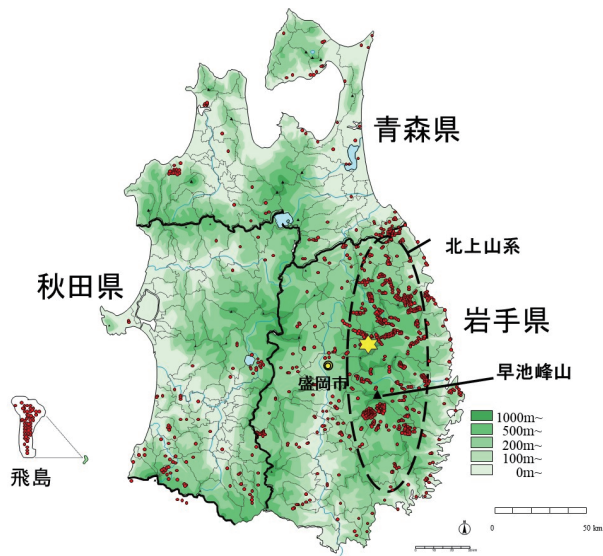


図-1 北東北におけるナシ属植物 (*Pyrus* spp.) の分布。ナシが見つかった場所を赤点で示す。星印は敷川、軽松沢、向井沢の位置を示す。色の濃淡は標高を示す。Katayama and Uematsu (2006) を改変。

持参し、成木化すると玄関の上がり框等の建築材料に使用されるなど、林木遺伝資源としての価値も有していた (片山・植松 2004 ; Katayama and Uematsu 2006)。

そこで北東北に分布する個体を中心に、消失の可能性が高い個体や聞き取り調査により呼称が確認された個体を遺伝資源として神戸大学農学研究科附属食資源教育研究センターにてジーンバンクとして系統保存している。 (Katayama and Uematsu 2006)。

著者はイワテヤマナシの起源や自生地の保全、遺伝資源利用、育種利用について興味を持ち研究を行ってきた (片山 2019)。本説ではイワテヤマナシの遺伝的多様性、地理的遺伝構造研究の成果から、保全や遺伝資源としての重要性について解説する。

葉緑体 DNA 多型と地理的遺伝構造

研究の初期段階に、収集した北東北由来のナシ属植物 85 個体の果実 6 形態を比較したところ、連続的な多様性が見られ、Nakai (1918) が定義したような形態的特徴からイワテヤマナシを分類することは困難であった (Katayama and Uematsu 2006)。そこで DNA 分析によりイワテヤマナシの遺伝的特徴を把握することを目指した。

ナシ属の葉緑体 DNA の進化速度は他の被子植物と

較べて約 2-6 倍遅いことが知られている (Katayama and Uematsu 2003)。このため葉緑体 DNA の超可変領域である *accD-psaI* および *rps16-trnQ* 遺伝子間領域の合計 2,279bp の塩基配列を決定することで葉緑体 DNA 多型ハプロタイプを決定し、世界のナシ属植物 19 種を大きく 3 グループ (ABC 型) に分けた (Katayama et al. 2012)。A 型グループはマメナシ、ウスリーナシ、イワテヤマナシなど、野生種に多く見られ、B 型グループはニホンナシ、チュウゴクナシ栽培種、C 型グループはセイヨウナシに多く見られた。この方法でイワテヤマナシの地理的遺伝構造の把握を試みた (Katayama et al. 2007, 2012 ; 未発表データ)。ナシ属植物が見つかった東北地方の日本海岸、新潟以西から九州までの日本海岸、東海・近畿・四国・九州のソハヤキ地帯、高知県、アオナシが自生する八ヶ岳や富士山麓、またニホンナシ栽培品種群から 79 個体を便宜上 6 集団に分けた。さらに北上山系から 14 集団 166 個体、の合計 20 集団 245 個体を用いた結果、北上山系からの約 6 割のナシ属植物でニホンナシに多い B 型グループ (A1R1、A1R2、A2R1、A3R1 の 4 タイプ) が見つかった。また約 4 割がマメナシ、アオナシ、ウスリーナシ、イワテヤマナシでみられる A 型グループ (A4R1、A4R2、A5R3、A6R1、A6R2、A7R1、A7R7 の 7 タイプ) を有していた。多くのニホンナシ栽培品種が持つ B 型は北上山系のほとんどの集団で見られた。また A 型ハプロタイプも全ての集団で見つかった。この結果から北上山系のナシ属植物はニホンナシとイワテヤマナシ由来の個体が混在している、または両者が雑種化していることが示唆された (図-2)。そこで中国大陸北東部由来のウスリーナシ 186 個体のハプロタイプを決定したところ、96% の個体が A 型を有しており、A 型は *P. ussuriensis* 固有のハプロタイプと推定され、日本のイワテヤマナシやアオナシとの関係性が示唆された (Wuyun et al. 2013 ; 未発表データ)。

