

【短報】

シロミノハリイ（カヤツリグサ科）の新染色体数

矢野興一^{1,*}・首藤光太郎²

(¹岡山理科大学生物地球学部 〒700-0005 岡山県岡山市北区理大町 1-1;

²北海道大学総合博物館 〒060-0810 北海道札幌市北区北 10 条西 8 丁目)

Okihito YANO^{1,*} and Kohtaroh SHUTOH²: A new chromosome number for *Eleocharis margaritacea* (Cyperaceae)

(¹Faculty of Biosphere-Geosphere Science, Okayama University of Science, Ridai-cho 1-1, Kita-ku, Okayama-shi, Okayama 700-0005, JAPAN; ²The Hokkaido University Museum, Hokkaido University, Kita 10 Nishi 8, Kita-ku, Sapporo, Hokkaido 060-0810, JAPAN)

*Corresponding author: oki.yano@gmail.com

(2025 年 11 月 25 日 受理)

Abstract:

Chromosome number of *Eleocharis margaritacea* (Hultén) Miyabe et Kudô collected from Hokkaido in Japan is presented. Our finding exhibited new chromosome number, $2n=18$, for *E. margaritacea*. The $2n=18$ plant had 2 large chromosomes and 16 small chromosomes. Previously, the chromosome number of the species was only reported as $2n=20$ with all small chromosomes using materials from Iwate Prefecture, Honshu, Japan. The size of chromosomes differ among aneuploids, suggesting that the aneuploidy in *E. margaritacea* might have arisen by either chromosome fusion or fragmentation.

はじめに

カヤツリグサ科ハリイ属シロミノハリイ *Eleocharis margaritacea* (Hultén) Miyabe et Kudô は、北海道、岩手県、千島列島、カムチャツカ半島の湿地に生育する多年生草本である（星野ほか 2011）。分布が限られることから、環境省第 5 次レッドデータブック（環境省 2025）では絶滅危惧 II 類にされている。

カヤツリグサ科植物は地域間や地域内、集団内あるいは種内でも染色体変異が著しいことが知られている（Roalson 2008, 矢野 2018）。これまでにシロミノハリイの染色体数は Yano et al. (2004) によって岩手県産のものを用いて $2n=20$ が報告されているが、他の産地からの染色体数の報告は知られていない。カヤツリグサ科植物の地域間や地域内、集団内あるいは種内での染色体変異をさらに明らかにするためには、より多くの地域から採集した個体を用いて染色体データを蓄積することが重要である。そこで、著者らは北海道から採取したシロミノハリイの染色体を観察し、新たな染色体数を算定したので報告する。

材料と方法

材料は、北海道野付郡別海町本別海の茨散沼（ばらさんとう）湿原で採取されたシロ

ミノハリイを用いた。採集地の形成史や植物相については、富士田ほか (2025) に詳しい。染色体解析には、主に Yano et al. (2004, 2010) の方法に従い、フォイルゲン-アセトオルセイン二重染色法を用いて体細胞分裂中期染色体像を観察した。証拠標本は岡山理科大学植物標本庫 (OKAY) に保管されている。

結果および考察

北海道産のシロミノハリイの染色体数は $2n=18$ であり、2 本の大型染色体 (L: 長さ $3.3\ \mu\text{m}$ から $5.0\ \mu\text{m}$) と 16 本の小型の染色体 (S: 長さ $1.3\ \mu\text{m}$ から $2.4\ \mu\text{m}$) から構成されていた (Fig. 1)。これまでに、シロミノハリイの染色体数は、岩手県滝沢市産のものを用いて $2n=20$ であったこと、すべて小型の染色体から構成されていたことが報告されている (Yano et al. 2004)。今回観察した北海道のものは、2 例目の染色体数の報告であり、岩手県産のものと異なっており、シロミノハリイに染色体の種内異数性があることが明らかになった。

