

白山における高山植物ハクサンオオバコと国内外来種オオバコの交雑の実態

大阪府立大学大学院人間社会システム科学研究科

佐野 沙樹

【研究成果報告書要旨】

高山植物が生育する白山ユネスコエコパークの核心地域には、低地性植物のオオバコが侵入しており、高山植物ハクサンオオバコとの雑種の生育が確認されている。時間的変化を含む交雑の実態を明らかにするため、2021年に白山南竜ヶ馬場の野営場でオオバコ類を採取し、3つの遺伝子マーカーで遺伝子型を調べ、種または雑種を識別し、2007年および2016年に同所で採取したオオバコ類の解析結果と比較した。さらに、白山の7地点11集団で2005年～2021年に採取したオオバコ類について5つのマイクロサテライト（SSR）マーカーを用いた遺伝的集団構造解析による雑種の検出を試みた。

3つの遺伝子マーカーを組み合わせると、雑種と判別される遺伝子型は16通り得られる。南竜ヶ馬場の野営場では、そのうち13通りの遺伝子型が検出された。遺伝子型の数は年次の経過とともに減少しているが、2016年と2021年には前年次には見られなかった遺伝子型が4種類と1種類それぞれ検出された。このことから、雑種は継続的に繁殖し、多様な遺伝子型をもつ後代を生産していると考えられる。形態的特徴では雑種と識別されるものの、3つの遺伝子マーカーではハクサンオオバコまたはオオバコと識別された個体の割合は年次の経過とともに増加する傾向が認められ、またこのような個体の中にはSSRマーカーでは雑種と識別されるものもあった。このことから、南竜ヶ馬場の野営場では、多くのDNAマーカーが雑種検出に必要なほど、オオバコ類の遺伝子浸透性が進んでいることが分かった。一方で、2021年に南竜ヶ馬場の野営場で採取した個体では、F1において期待される遺伝子型をもつ個体は減少していた。このことはボランティアを中心としたオオバコの除去が新たな種間交雑を抑制することに繋がっていると評価できる。

今後は、複数のDNAマーカーを併用することで、種の識別や雑種の検出精度を高める必要がある。あわせて、新たなオオバコの侵入による種間交雑を防止するために、オオバコの侵入経路の解明が望まれる。