核 SSR の遺伝的多様性と地理的遺伝構造

核 SSR マーカーによる日本のナシ属植物 10 集団の遺伝的多様性は平均ヘテロ接合度 (H_E) が 0.720 であった (Ikutani et al. 2010)。これは他の樹種とほぼ同等か、少し高い遺伝的多様性を示している。アオナシは 0.704 と遺伝的多様性はやや低かった。北上山系を除く東北 (青森、秋田、山形) では 0.767、イワテヤマナシが含まれる北上山系全域では 0.713 と集団間で概して大きな差は

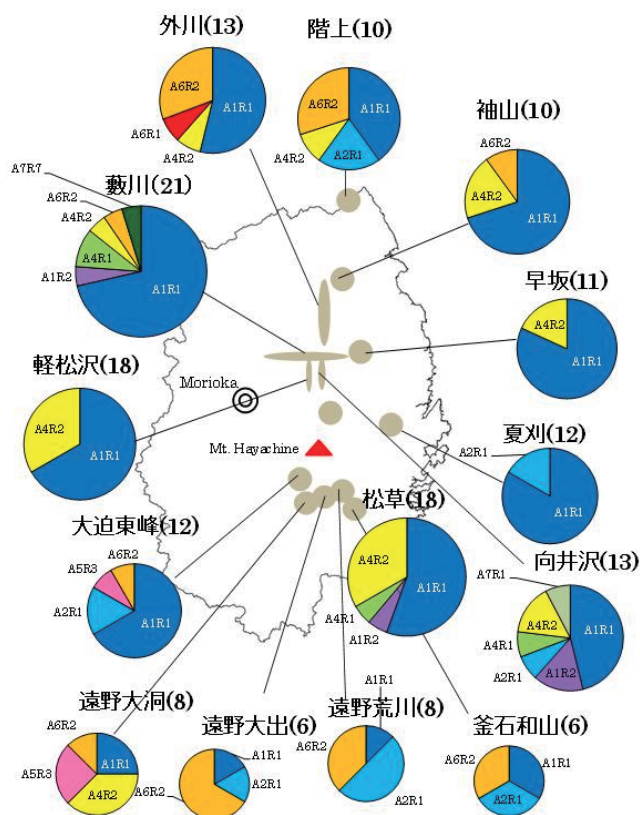


図-2 北上山系におけるナシ属植物 (*Pyrus* spp.) の葉緑体 DNA ハプロタイプ。accD-psaI および rps16-trnQ 遺伝子間領域の塩基配列に基づきタイプ分けした。括弧内は用いた個体数を示す(未発表データ)。

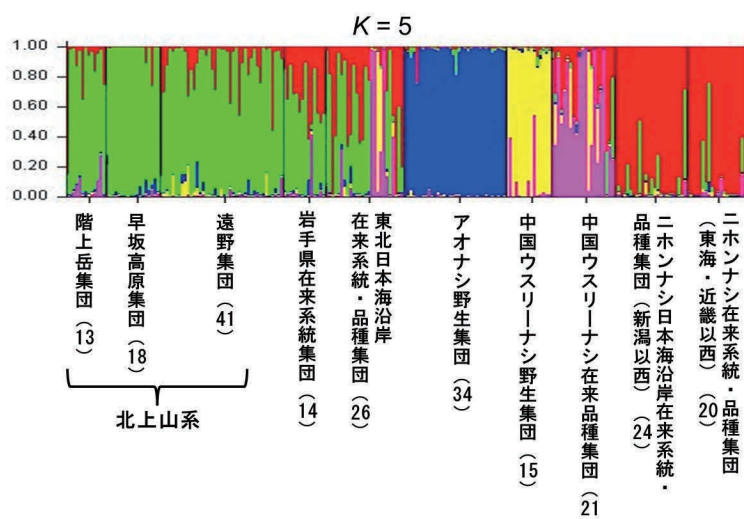


図-3 日本、中国のナシ属植物 (*Pyrus* spp.) 10 集団における SSR マーカーの DNA 多型データに基づく STRUCTURE 解析の結果 ($K=5$)。Iketani et al. (2010) と Iketani and Katayama (2012) を改変。