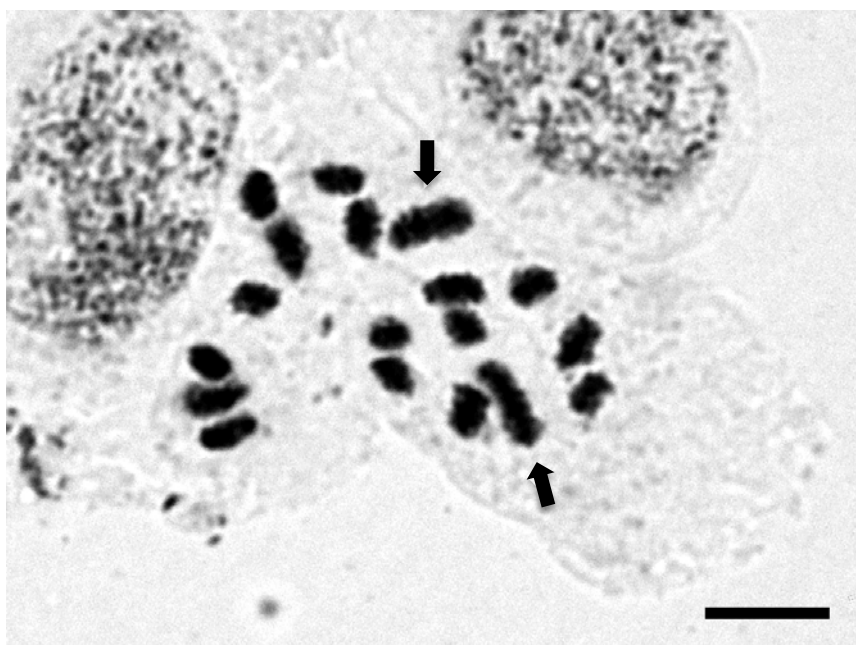


Fig.1. Photomicrograph of somatic metaphase chromosomes, $2n=18=2L+16S$, in *Eleocharis margaritacea*. Arrows indicate large chromosomes. Bar= $5\ \mu\text{m}$.

ハリイ属では、ヌマハリイ *E. mamillata* H.Lindb. ($2n=16=4L+12S$) やクロハリイ *E. kamtschatica* Kom. ($2n=41=10L+31S$, $2n=42=8L+34S$, $2n=43=8L+35S$, $2n=44=10L+34S$, $2n=45=11L+34S$, $2n=46=12L+34S$, $2n=47=10L+37S$) が大型と小型の染色体をもつことが知られており、これらの染色体変異は染色体の構造変異 (切断や融合) によるものと考えられている (Yano et al. 2004, Yano & Hoshino 2006)。シロミノハリイにおける染色体の 2 型は今回初めて観察されたものであり、 $2n=18 (2L+16S)$ と $2n=20 (20S)$ において染色体の構造が異なることから、ヌマハリイ同様に染色体の切断 (大型の 2 本が切断して小型の 4 本へ) あるいは融合 (小型の 4 本が融合して大型の 2 本へ) による染色体変異であると考えられる。今後、染色体の構造変異をより詳細に明らかにするためには DNA 解析をして進化の方向性を決定することや、染色体上に遺伝子をマッピングする必要がある。また、

シロミノハリイの種内異数性が地理的変異かどうかを明らかにするためには、本種の分布域を網羅するようなサンプリングを行い、より多くの染色体データを蓄積する必要がある。

証拠標本

北海道. 野付郡別海町本別海 茨散沼湿原 (O. Yano & K. Shutoh no. 25063020, 30 June 2025, OKAY).

謝辞

本研究を遂行するにあたり、戸田博史氏（別海町郷土資料館）に調査許可の取得にあたりお世話になりました。御礼申し上げます。本研究の一部は、JSPS 科研費（22K05697, 研究代表者 矢野興一）および（独）環境再生保全機構の環境研究総合推進費（4-2303：研究代表 仲岡雅裕）を受け実施した。

参考文献

- 富士田裕子・近藤玲介・加藤ゆき恵・金子和広・石川弘晃・首藤光太郎・井上 京 2025. 北海道東部茨散沼湿原および兼金沼湿原の植物相・植生・形成史の研究. 自然保護助成基金助成成果報告書 **34**: 36–50.
- 星野卓二・正木智美・西本真理子 2011. 日本カヤツリグサ科植物図譜. 778 pp. 平凡社, 東京.
- 環境省（編）2025. 第5次レッドデータブック：絶滅のおそれのある日本の野生生物 維管束植物. 6352 pp. 環境省, 東京.
- Roalson, E. H. 2008. A synopsis of chromosome number variation in the Cyperaceae. *Bot. Rev.* **74**: 209–393.
- 矢野興一 2018. カヤツリグサ科植物の系統分類学的研究. *植物地理・分類研究* **66**: 13–20.
- Yano, O. and Hoshino, T. 2006. Cytological studies of aneuploids in *Eleocharis kamtschatica* (Cyperaceae). *Cytologia* **71**: 141–147.
- Yano, O., Ikeda, H. and Hoshino, T. 2010. Phylogeography of Japanese common sedge, *Carex conica* complex (Cyperaceae), based on chloroplast DNA sequence data, and chromosomal variation. *Amer. J. Bot.* **97**: 1365–1376.
- Yano, O., Katsuyama, T., Tsubota, H. and Hoshino, T. 2004. Molecular phylogeny of Japanese *Eleocharis* (Cyperaceae) based on ITS sequence data, and chromosomal evolution. *J. Plant Res.* **117**: 409–419.