

## 論文審査結果の要旨

論文提出者氏名：海老原 淳

シダ類は、今日では種数の点でこそ種子植物と比較して少数派である一方で、種子植物には見られない多くの特性を備えた植物群である。本研究では、シダ類の中で特徴的な形態を示す群であるコケシノブ科を材料に用い、大進化レベルから小進化レベルにわたる研究を通して、シダ類の多様化機構の解明を試みたものである。

本研究は6章よりなる。第I章では、コケシノブ科の系統進化を分子系統学的手法で行った。科内の2大系統のうち、コケシノブ属については遺伝的にも形態的にも比較的均一な群であることが判明している一方で、ホラゴケ属に関してはその属内での進化過程は十分明らかにされていなかった。本研究では、科内の形態進化において著しい平行進化が明らかになり、従来の見解とは大幅に異なった科内の単系統群が認識された。第II章では、第I章の成果に基づき、系統解析で得られた単系統群に対応した9属へと再編した分類システムを提案した。第III章では、日本及び周辺地域産ハイホラゴケ群の網状進化の解析を試みた。本研究では、(1)フローサイトメトリーを用いた倍数性解析、(2)核 *GapCp* 領域による両親の系統の解析、(3)葉緑体 *rbcL* 遺伝子を用いた母方系統の解析の3種の解析を組み合わせて行なうことによって、きわめて効率的に種複合体の実体を解明することを可能にした。解析の結果、日本産のハイホラゴケ群は、*Hydrocotyle*、*Hydrocotyle* と名づけた3系統のゲノムに対応する少なくとも3種の生物学的種を基に、交雑と倍数化を経た、いわゆる網状進化によって形成された雑種複合体であることが強く示唆された。これにより連続的な形態変異について矛盾の無い説明が可能になった。第IV章では、第III章の成果に基づき、日本産ハイホラゴケ群の分類再編を行った。本研究で明らかにされた生物学的実体は、既存分類とは大幅にかけ離れたものであった。そこで各ゲノム構成に対して適切な学名を与えることで実体を記述する試みを行い、8種4雑種、合計12分類群を認める新システムを提案した。第V章では、日本産ハイホラゴケ群の孢子体集団の遺伝的多様性の説明のため、独立配偶体による雑種形成について仮説の検証を行った。網状進化の過程が明らかにされた日本産ハイホラゴケ群で、有性生殖型の生育しない地点から雑種が見出される例が多いが、第IV章の解析結果から、雑種優占現象の成立背景として何らかの未知の現象が関与する可能性が示唆された。その現象の説明のため「独立配偶体からの配偶子供給による雑種形成」を提唱した。この仮説を検証するため、配偶体集団で、孢子体と同様の遺伝子マーカーを用いた遺伝的多様性の解析を行ない、独立配偶体の存在を確認した。独立配偶体は、雑種孢子体集団が維持される機構の一部を説明するものであり、新仮説を支持する有力な状況証拠である。第VI章では、地球規模でのハイホラゴケ属の種分化の解析を試みた。ハイホラゴケ群を含むハイホラゴケ属では、日本で見出されたものと同様な複雑な種の実体が、日本産以外の植物にも存在することが予想された。世界各地の材料を解析した結果、本属の多くの材料において大きく異なる複数の配列が1個体内に存在することが判明し、地球規模でも、多くの交雑/倍数化と長距離分散を伴った単純でない歴史を持っている可能性が示唆された。総合考察では上記の結果から得られた知見を統合して、シダ類における多様性獲得機構について総合的な考察を行っている。シダ類は、孢子体と配偶体のそれぞれが、独立に生育可能である点でユニークな存在である。本研究では、分布域が全くオーバーラップしない2種間において、配偶体を介した雑種形成が行なわれるという現象の存在が示唆され、シダ類の種形成様式と深く関与していることが示唆された。

以上のように本研究は、これまで十分に理解されていなかったシダ類の種分化をはじめとする多様性獲得機構について解明したものであり、シダ類における重要なモデル研究と位置づけられ、植物分類学・進化学に対する大きな学術的貢献が認められる。したがって、本審査委員会は博士(学術)の学位を授与するにふさわしいものと認定する。