



サクラ属植物の系統分類と進化に関する研究

島田, 武彦

(Degree)

博士 (農学)

(Date of Degree)

1996-03-31

(Date of Publication)

2013-10-21

(Resource Type)

doctoral thesis

(Report Number)

甲1540

(JaLCD0I)

<https://doi.org/10.11501/3116889>

(URL)

<https://hdl.handle.net/20.500.14094/D1001540>

※ 当コンテンツは神戸大学の学術成果です。無断複製・不正使用等を禁じます。著作権法で認められている範囲内で、適切にご利用ください。



氏名・(本籍)	しま だ たけ ひこ 島 田 武 彦	(奈良県)
博士の専攻 分野の名称	博 士 (農 学)	
学位記番号	博い第22号	
学位授与の要件	学位規則第4条第1項該当	
学位授与の日付	平成8年3月31日	
学位論文題目	サクラ属植物の系統分類と進化に関する研究	

審 査 委 員	主査 教授	吉 田 雅 夫	
	教授	上 島 脩 志	教授 土 田 廣 信
	教授	清 水 晃	

論 文 内 容 の 要 旨

モモ、スモモなどの核果類の育種と台木研究に資するため、分子生物学的手法によりサクラ属植物の類縁関係を明らかにし、進化の過程について考察を加えた。系統分類には来歴の明確な品種・系統が必要なので農林水産省果樹試験場など公的機関から分譲を受けた材料を供試した。従来の形態的分類を基礎にして、ここではRAPD分析法、サザンプロット解析法、葉緑体DNAの特定領域を用いたPCR-RFLP法などの方法により分類を試みた。これらの手法は、サクラ属果樹の系統関係を推定するために有効と認められたので種類ごとに分類を試み、進化過程を検討した。主な結果は次の通りである。

ウメは58品種・系統を供試してRAPD分析を試みた結果、形態やアイソザイム分析では検定できない品種の識別、同定が可能となった。花梅は実梅と遺伝的に近いこと、日本のウメ品種は台湾のウメとは遠縁で中国大陸から直接渡米し、発達したものと認められた。ウメは、アンズ、スモモとも近縁で、相互の交雑により生じた品種が多く、遺伝的に多様で7つの品種群に大別された。葉緑体DNAの特定領域では変異が検出できなかった。アンズ35品種・系統についてRAPD分析を試みたところ、栽培種 (*P.armeniaca*) は“西方品種群”と“東方品種群”に大別された。中国の白杏と仁杏、野生種の山杏 (*P.sibirica*) とアルパインプラム (*P.brigitina*) はこれらの群には属さなかった。葉緑体DNAの特定領域では種内変異は認められず、種間のみでDNA多型が認められた。スモモは種数が多く、2x, 4x, 6xの倍数体が存在する。42種類の品種・系統を供試してRAPD分析を行ったところ、ニホンスモモとヨーロッパスモモの2群に大別されたが、両者の種間雑種などが多数存在し、変異の連続がみられた。アメリカスモモはこれらのスモモとは遠縁であった。6倍体のドメスチカスモモとインシチチアスモモは2倍体のミロバランスマモモが母、4倍体のスピノーサスモモが父として派生したものではないかと推察された。ウメ、アンズ、スモモの人工交雑による種間雑種、AM, PM, PA系統と自然交雑種といわれる‘豊後’、‘李梅’、‘仁杏’などを遺伝学的に調査し、種間雑種であることを証明した。

モモ49品種・系統をRAPD分析した結果、栽培種 (*P.persica*) と野生種 (*P.mira*, *P.davidiana*)

の2群に大別された。種内変異は小さく、ゲノム特性は他のサクラ属と異なった。ユスラウメ、オヒヨモモなど他種とは遠縁で、種間の変異は大きかった。葉緑体DNAの特定領域ではアーモンド、光核桃、ユスラウメ、オヒヨモモにDNA多型が検出された。アーモンドは、パキスタンで採集した49系統を供試しRAPD分析した結果、栽培型と野生型に大別され、各グループ内の変異はモモより大きかった。葉緑体の特定領域では変異がみられず、相同なRFLPパターンを示した。

