

はじめに
 交雑：外来種が侵略的になる過程の一つ^[1]
 ボトルネック・選択 → 外来種の遺伝的多様性の減少 → 定着に不利
 近縁種との交雑 → 遺伝的多様性・新規性を獲得 → 移入先に適応
 外来種起源の雑種は、在来生態系に影響する可能性^[2]
 セイヨウタンポポと在来タンポポの雑種は日本中で拡大^[3,4,5]
 雑種の数はセイヨウタンポポを上回る^[3,4,5] → 交雑が拡大に影響？
 しかし、雑種タンポポがどのように拡大したか、その過程とメカニズムは不明
目的
 1. 日本各地のタンポポのDNA配列を比較し、起源と拡大過程を解明
 2. 雑種のニッチを親種と比較し、交雑が定着に果たした役割を考察

対象種

在来二倍体タンポポ

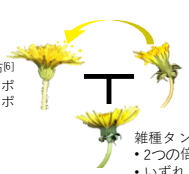
- ・有性生殖
- ・地域ごとに異なる種が分布^[6]
- ・西日本のカンサイタンポポ
- ・東日本のカントウタンポポ
- ・雑種タンポポの種子^[7]

セイヨウタンポポ

- ・ヨーロッパ原産の外来種
- ・日本中で分布を拡大
- ・三倍体でクローン繁殖
- ・雑種タンポポの花粉^[8]

雑種タンポポ

- ・2つの倍数性^[9]: 三倍体・四倍体
- ・いずれもクローン繁殖
- ・セイヨウタンポポ以上に増加^[9,4,5]



結論
 雑種タンポポの拡大過程とメカニズムは倍数性によって異なる

三倍体雑種

- ・各地の在来タンポポから誕生
- ・起源地から大きくは移動していない
- ・在来タンポポから適応的遺伝子を獲得し各環境に適応している可能性

四倍体雑種

- ・単一のクローンが日本中に拡大
- ・在来タンポポともセイヨウタンポポとも異なるニッチ
- ・倍数性の増加が影響した可能性^[9]



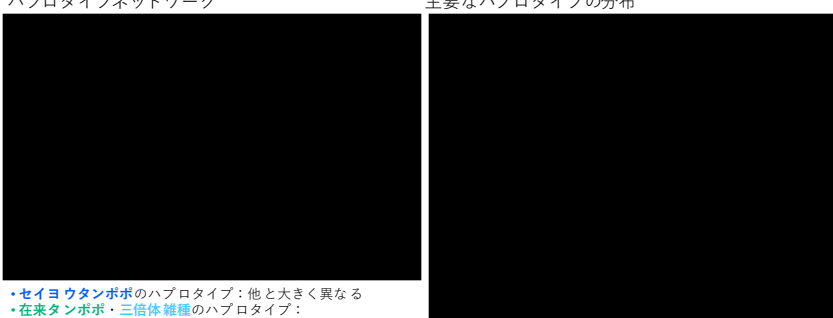
結果・考察

1. 葉緑体DNAハプロタイプネットワーク

三倍体雑種には複数の起源が存在し、あまり大きく移動していない
四倍体雑種の起源は不明だが、大きく拡大している

ハプロタイプネットワーク

主要なハプロタイプの分布




- ・セイヨウタンポポのハプロタイプ：他と大きく異なる
- ・在来タンポポ・三倍体雑種のハプロタイプ：主にH01, H03, H04
- ・四倍体雑種のハプロタイプ：在来タンポポから見つからなかったH02

H01: 西日本に分布 H02: 日本中に分布
 H03: 日本中に分布 H04: 東日本に分布

3. 交雑解析

三倍体雑種はさまざまな場所で誕生し、留まっている
四倍体雑種は東日本で誕生し、大きく拡大した



地理的遺伝構造

(a) 在来タンポポ
西日本と東日本で遺伝的に異なる

(c) 三倍体雑種
西日本の個体は西日本の、東日本の個体は東日本の在来タンポポ由来の遺伝子を持つ

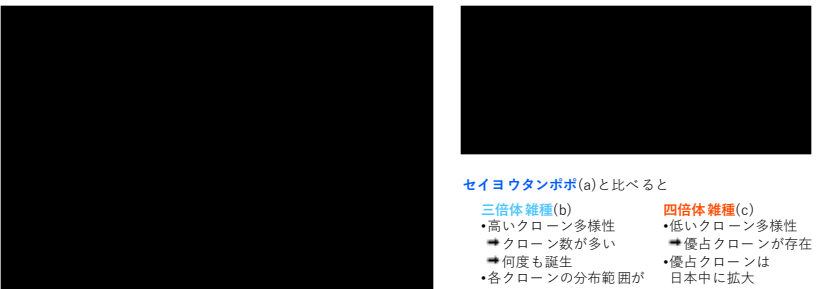
(d) 四倍体雑種
東日本の在来タンポポ由来の遺伝子を持つ個体が日本中に分布

・在来タンポポとセイヨウタンポポは遺伝的に異なる
 ・全ての雑種は在来タンポポとセイヨウタンポポ両方の遺伝子を持つ

・在来タンポポには2つの系統が存在
 ・全ての雑種の在来タンポポに由来する遺伝子は2系統のどちらかにのみ由来

2. クローン判定

三倍体雑種は何度も誕生し、大きくは動いていない
四倍体雑種は単一のクローンが日本中に拡大



セイヨウタンポポ(a)と比べると

三倍体雑種(b)

