



PRESS RELEASE

令和 8 年 5 月 25 日

世界中に分布拡大した雑草・ヒメムカシヨモギの集団ゲノム解析から 明らかとなった地域適応と近年の個体群動態

発表概要

福井県立大学生物資源学部 角田智詞准教授、北海道大学北方生物圏フィールド科学センター森林圏ステーション中川研究林 鈴木智之准教授が参画するドイツ統合生物多様性研究センターを中心とした国際共同研究チームは、北米原産ながら、現在は北半球の幅広い環境に定着成功した雑草・ヒメムカシヨモギの遺伝的多様性と構造の地球規模のパターンを、大規模な集団ゲノム解析*1 から明らかにしました。図 1 のとおり北半球を網羅するように、原産地域と侵入地域から合計 280 のヒメムカシヨモギ個体群の遺伝的多様性と構造を評価した結果、ヒメムカシヨモギの侵入動態は、複数回の導入と個体群間の交雑、および系統選別によって駆動されていたことが示唆される一方、一部の遺伝子型がヒメムカシヨモギの世界的な拡散に不釣り合いに大きく寄与していたことが明らかとなりました。この論文は、2026 年 5 月 20 日に国際学術誌「Molecular Ecology」にオンライン掲載されました。



図 1. 本研究で用いたヒメムカシヨモギ個体群のサンプリング地点。青色が原産地域のサンプリング地点、赤色が侵入地域のサンプリング地点を示している。

論文情報

論文名 : Population genomics of a cosmopolitan weed provides insights into its local adaptation and recent demographic history

著者 : Lucas, M.S., Rosche, C., Hensen, I., Michalski, S.G., Nagy, D.U., Gamba, D., Onstein, R.E., Abidkulova, K., Al-Ghareibeh, M., Al-Namazi, A.A., Babaei, S., Bastida, F., Brunharo, C., Caillon, A., Callaway, R.M., Clair, S.S., Cullen, D.A., Donnelly, R., Ennis, A., Ensing, D.J., Eren, Ö., Erst, A.,

Filep, R., Flory, L., Frazee, L.J., Gafforov, Y., Gendron, F., Gudžinskas, Z., Guilliams, C.M., Hajdari, A., Hao, J.-H., Haramoto, E., Ivashchenko, A.A., Jun, L., Kane, N., Kaproth, M.A., Kassem, H., Khabbach, A., Khasa, D.P., Koski, M., Kozhevnikova, M., Krigas, N., Krivenko, D., Lasky, J.R., Lekberg, Y., Libiad, M., Lozano, V., Luo, W., Makhkamov, T., Marchante, E., Moffat, C., Moore, A., Muldashev, A., Nersesyan, A., Olsson, P.A., Oprea, A., Pal, R., Papikyan, A., Proctor, C., Prokhorov, V., Ramula, S., Rauschert, E., Reatini, B., Rixen, C., Rush, S., Rutten, G., Saadani, M., Samartza, I., Selke, J., Senator, S., Shah, M.A., Sheng, M., Sheriff, J., Shukherdorj, B., Sikkema, P., Silaeva, T., Suzuki, S.N., Thoma, A.E., Tian, B., Tokhtar, V., Träger, S., Tsunoda, T., Turginov, O., Turner, K.G., Vakhlamova, T., Vinogradova, Y., Wagner, V., Westberg, L., Xiao, S., Barratt, C.D., Durka, W.

雑誌：Molecular Ecology

DOI：10.1111/mec.70368

オンライン公開日：2026年5月20日

研究背景

外来生物がもたらす問題は、生態学的および経済的な課題としてますます深刻化しており、2017年の1年間の経済的コストは、全世界で1627億米ドル（1ドル159円とすると、25.9兆円）かかったと試算されています。対策を考える上で、一次生産者である外来植物種が定着成功できたメカニズムに関する知見が必須です。多くの外来植物種は、複雑な個体群動態や進化的プロセスを通じて、新たな環境に急速に適応することが指摘されてきました。しかし、これらを指摘するために外来植物種の遺伝的多様性や構造を評価した先行研究のほとんどは、地理的に限定された範囲の評価にとどまったり、少数の分子マーカーに基づいた評価に依存したりしてきた問題がありました。サンプリングやDNA分析の技術的な制約は、大規模なゲノムパターンの推定や原産地域の特定、分布域をこえた遺伝子流動の主要因の解明を妨げてきました。本研究チームはこれらの制約を克服するため、原産地域および侵入地域の両分布域において、空間的・環境的勾配を極めて広範に網羅し比較できるように、ヒメムカシヨモギをサンプリングしました。そして、ダブルダイジェスト制限酵素サイト関連DNAシーケンシング（ddRADseq）法^{*2}を用いて、北半球に分布する280の個体群の遺伝子型を解析しました。