サクラ亜属には野生種、観賞用のサクラ、オウトウなど多数の種がある。57品種・系統を供試し、RAPD分析を行った結果、サクラ、オウトウ、*Microcerasus*植物に大別された。サクラは遺伝的変異が大きく、オウトウは変異が小さかった。ユスラウメ、ニワウメなどの*Microcerasus*はサクラ、オウトウと遠縁であった。葉緑体DNAの特定領域では遺伝的変異が大きく、多数のRFLPsを検出した。*Microcerasus*植物はサクラ・オウトウと遠縁であり、現在の分類については再検討の必要がある。

サクラ属植物を形態的特性により多変量解析を試みた結果、スモモ・サクラのグループとウメ・アンズ・モモのグループに大別された。光核桃、アルパインプラムなど特異な種はいずれともクラスターを形成しなかった。*Microcerasus*植物はスモモとサクラのいずれかのクラスターに属し、形態的に変異がみられた。モモ亜属の形態は他のサクラ属植物と大きく異なった。RAPD分析法によりサクラ属37品種の類縁関係を推定したところ、スモモ亜属は集団として大きな変異がみられた。サクラ亜属ではオウトウ、サクラ、*Microcerasus*の3群に分かれ、ユスラウメはスモモと高い類似性を示した。核DNAに存在する5SrRNA遺伝子のスペーサー領域を増幅した結果、'仁杏'とミロバランスモモ、スピノーサスモモと'サンプルーン'の間で特異的な増幅断片を共有した。葉緑体DNAの特定領域ではスモモ、モモ亜属とサクラ亜属に分かれるRFLPパターンが得られた。スモモ亜属の集団、サクラ亜属の集団など14の群に分類したが、ユスラウメなどの*Microcerasus*はスモモ亜属に属した。UPGMAにより作成した系統樹は大きくサクラとスモモ・モモの2グループに分かれ、これらの集団は比較的早期に分岐したものと推察された。サザンプロット解析により、代表的なサクラ属植物27品種・系統の葉緑体DNAの遺伝的変異を調査した結果、*Microcerasus*植物はスモモ亜属やバクチノキ亜属と大きな集団を形成した。これらの集団は他種と交雑和合性の能力が高く、サクラ属植物の進化に大きな役割を果たしたものと推察された。

論文審査の結果の要旨

果樹栽培では品質優良な品種を強健な台木に接木して生産力を高めている。交雑育種や台木研究を推進するためには、遺伝資源となる植物の類縁関係を明らかにする必要がある。本研究はモモ、スモモなどサクラ属植物を供試して系統分類を試み、進化過程についても検討を加えたものである。従来の形態的分類を基礎にして、分子生物学的手法により、次のような成果をあげたのでその概要を述べる。

第1章ではRAPD分析法、サザンプロット解析法、葉緑体DNAの特定領域を用いたPCR-RFLP法などの方法をスモモ、モモ、サクラ亜属に適用し、いずれの種類でも類縁関係を推定するのに有効であり、進化の過程を考察する上でも役立つことが認められた。

第2章ではスモモ亜属のウメ、アンズ、スモモとその種間雑種を供試し、系統分類を行った。ウメはアンズやスモモと近縁で遺伝的に多様でありRAPD分析の結果、7つの品種群に大別された。また、花梅と実梅は遺伝的に近いこと、日本のウメは台湾のウメとは遠縁で、中国大陸より直接渡来し、

独自に発達したものであることを明らかにした。アンズはRAPD分析の結果、栽培種 (*P.armeniaca*) は西方品種群と東方品種群に大別され、野生種の *P.sibirica* と *P.brigantina* はいずれにも属さなかった。葉緑体DNAの特定領域では種内変異はみられず、種間のみでDNA多型が認められた。