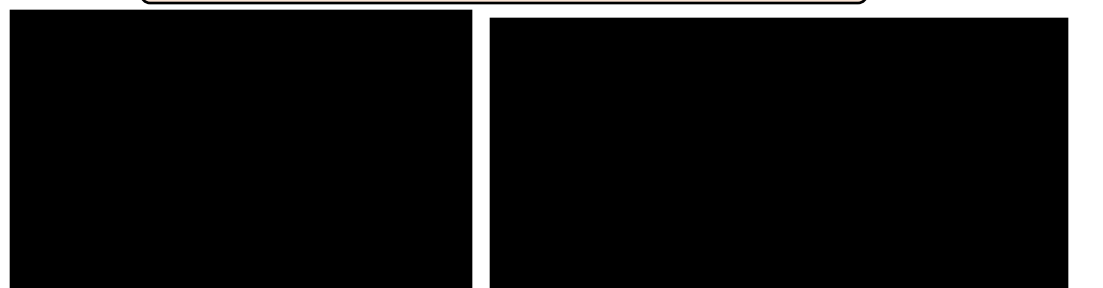
- ・高いクローン多様性
- クローン数が多い
- 何度も誕生
- ・各クローンの分布範囲が限定的
- あまり移動していない

四倍体雑種(c)

- ・低いクローン多様性
- 優占クローンが存在
- ・優占クローンは日本中に拡大

4. ニッチ変化

在来タンポポとセイヨウタンポポはニッチが異なる
雑種は在来タンポポよりもセイヨウタンポポにニッチが近いが、倍数性によって異なる



雑種とのニッチ重複度：セイヨウタンポポ > カンサイタンポポ
 カンサイタンポポとのニッチ重複度：三倍体雑種 > セイヨウタンポポ > 四倍体雑種

- ・セイヨウタンポポ・雑種はカンサイタンポポより広い環境に分布
- ・三倍体雑種の分布の中心はカンサイタンポポの分布中心に近い
- ・四倍体雑種はセイヨウタンポポと異なる環境に分布を拡大

方法

1. 葉緑体DNAハプロタイプネットワーク

- ・サンガー法で3箇所の遺伝子領域 (*trnT-trnF*, *trnY-rpoB*, *trnG-trnR*, 計1276 bp)の配列取得
- ・ソフトウェアPopAri^[9]のMedian-joining法^[10]でハプロタイプネットワークを描画

2. クローン判定と3. 交雑解析

- ・次世代シーケンズGRAS-DI^[11]で塩基配列を取得
- ・stacks^[12]でSNPsを抽出
- ・Rのpopprパッケージ^[13]でクローン判定
- ・STRUCTUR^[14]で交雑解析

4. ニッチ変化

- ・在データ：タンポポ調査西日本2015^[5]よりカンサイタンポポ・セイヨウタンポポ
- ・各タンポポの密度をカーネル推定
- ・各タンポポ間のニッチ重複度を算出
- ・Rのade4^[15]パッケージ
- ・ecospa^[16]パッケージで実行

・西日本の環境変数でPCAを実行

・土地利用データ：World Cover^[17]

参考文献

[1] Elstrand, N. C., Whitkus, R., & Rieseberg, L. H. (1996). [2] Anttila, C. K., Daehler, C. C., Rank, N. E., & Strong, D. R. (1998). [3] Shibaike, H., Akiyama, H., Uchiyama, S., Kasai, K., Morita, T. (2002) [4] 森田竜義 芝池博幸 (2012) [5] タンポポ調査・西日本実行委員会 (2016). [6] Morita, T. (1995). [7] Morita, T., Menken, S.B.J., Stek, A.A. (1990) [8] Te Beest, M., Le Roux J.J., Richardson, D.M., Bysing, A. K., Suda, J., Kubešová, M., & Pyšek, P. (2012). [9] Leigh, J. W., & Bryant, D. (2015). [10] Bandelt, H.-J., Forster, P., Röhl, A. (1999). [11] Hosoya, S., Hirase, S., Kiuchi, K. et al. (2019). [12] Rochette, N. C., Rivera-Colón, A. G., & Catchen, J. M. (2019). [13] Kammer, Z. N., Tabata, J. F., & Glauwaik, N.J. (2014). [14] Pritchard, J.K., Stephens, M., Donnelly, P. (2000). [15] Fick, S. E., & Hijmans, R. J. (2017). [16] Zanaga, D., Van De Kerkhove, R., Daems, D. et al. (2022). [17] Dray, S., Dufour, A. (2007). [18] Broennimann, O., Di Cola, V., Guisan, A. (2024).