なかったが、北上山系中部の藪川周辺の軽松川沢、向井沢の 2 集団は 0.640、0.678 と遺伝的多様性がやや低かった (Katayama et al. 2016)。これらの値は中国大陸のウスリーナシの 0.480 と比較すると高い多様性を示した (Wuyun et al. 2015)。中国大陸のウスリーナシは集団の孤立によって、他の集団からの遺伝子流動がないことを示唆しており、北上山系のイワテヤマナシは比較的集団間の孤立は少ないことが示された。

次に SSR マーカーを用いて STRUCTURE 解析 (Pritchard et al. 2000) を行い、イワテヤマナシの地理的遺伝構造を調べた。イワテヤマナシや日本のナシ属植物、中国大陸のウスリーナシを用いた STRUCTURE 解析の結果、最適なクラスターは $K=5$ と推定された (図-3)。アオナシや中国大陸のウスリーナシ野生個体は固有のクラスター組成を示した。これらは集団の孤立化により、他の集団からの遺伝子流動が少ないことを示唆した。ニホンナシ集団は基本的に固有のクラスターを形成したが、一部でイワテヤマナシとのクラスターの混合 (雑種型) も見られた。北上山系の 3 集団では早坂高原がイワテヤマナシ固有のクラスターを形成しており (純粋型)、階上岳、遠野ではイワテヤマナシとニホンナシ型の双方のクラスターの混合がみられた (雑種型)。この結果から人為的に持ち込まれたニホンナシからイワテヤマナシへの遺伝子浸透が起きており、双方の雑種が生じた可能性が示唆された (Iketani et al. 2010 ; Iketani and Katayama 2012)。

イワテヤマナシ固有のクラスター (純粋型) が見つかったことから北上山系の集団数を増やして STRUCTURE 解析を行うことでニホンナシのイワテヤマナシへの遺伝子浸透について詳細に調査した (図-4)。北上山系全域から 14 集団、イワテヤマナシ在来個体 1 集団とニホンナシ 5 集団を用いた結果、北上山系中部の軽松沢、向井沢の 2 集団でイワテヤマナシのクラスターが優占 (純粋型) していた。早坂高原、藪川、外川、松草の 4 集団はニホンナシとクラスターの混合 (雑種型) が低頻度で見られた。これら北上山系中部の 6 集団は標高 560 m から 1,100 m に位置しており、北上山系でも比較的標高が高く、冬期の気温が本州でも特に低いことで知られている。また STRUCTURE 解析のイワテヤマナシのクラスター ($q \geq 0.9$) と標高には正の相関があり、ほとんどの個体は標高 600 m から 950 m の高地で見られた。イワテヤマナシと同種のウ

