

# 琉球大学学術リポジトリ

## 琉球列島におけるヒサカキ属 *Eurya* の起源と分化

メタデータ	言語: 出版者: 琉球大学21世紀COEプログラム 公開日: 2009-04-16 キーワード (Ja): キーワード (En): 作成者: 小林, 雅人, 傳田, 哲郎, 横田, 昌嗣 メールアドレス: 所属:
URL	<a href="http://hdl.handle.net/20.500.12000/9856">http://hdl.handle.net/20.500.12000/9856</a>

琉球列島におけるヒサカキ属 *Eurya* の起源と分化  
(Origin and differentiation of the genus *Eurya* in the Ryukyu Archipelago)

小林雅人<sup>1</sup>・傳田哲郎<sup>2</sup>・横田昌嗣<sup>2</sup>  
(Masato Kobayashi, Tetsuo Denda, Masatsugu Yokota)

<sup>1</sup>琉球大学大学院理工学部海洋自然科学科・<sup>2</sup>琉球大学理学部海洋自然科学科

日本に分布するヒサカキ属 8 種 4 変種 1 品種のうち、7 種 4 変種 1 品種が琉球列島に分布する。このうち 5 種 4 変種が当地域に固有であり、琉球列島はヒサカキ属の固有性が極めて高い地域といえる。近年、台湾と周辺地域に分布するヒサカキ属の系統に関する研究が行われたが、琉球列島産ヒサカキ属には未解決な問題が残されている。本研究は、ヒサカキ属琉球列島固有種の系統的な位置づけを推定することを目的とした。

ヒサカキ属 9 分類群 31 産地 42 サンプルについて、核 DNA の ITS 領域を中心に分子系統学的解析を行った。ITS 領域の解析には、石井 (2005) ならびに、Wu *et al.* (2007) で用いられた 34 分類群の塩基配列情報を加えた。

ITS 領域に基づく系統解析の結果、琉球列島産ヒサカキ属は、ヒサカキ、ハマヒサカキ類 (ハマヒサカキ、マメヒサカキ、テリハヒサカキ)、サキシマヒサカキからなる群 (グループ A) と、琉球列島に固有のヒメヒサカキ、クニガミヒサカキ、アマミヒサカキ、ヤエヤマヒサカキからなる群 (グループ B) の二つに大きく分かれた。

グループ A のうち、ハマヒサカキ類とサキシマヒサカキは台湾から中国大陸南部にかけて広く分布する *E. chinensis* と台湾固有の *E. hayatai* などとクラスターを形成し、ヒサカキなどがその姉妹群となった。前者に含まれる分類群のうち、*E. chinensis* とハマヒサカキのみが広域に分布し、残りはすべて琉球列島あるいは台湾に固有である。これらの分類群間に見られる形態的連続性や遺伝的類似性も考慮すると、この群に含まれる琉球列島や台湾の固有分類群は *E. chinensis* やハマヒサカキから派生してきたと考えるのが妥当であろう。

クレード B の分類群は、台湾固有の *E. strigillosa* などからなるクレードに含まれた。さらに、*E. acuminata* のように中国南部～東南アジアにかけて広い分布域を持つ種群が、その姉妹群となった。ヒメヒサカキ、クニガミヒサカキ、アマミヒサカキ、ヤエヤマヒサカキなどの琉球列島固有分類群は、姉妹群である *E. acuminata* のような広域分布種を祖先とし、それらが、琉球列島に隔離、遺存することによって形成されたと思われる。やんばる地域に固有のクニガミヒサカキは、石垣・西表島に固有のヤエヤマヒサカキに近縁とされてきたが、今回の結果ではクニガミヒサカキが屋久島固有のヒメヒサカキと近縁であることが示された。これら 2 種は共通の祖先から地理的分断と隔離によって生じた姉妹群であり、それぞれの地域に遺存的に分布しているものと思われる。ヤエヤマヒサカキについては、台湾島固有分類群との関係を考えるべきだと思われる。アマミヒサカキは、形態的類似から台湾島固有の *E. strigillosa* との類縁が指摘されていたが、今回の解析では両種の類縁関係は支持されなかった。