

ゲノム解析が解き明かした“他人の空似”

—孤島で見つかったツツジは新種だった—

概要

京都大学大学院人間・環境学研究科の阪口翔太助教、千葉大学大学院園芸学研究院の渡辺洋一助教らを中心とする国際研究グループは、日本（関東地方）と韓国の無人島の間で約 1100 km も離れて分布する希少植物・ウラジロヒカゲツツジの集団ゲノム分析を行いました。その結果、日本のウラジロヒカゲツツジと同種とされていた韓国のツツジが、実は異なる進化的起源をもち、約 260 万年にわたって独自の進化を遂げた未知種であることが明らかになりました。この韓国の孤島に生育する個体群は、本研究で「チョウセンヒカゲツツジ」として新種記載されました。日本のウラジロヒカゲツツジとチョウセンヒカゲツツジは起源が異なりますが、葉の形態などの見た目はよく似ています。これについては、岩場の乾燥環境に日本と朝鮮半島で別々に適応した結果、収斂進化（“他人の空似”進化）が起きたのではないかと考えられます。

さらに、日本のウラジロヒカゲツツジは国内に広く分布するヒカゲツツジの変種とされてきましたが、集団ゲノム分析によって、2 変種間の遺伝的交流が途絶えており、それぞれが生殖的に隔離された独立種であることが確認されました。これにより、これまで 1 種類とされてきたヒカゲツツジの間は、実際には 3 種の独立種から成ることが明らかになりました。

生物の遺伝的多様性は、その種が環境に適応して進化するポテンシャルを表します。本研究により、チョウセンヒカゲツツジとウラジロヒカゲツツジの遺伝的多様性は極めて低く、世界のツツジ類の中でも最低のレベルにあることが分かりました。これら 2 種のツツジは、現存個体数がそれぞれ 500 個体未満と少なく、近い将来の絶滅が危惧される分布状況にもあります。今後、これら 2 種の絶滅危惧植物を保全していくためには、残された生育地の保護を通して、個体数と遺伝的多様性の維持・回復を図ることが望まれます。

本研究成果は、2024 年 11 月 30 日に、植物分類学の国際学術誌「*Taxon*」にオンライン掲載されました。

<研究のポイント>

- 従来、関東地方に分布する希少なツツジ（ウラジロヒカゲツツジ）と同じ種だと思われていた、韓国の無人島に生えるツツジの 1 種が、日韓の国際共同研究グループが行ったゲノム分析によって未知の別種であることが明らかになり、和名「チョウセンヒカゲツツジ」と名付け新種報告をした。
- 両種はともに白い花を咲かせ、厚くて裏面が白い葉を持つ点でよく似ているが、進化的起源が異なることから、「他人の空似」で形態が収斂進化したと考えられる。
- ウラジロヒカゲツツジとチョウセンヒカゲツツジは日本と韓国でそれぞれ 500 個体未満しか分布しない絶滅危惧種であり、遺伝的多様性も極めて低いことから、残された個体群の保全の重要性が示された。

1. 背景

日本に分布する約 65 種の野生ツツジのなかで、珍しく淡い黄色の花を咲かせるのがヒカゲツツジ（学名：*Rhododendron keiskei* Miq.）です（図 1A、D）。ヒカゲツツジは、関東地方から九州にかけて分布し（図 2）、春の山々を黄色い花で彩ります。1930 年頃、ヒカゲツツジに似るものの、白い花を咲かせ、葉の裏側が白みがるツツジが栃木県鹿沼市の岩場で発見され、1932 年にヒカゲツツジの変種・ウラジロヒカゲツツジ（学名：*Rhododendron keiskei* var. *hypoglaucom* Suto & T.Suzuki）として記載されました（図 1B、E）。この植物を記載したのは、当時、北海道大学の学生であった須藤千春氏と台北帝国大学の学生・鈴木時夫氏（後の植物社会学者）でした。須藤氏と鈴木氏の足跡を辿ると、二人が高校生の時分に鹿沼市で植物採集を行っていたときに、ウラジロヒカゲツツジを発見したものと思われます。その後、ウラジロヒカゲツツジは関東地方の別の山域からも見い出されましたが、総個体数は 500 個体未満と少なく、種の保存法によって「国内希少野生植物」に指定されるほどの珍しい植物です。当時、このように希少な植物を山中より見出し、新変種として記載まで行った若者たちの力量と熱意には敬服させられるものがあります。