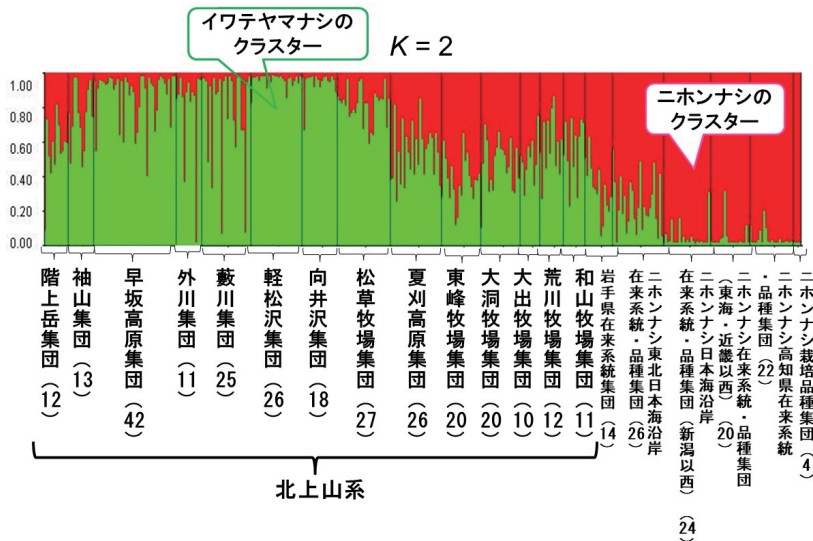


表-1 STRUCTURE 解析によるイワテヤマナシのクラスター ($q \geq 0.9$) を示した個体と形態の相関。片山 (2019) を改変。

形態形質	個体数	相関係数
花径	114	-0.017
花弁長	114	-0.103
花弁幅	114	-0.021
花弁長/花弁幅	114	0.242**
花柄長	114	0.273**
果径	105	-0.248*
果高	105	0.220*
果高/果径	105	0.038
がくの宿存	105	0.328**

* と ** は、それぞれ 5% と 1% 有意水準を示す

スリーナシも極東ロシア、沿海地域と中国・ロシア国境付近まで自生しており、寒冷地に適応している。特に中国北東部に位置する黒竜江省佳木斯市のウスリーナシ集団の植生は北上山系中部のそれと類似していた (Wuyun et al. 2013, 2015)。イワテヤマナシも寒冷地に適応していると思われる。北上山系中部の 6 集団のうち、イワテヤマナシのクラスター (純粋型) を示した軽松沢、向井沢集団は地理的に孤立している。混合クラスター (雑種型) を示した早坂高原、藪川、外川は国道沿いや高原として古くから整備されており、過去に食味に優れたニホンナシが人為的に持ち込まれた可能性が高い (未発表データ)。遺伝的多様性が軽松沢、向井沢集団で他の集団より低めだった事からも、2 集団は遺伝子浸透が生じにくい環境だったと予想された。イワテヤマナシの保全という観点からも、今後、北上山系中部の生息地の生態学的な研究データの集積が必要である。

前述のように、北東北の収集個体はイワテヤマナシとニホンナシとの雑種が多いため、花器や果実の形態データは連続的となり野生型のイワテヤマナシの特徴が不明瞭であり、分類は困難であった (Ikutani and Ohashi 2003 ; Katayama and Uematsu 2006)。そこでイワテヤマナシの形態的特徴を明らかにするために STRUCTURE 解析によるイワテヤマナシのクラスター ($q \geq 0.9$) と Nakai (1918) がイワテヤマナシの分類形質とした花器、果実形態との相関を調べた (表-1)。花弁長/花弁幅、花柄 (果柄) 長、萼の宿存で相関があり、果径、果高で弱い相関が見られた。この結果は、イワテヤマナシ

(純粋型) は花弁が細長く、花柄 (果柄) も長く、果実は小さく、萼が宿存することを示しており Nakai (1918) の分類指標とも基本的に一致した (片山 2019)。

イワテヤマナシ自生集団の保全

STRUCTURE 解析によるイワテヤマナシのクラスターを示した軽松沢では沢沿いの溪畔林で 129 個体のイワテヤマナシが見つかった。また向井沢では砂防堰堤後背地で集団が形成されていた。軽松沢、向井沢ともに自生地は湿地帯で、周辺木はカラマツ、サウグルミ、シラカバ、ミズナラ等で林分が構成されていた。現在、生態学的アプローチによりイワテヤマナシの生育立地や個体群構造の把握を行っているが、DBH (胸高直径) や樹高、年輪調査から一斉更新の陽樹 (石田ら 2009 ; 大澤 2001) によく見られる分布だった (図-5)。また林内でイワテヤマナシは成長速度が遅い樹種の一つで、周辺木に被陰されており、開花しにくい状態だった。このため実生や幼樹が少なく、更新ができていないことが明らかとなった (図-5)。イワテヤマナシは溪畔林や適湿性の陽地に適応した攪乱依存種であり、自生地ではイワテヤマナシが消失する恐れがあることから、定期的にカラマツ林や周辺木を伐採し、イワテヤマナシが更新できる光環境の良い明るい場所を維持することが重要である (未発表データ)。

自生地での生息域内保全も重要だが、環境の変化に

より消失する可能性があることから、前述したジーンバンク等の生息域外保全も重要である。貴重な遺伝資源である野生ナシを、世代を超えて維持することが急務である。特に自生地に近い自治体や独立行政法人、大学等の協力を得ながら保全計画を策定することが必要である。