研究成果

原産地域と侵入地域の個体群は、同程度の遺伝的多様性を維持していることが判明しました。個体群構造の解析から、世界に分布するヒメムカシヨモギは、主に緯度および乾燥度の勾配に沿って分化した4つの遺伝的クラスターに分けられることが明らかとなりました（図2）。しかし、そのうちオレンジ色で示されたクラスターは、ヨーロッパから中央アジアを中心とした侵入地域において、原産地域と比較して著しく過剰に存在していました。原

産地域では、遺伝的分化は空間的および環境的な勾配により形成されていましたが、侵入地域では、環境要因に起因する遺伝的構造が乱されており、人間による拡散と導入が繰り返し生じたと考えられました (図 3)。

日本国内の個体群に着目すると、北海道の個体群と本州の個体群では、異なる遺伝的クラスターに分けられました。北海道の個体群は、原産地域では北米のプレーリーを中心に分布する比較的冷涼な地域由来の個体群と推定されました。一方、本州の個体群は、原産地域では五大湖周辺や米国南東部を中心に分布するより温暖な地域由来の個体群と推定されました。ただ、北海道と本州の個体群双方でも、侵入地域において著しく過剰に存在する遺伝的クラスターがみられ、日本国内においても、人間による拡散と導入が繰り返し生じたと解釈するのが妥当と考えられます。

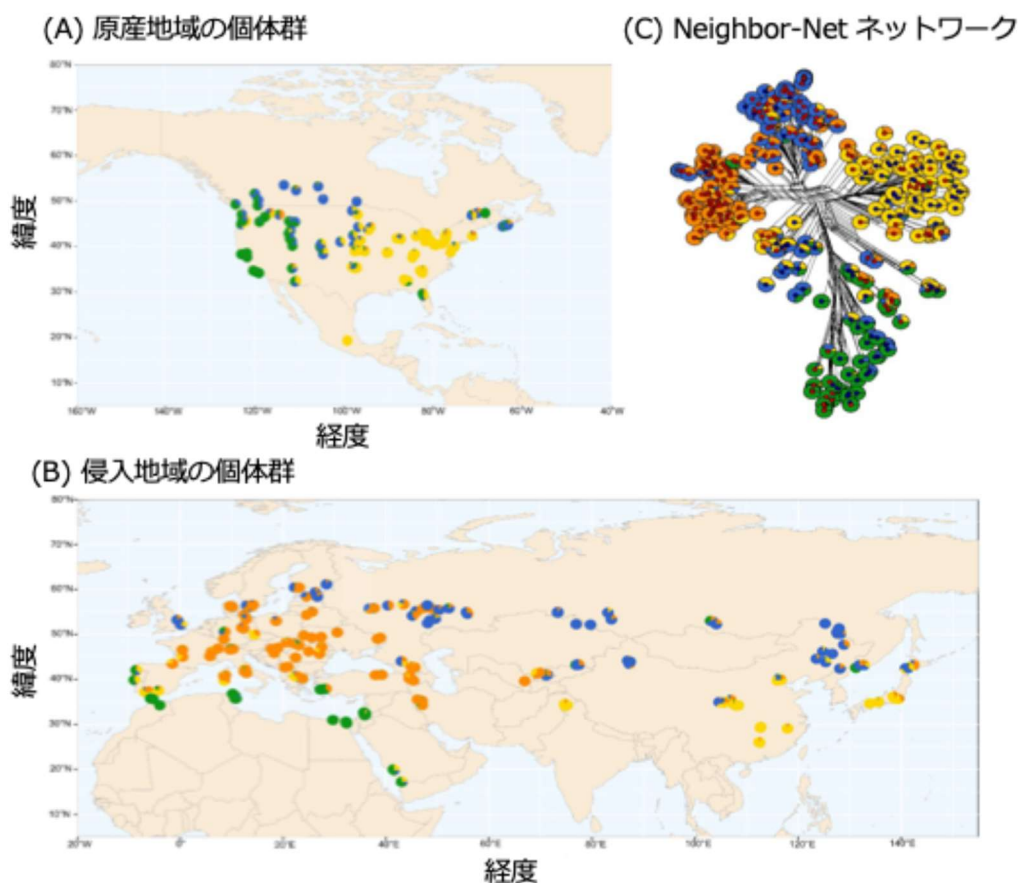


図 2. (A) 原産地域の個体群および (B) 侵入地域の個体群のヒメムカシヨモギの地理的分布。各円グラフは、4つの色分けされた遺伝的クラスターの割合を表している。(C) Nei の距離に基づくヒメムカシヨモギの Neighbor-Net ネットワーク (個体間の遺伝的距離をもとに、系統関係をネットワークで示したもの)。頂点は個体群を表し、辺の長さは遺伝的距離を示す。内側の点の色は分布域の所属 (原産地域は青、侵入地域は赤) を示し、外側のリングの円グラフは4つの遺伝的クラスターの割合を表す。