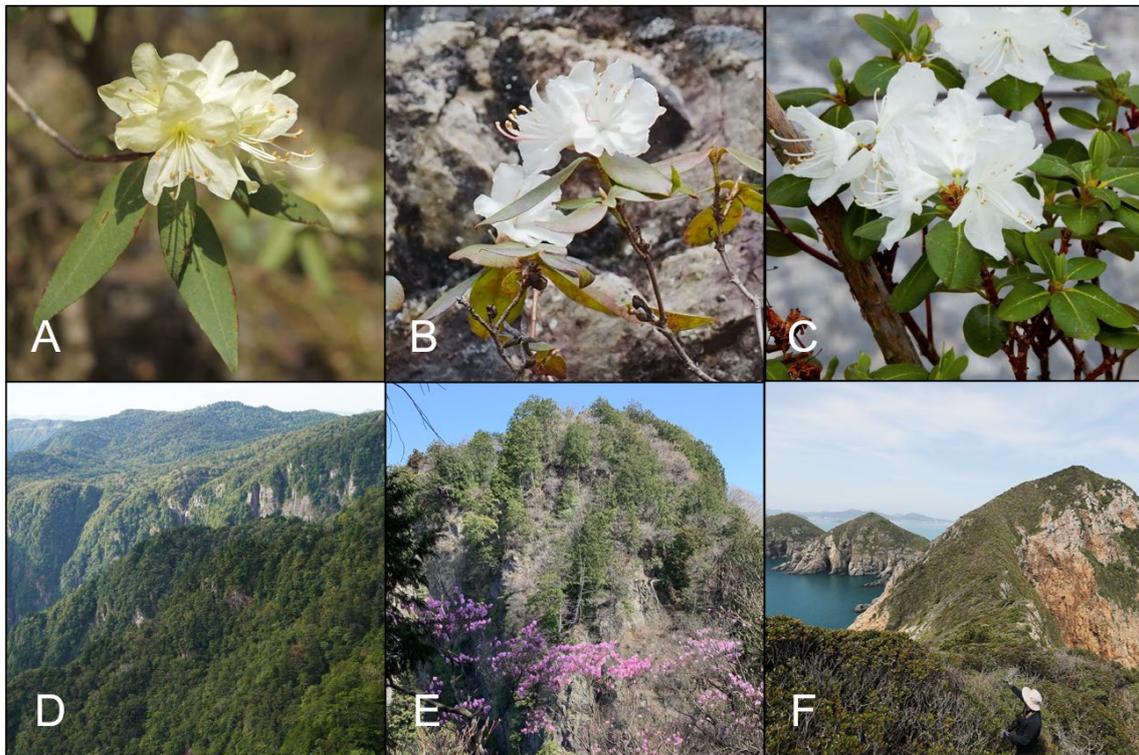


図 1. 本研究で集団ゲノム分析の対象とした 3 種類のツツジとその生育環境。A：日本国内に広く見られるヒカゲツツジ、B：日本産のウラジロヒカゲツツジ（栃木県鹿沼市で撮影）、C：朝鮮半島南方の無人島で発見された新種のチョウセンヒカゲツツジ、D：ヒカゲツツジが生育する山地、E：ウラジロヒカゲツツジが生育するチャートの岩壁、F：新種のチョウセンヒカゲツツジが生育する無人島。

ところが、2015 年になって、これまで関東地方に固有の植物だと思われていたウラジロヒカゲツツジが、朝鮮半島南方の無人島で発見されたという論文を韓国の研究者が発表したのです（図 1C、図 2）。日本の自生地からは約 1100 km も隔絶した島での発見であったため、韓国発のウラジロヒカゲツツジの分布報告は日本の植物研究者を驚かせました。しかし、韓国で見つかった「ウラジロヒカゲツツジ」の生育環境は海に面した低木林で、海風と直射光に晒される環境でした（図 1F）。内陸のチャートや石灰岩の岩陰に咲く日本のウラジロ