おわりに

1999年より開始したイワテヤマナシ（ミチノクナシ）の実態調査はいまだ不明な点が多いが、DNAマーカーを用いたイワテヤマナシの地理的遺伝構造の評価により、ニホンナシのイワテヤマナシへの遺伝子浸透が確認され、イワテヤマナシの雑種化が明らかとなった。また純粋なイワテヤマナシの存在も示唆された。STRUCTURE解析にてイワテヤマナシのクラスター（純粋型）と Nakai (1918) が定義した分類形質には相関があり、①花卉が細長く、②花柄（果柄）が長く、③果実は小さく、④萼が宿存するという特徴がイワテヤマナシの分類指標となることが分子データからも支持された。これらの研究と時を同じくして2007年にイワテヤマナシは環境省レッドリストの絶滅危惧IA類に登録された。現在は絶滅危惧IB類に位置づけられている。純粋型のイワテヤマナシ集団の保全活動は急務だが、同様にニホンナシの有用形質を内包する雑種化個体の保護も遺伝資源の利用としては重要である。収集個体の遺伝資源としての評価を今後も継続する必要がある。2023年6月には岩手県陸前高田市にて全国植樹祭いわて2023が開催され、イワテヤマナシ（ミチノクナシ）が皇后陛下によってお手植えされた。植樹祭に岩手県に縁のある樹種の一つとして選ばれたことは、イワテヤマナシの認知度の向上に貢献したが、いまだ広く認知されているとは言い難い。日本に自生する野生ナシを保全、利用し、次世代につなぐことが急務である。

引用文献

- Bell RL (1990) Pears (*Pyrus*). In: Moore, JN., Ballington, Jr. JR (eds) Genetic resources of temperate fruit and nut crops I, 655–697. International Society for Horticultural Science, Wageningen
- Browicz K (1993) Conspect and chorology of the genus *Pyrus* L. Arboretum Kornickie 38: 17–33