スモモは種数が多く、2x, 4x, 6xがあり、RAPD分析した結果、ニホンスモモとヨーロッパスモモの2群に大別されたが、種間雑種が多いため、変異は連続していた。アメリカスモモはこれらと遠縁であった。6倍体の *P.domestica* と *P.insititia* は2倍体の *P.cerasifera* が母、4倍体の *P.spinosa* が父ではないかと推察している。

ウメ、アンズ、スモモ相互の自然交雑種といわれる‘豊後’、‘李梅’、‘仁杏’は遺伝分析した結果、種間雑種であることを証明した。

第3章ではモモ亜属のモモとアーモンドの類縁関係を検討した。モモはRAPD分析した結果、栽培種 (*P.persica*) と野生種 (*P.mira*, *P.davidiana*) の2群に大別された。種内変異は小さく、ゲノム特性は他のサクラ属と異なった。ユスラウメ、オヒヨモモなどの他種とは遠縁で、種間の変異は大きかった。葉緑体DNAの特定領域ではアーモンド、光核桃、ユスラウメ、オヒヨモモにDNA多型が検出された。

アーモンドはパキスタンで収集した系統を供試し、RAPD分析した結果、栽培型と野生型に大別され各グループ内の変異はモモより大きかった。葉緑体DNAの特定領域では変異がみられず、相同なRFLPパターンを示すことを認めた。

第4章ではサクラ亜属のサクラ、オウトウ、*Microcerasus*などを供試して系統分類を行った。RAPD分析の結果、サクラ、オウトウ、*Microcerasus*植物の3群に大別された。サクラは遺伝的変異が大きく、オウトウは変異が小さかった。*Microcerasus*はサクラ、オウトウと遠縁であった。葉緑体DNAの特定領域では遺伝的変異が大きく、多数のRFLPsが検出された。*Microcerasus*はサクラ、オウトウと遠縁であり、現在の分類については再検討する必要があることを提示している。

第5章ではサクラ属植物全体について系統分類を試み、進化の過程を考察している。形態的特性により多変量解析を試みた結果、スモモ、サクラのグループとウメ、アンズ、モモのグループに大別している。ヒマラヤの高地に分布する光核桃、アルプスの山地に分布するアルパインプラムは他種と離れた位置にある。*Microcerasus*植物はスモモとサクラのいずれかのクラスターに属し、形態的変異が大きい。モモ亜属の形態は他のサクラ属と大きく異なることを示した。サクラ属の代表的な種を供試してRAPD分析した結果はスモモ亜属は集団として大きな変異がみられた。サクラ亜属はオウトウ、サクラ、*Microcerasus*の3群に分かれたが、ユスラウメはスモモと高い類似性を示した。核DNAに存在する5SrRNA遺伝子のスペーサー領域を増幅した試験では、‘仁杏’とミロバランスモモ、スピノーサスモモと‘サンプルーン’の間で特異的な増幅断片を見出し、遺伝的な関連性を示唆している。

葉緑体DNAの特定領域ではスモモ・モモ亜属とサクラ亜属に分かれるRFLPパターンが得られ、スモモ亜属の集団、サクラ亜属の集団など14の群に分類しているが、ユスラウメなどの*Microcerasus*はスモモ亜属に属することを示している。UPGMAにより作成した系統樹をみるとスモモ・モモ集団とサクラ集団は比較的早期に分岐したのではないかと推察される。サザンプロット解析により葉緑体DNAの遺伝的変異を調査した結果、*Microcerasus*植物はスモモ亜属やバクチノキ亜属と大きな集団を形成することを認めている。これらの集団は他種と交雑和合性が高く、サクラ属植物の進化に大きな役割を果たしたのではないかと考察している。

本研究はサクラ属植物における系統分類と進化について研究したものであり、植物分類学だけでは

なく、核果類の育種研究を推進するうえでも重要な知見を得たものとして、価値ある集積であると認める。よって学位申請者島田武彦は博士（農学）の学位を得る資格があると認める。