ヒカゲツツジの生育環境とは明らかに異なっていました。また、発見を報じた論文に掲載されていた写真を確認すると、韓国産の「ウラジロヒカゲツツジ」には、日本のウラジロヒカゲツツジには見られない形態的特徴をもつことが窺われました。こうした背景より、韓国で見つかった「ウラジロヒカゲツツジ」と日本のウラジロヒカゲツツジはどのような進化的な関係にあるのか、そしてこれらの植物の分類学上の位置付けは妥当なのかという点について、再検討が必要であると考えられました。



図2. ヒカゲツツジとウラジロヒカゲツツジ（韓国産の未知種であったチョウセンウラジロヒカゲツツジを含む）の地理的分布。

2. 研究手法・成果

本研究では、これまで広い意味でヒカゲツツジにまとめられてきたツツジの多様性と分類を正確に理解するために、日本と韓国の研究者からなる研究グループ（日本側：京都大学・千葉大学・九州大学・島根大学・東北大学附属植物園・大阪公立大学附属植物園・新潟県立植物園、韓国側：成均館大学・昌原大学・忠北大学）を組織し、日本のヒカゲツツジ、日本のウラジロヒカゲツツジ、そして韓国の「ウラジロヒカゲツツジ」の研究試料を収集して、集団ゲノム分析を行いました。分析の結果、日本のウラジロヒカゲツツジと韓国で発見された「ウラジロヒカゲツツジ」は、今から約260万年も前に分かれた、遺伝的にかげ離れた種であることが分かりました（図3）。また、この2種のツツジは進化的な起源も異なり、韓国の「ウラジロヒカゲツツジ」は、日本のウラジロヒカゲツツジよりも、黄色い花を咲かせるヒカゲツツジに近い種であって、ヒカゲツツジに似た祖先から朝鮮半島付近で進化したと推定されました。日本のウラジロヒカゲツツジと韓国で見つかった「ウラジロヒカゲツツジ」は、互いに似た形態（例えば、分厚く、葉の裏側に鱗状の毛が密生するといった特徴）をもっていますが、これは、2つの種が岩場という共通の環境に適応したことにより、別々の地域で収斂進化が起きたことが原因ではないかと考えられます。いっぽうで、本研究において、韓国産の未記載種と日本のウラジロヒカゲツツジの形態を詳細に比較したところ、韓国産の種は日本のウラジロヒカゲツツジよりも、一つの花序につく花の数が多く、葉の微小構造においても差異が見つかりました。こうして、ゲノム分析と形態比較で明らかになった固有の特徴に基づき、韓国産の未記載種を新種・チョウセンヒカゲツツジ（学名：*Rhododendron tyaihyonii* S.Sakag., H.J.Choi & S.C.Kim）と命名しました。