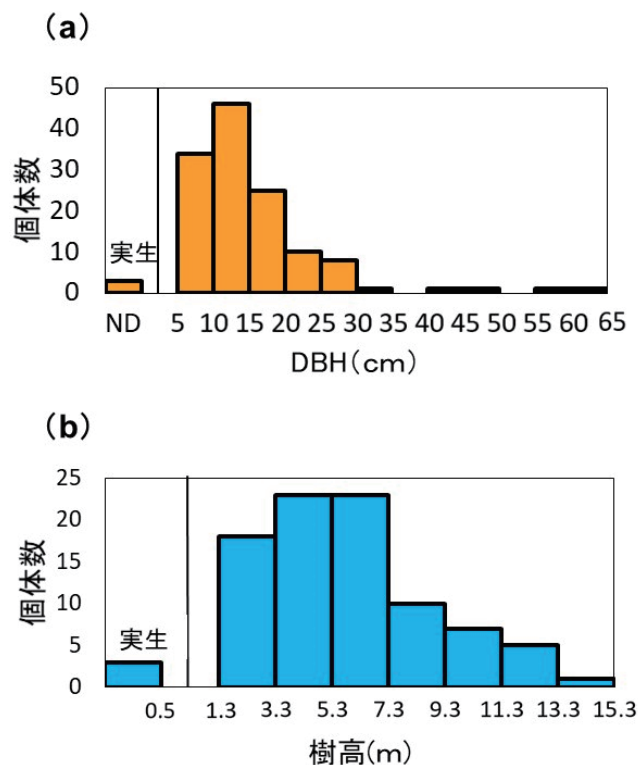


図-5 軽松沢に自生するイワテヤマナシ 129 個体の (a) DBH (胸高直径) 階分布、(b) 樹高階分布 (未発表データ)。

- Challice JS, Westwood MN (1973) Numerical taxonomic studies of the genus *Pyrus* using both chemical and botanical characters. Botanical Journal of the Linnean Society 67: 121–148
- 池谷祐幸・間瀬誠子・渡辺長敬・中込司郎・佐藤義彦 (2005) 富士山周辺におけるアオナシの再発見. 植物研究雑誌 80: 252–253
- Iketani H, Ohashi H (2003) Taxonomy and Distribution of Japanese Populations of *Pyrus ussuriensis* Maxim. (Rosaceae). Journal of Japanese Botany 78: 119–134
- Iketani H, Yamamoto T, Katayama H, Uematsu C, Mase N, Sato Y (2010) Introgression between native and prehistorically naturalized (archaeophytic) wild pear (*Pyrus* spp.) populations in Northern Tohoku, Northeast Japan. Conservation Genetics 11: 115–126
- Iketani H, Katayama H (2012) Introgression and long-term naturalization of archaeophytes into native plants underestimated risk of hybrids. In: Povilitis T (ed) Topics in Conservation Biology, 43–56. IntechOpen, Rijeka, Croatia
- 石田弘明・浅見佳世・黒田有寿茂・青木秀昌・服部

- 保 (2009) 猪名川上流域における希少樹種エドヒガンの生育立地と個体群構造. 保全生態学研究 14: 143–152
- 梶浦一郎 (1984) ニホンナシの起源と品種の地理的分化. 育種学最近の進歩 25: 3–13
- 梶浦一郎・佐藤義彦 (1990) ニホンナシの育種及びその基礎研究と栽培品種の来歴及び特性. 果樹試験場報告 特別報告: 97–329
- Katayama H, Uematsu C (2003) Comparative analysis of chloroplast DNA in *Pyrus* species: physical map and gene localization. Theoretical and Applied Genetics 106: 303–310
- 片山寛則・植松千代美 (2004) ニホンナシの起源: 東北地方のナシ属植物の遺伝的多様性. 特集: 植物遺伝資源 - 分子進化学から民俗植物学まで -. 遺伝 58: 55–62
- Katayama H, Uematsu C (2006) Pear (*Pyrus* species) genetic resources in Iwate, Japan. Genetic Resources and Crop Evolution 53: 483–498
- Katayama H, Adachi S, Yamamoto T, Uematsu C (2007) A wide range of genetic diversity of pear genetic resources in Iwate, Japan revealed by SSR and chloroplast DNA markers. Genetic Resources and Crop Evolution 54: 1573–1585
- Katayama H, Tachibana M, Iketani H, Zhang SL, Uematsu C (2012) Phylogenetic utility of structural alterations found in the chloroplast genome of pear: hypervariable regions in a highly conserved genome. Tree Genetics and Genomes 8: 313–326
- Katayama H, Amo H, Wuyun T, Uematsu C, Iketani H (2016) Genetic structure and diversity of the wild Ussurian pear in East Asia. Breeding Science 66: 90–99
- 片山寛則 (2019) 新規ナシ遺伝資源としてのイワテヤマナシ〜保全と利用の両立を目指して〜. 作物研究 64: 1–9
- 菊池秋雄 (1948) 梨. 菊池秋雄著, 果樹園芸学. 64–123, 養賢堂, 東京
- Koidzumi G (1915) Decades plantarum novarum vel minus, Cognitarum. Botanical Magazine Tokyo 29: 309–315
- Nakai T (1918) Notulae ad plantas Japoniae et Koreae XVI. Botanical Magazine Tokyo 32: 28–37
- Nakai T (1919) Notulae ad plantas japoniae et koreae XXI. Botanical Magazine Tokyo 33: 193–216
- 大井次三郎 (1965) 改訂新版 日本植物誌 顕花篇. 至文堂, 東京
- 大澤雅彦 (2001) 変化する植物群落—遷移と動態—. (財) 日本自然保護協会編, 生態学からみた身近な植物群落の保護, 28–37. 講談社サイエンティフィク, 東京
- Pritchard JK, Stephens M, Donnelly P (2000) Inference of population structure using multilocus genotype data. Genetics 155: 945–959
- Rehder A (1940) Manual of cultivated trees and shrubs. 2nd ed. Macmillan, New York
- Wuyun T, Ma T, Uematsu C, Katayama H (2013) Low genetic diversity of wild Ussurian pear (*Pyrus ussuriensis* Maxim.) in Inner Mongolia, China revealed by hypervariable regions of chloroplast DNA. Tree Genetics and Genomes 9: 167–177
- Wuyun T., Amo H, Xu J, Ma T, Uematsu C, Katayama H (2015) Population structure of and conservation strategies for wild *Pyrus ussuriensis* Maxim. in China. PLoS ONE 10: e0133686