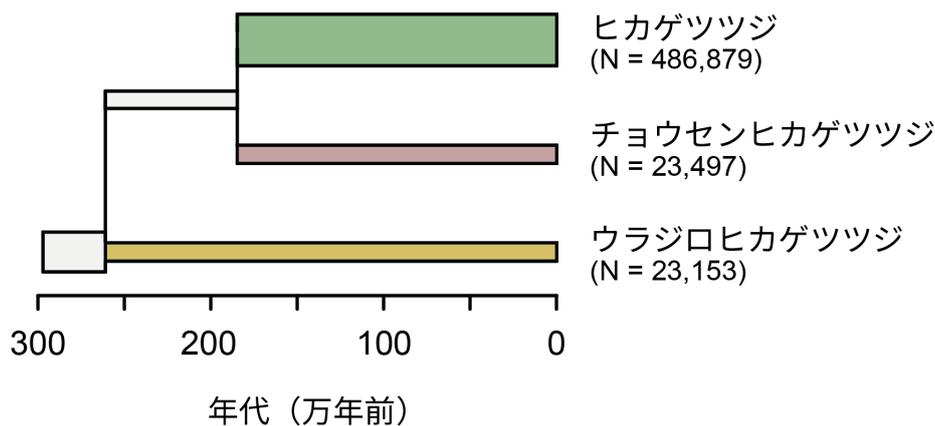


図3. 3種類のツツジの進化的関係を表した系統樹。系統樹の枝の縦幅は、各種の遺伝的な個体数 (N) を表している。横軸は地質年代を示す。

さらに本研究では、日本国内に広く分布するヒカゲツツジと日本産のウラジロヒカゲツツジのゲノム比較も行いました。その結果、同じ山系内で隣り合って分布する場合であっても、両者の間では遺伝的交流が起きていないことが確認されました。これにより、ウラジロヒカゲツツジは、ヒカゲツツジとは生殖的に隔離された独立種であることが証明され、従来の変種という分類学上の扱いを変更し、独立種として新しい学名（学名：*Rhododendron kantoense* S.Sakag. & Y.Watan.）を与えました。

本研究では、日韓の研究者による国際共同研究により、これまで1種と考えられてきたヒカゲツツジが実際には3種の独立種から成ることが初めて明らかになりました。日本と韓国では多くの研究者によって植物調査が行われており、このように目立つ花をつけるツツジの仲間から新種が発見されると思われていませんでしたが、本研究の成果はその予想を覆すものでした。2020年代になるまでチョウセンヒカゲツツジの新種記載を待たねばならなかった理由はいくつかあります。一つは、チョウセンヒカゲツツジの分布が無人島に限られ、生育する個体数も少ないために、その存在が明らかになるまで時間を要したことです。二つ目の理由は、日本のウラジロヒカゲツツジもまた産地の限られる希少種であったため、分類学の基礎となる研究資料（植物標本）が日本国内の限られた研究機関にしか保管されておらず、それが両種の比較調査を行ううえでの障壁となって、別種と判明するまでに10年以上かかったことです。三つ目の理由として、本研究で使用したような高精度なゲノム分析がここ10年ほどで普及したことがあります。近年、生物のDNA配列を解読する技術が急速に発展し、従来の分析方法に比べて膨大な遺伝情報を容易に得られるようになりました。本研究でヒカゲツツジの仲間の遺伝的関係が明らかになり、新種記載の決め手となった背景には、こうしたDNA分析技術の進歩が大きく貢献しています。

3. 波及効果、今後の予定

本研究によって、新たにウラジロヒカゲツツジとチョウセンヒカゲツツジが独立種として認められたことで、両種の分布、個体数、遺伝的多様性、保全単位など、種を保全していくための基礎情報を正確に捉えられるようになりました。これにより、2種の希少ツツジに関する保全戦略の見直しに繋がることが期待されます。いっぽうで、本研究で行ったゲノム分析の結果、絶滅が危惧される日本のウラジロヒカゲツツジと韓国のチョウセンヒカゲツツジは、一般種であるヒカゲツツジの約1/6の遺伝的多様性しか保持していないことも明らかに

なっています。これは、これまでに報告のある世界のツツジの遺伝的多様性の中でも最も低いレベルです。一般的に、生物種の遺伝的多様性は、種が環境に適応して進化するポテンシャルを表しています。今後、絶滅が危惧される2種のツツジを保全していくためには、残された生育地をしっかりと保護し、個体数と遺伝的多様性の維持・回復を図ることが望まれます。

4. 研究プロジェクトについて

本研究は、日本学術振興会・科研費基盤研究 S（課題番号 24H00055）『日本列島の森林生態系の形成過程の解明』の支援を受け遂行されました。

<研究者のコメント>

植物は国境を越えて分布することが多く、ひとつの国で収集された植物の標本や DNA を調べるだけでは種の全体像を見誤る可能性があります。これを避けるためには、関係する国や地域の研究者が情報を交換し合い、協力することが重要です。本研究では、日本と韓国の研究者が、資料収集、ゲノム分析、微細形態の観察、論文執筆のすべてのステップで力を出し合い、未記載のチョウセンヒカゲツツジに名前を与えることができました。

チョウセンヒカゲツツジの学名には「*tyaihyonii*」という語が含まれていますが、これは韓国植物学の父とされる鄭台鉉（Chung tyaihyon）氏（1882-1971）にちなんでいます。鄭氏は、日本統治時代に朝鮮半島に派遣されていた中井猛之進氏や石戸谷勉氏らの日本人研究者と交流を持ち、植物標本を収集することで彼らを支援しました。その後、中井氏は朝鮮半島の植物相をまとめた『フロラ・コレアナ（朝鮮植物誌）』を出版し、多くの朝鮮固有の植物（ウチワノキやチョウセンキレンゲショウマ）を記載しました。実はウチワノキなどの発見は鄭氏によるものとされますが、種の記載の際には、命名者として中井氏の名だけが記され、鄭氏の名は含まれませんでした。本研究におけるチョウセンヒカゲツツジの命名では、朝鮮半島の植物分類学の黎明期に日本人とともに活躍した鄭台鉉氏に光を当て、今後の日韓の植物研究における協力関係が発展することを期待して鄭氏に献名しました。（阪口翔太）

<論文タイトルと著者>

タイトル：Unraveling enigmatic disjunctions: Population genetic analysis points to independent origins of rare rhododendrons in the *Rhododendron keiskei* complex (Ericaceae)（謎めいた隔離分布を解き明かす：集団遺伝学的解析が示すヒカゲツツジ複合体（ツツジ科）に含まれる希少ツツジの独立起源）

著者：**Shota Sakaguchi**, Hee-Joo Choi, Watanabe Yoichi, Daiki Takahashi, Shun K. Hirota, Masayuki Maki, Shoki Murakami, Taichi Harada, Nobuo Kobayashi, Yuji Kurashige, Jun-Ho Song, Hyeok-Jae Choi, Seung-Chul Kim

掲載誌：*Taxon* DOI：10.1002/tax.13288

Genome Analysis Uncovers 'Convergent Evolution'

-Newly Discovered Azalea on a Remote Island Found to Be a Distinct Species-

<Summary>

An international research team led by Assistant Professor Shota Sakaguchi from Kyoto University's Graduate School of Human and Environmental Studies conducted a population genomic analysis of the rare plant *Rhododendron keiskei* var. *hypoglaucum*, which is distributed between Japan (Kanto region) and an uninhabited island in South Korea, over 1,100 km apart. The study revealed that the population on the uninhabited Korean island, previously thought to be the same species as the Japanese population, actually has a distinct evolutionary origin. This unique population has undergone independent evolution for approximately 2.6 million years and was identified as a new species named *Rhododendron tyaihyonii*. Although *R. keiskei* var. *hypoglaucum* in Japan and *R. tyaihyonii* share similar morphological traits, such as leaf shape, they have different origins. This resemblance is hypothesized to be a result of convergent evolution, where both species independently adapted to the harsh, rocky environments of Japan and the Korean Peninsula.

Furthermore, *R. keiskei* var. *hypoglaucum* in Japan has traditionally been classified as a variety of the widespread *R. keiskei* var. *keiskei*. However, population genomic analysis confirmed that there is no genetic exchange between the two varieties, indicating that they are reproductively isolated and should be recognized as separate species. Thus, what was previously considered a single species actually consists of three distinct species.

Genetic diversity within a species reflects its potential to adapt and evolve in response to environmental changes. This study revealed that both *R. tyaihyonii* and *R. keiskei* var. *hypoglaucum* have extremely low genetic diversity, among the lowest recorded in rhododendrons worldwide. With fewer than 500 individuals of each species remaining, they face a high risk of extinction in the near future. To conserve these critically endangered species, it is crucial to protect their remaining habitats and work towards maintaining and restoring their population numbers and genetic diversity.

The findings of this study were published online in the international botanical journal *Taxon* on December 1, 2024.