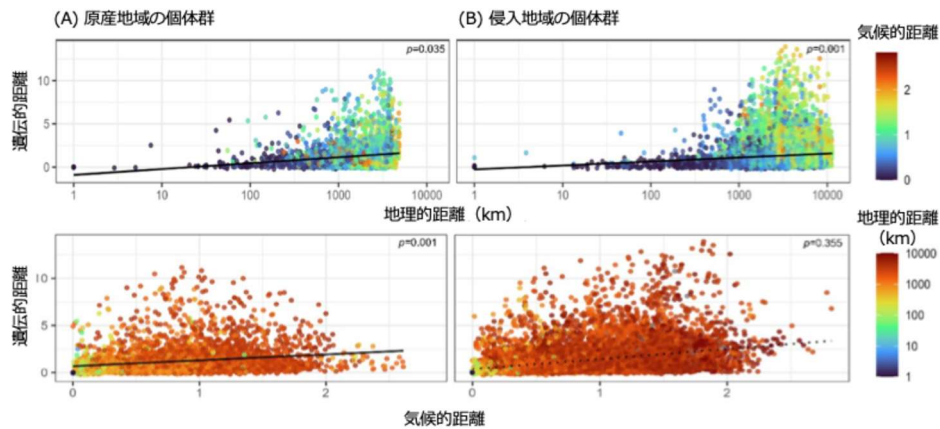


図 3. 地理的距離による隔離および環境（気象条件）による隔離：原産地域（A）および侵入地域（B）のそれぞれの分布域において、遺伝的距離（ $F_{ST} / (1 - F_{ST})$ ）と地理的距離および気候的距離との相関関係。気候的距離が近いもの同士は、同じような気候に生息している個体群を示している。上段は、地理的距離（km、対数スケール）と遺伝的距離との関係を示しており、色のグラデーションは気候的距離を表している。下段は、気候的距離と遺伝的距離の関係を示しており、色のグラデーションは地理的距離（km、対数スケール）を表している。各プロット内の黒線は、回帰直線を示している。

移動ネットワーク解析^{*3}からは、原産地である北米大陸と他の地域間の連結性は限定的であり、分布域内での拡大には比較的長距離な拡散が関与している可能性が示されました（図 4）。ゲノムオフセット^{*4}と成長・繁殖の関係性を解析すると、侵入地域の個体群における遺伝子型と環境の間に不一致があり、これが成長および繁殖の低下と関連していると考えられました（図 5）。



図 4. 1 世代あたりの実効移住者数が 0.5 を超える、原産地域（1. 米国南西部；2. 太平洋岸；3. 米国内陸山間部；4. 米国中部；5. 北米のプレーリー；6. 五大湖周辺；7. 米国南東部；8. 北米東海岸）と侵入地域（9. 西地中海；10. 西ヨーロッパ；11. 中央ヨーロッパ；12. バルト海沿岸のヨーロッパ；13. 東地中海；14. アルメニア・イラン；15. 中央アジア；16. 東ヨーロッパ；17. シベリア；18. 極東アジア（日本を含む）；19. 中国）間の移動強度を示す相対移動ネットワーク図。円の位置は各地域の重心に対応している。矢印の色は移動の強さを示しており、濃い紫色は強度が高いことを、緑色は中程度の強度を表している。

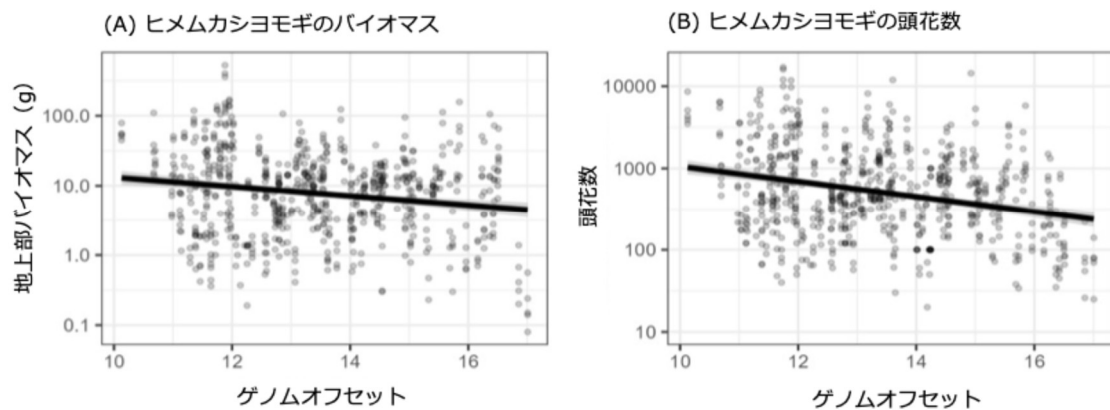


図 5. 侵入地域におけるヒメムカシヨモギのゲノムオフセットと、(A) 地上部バイオマス、(B) 頭花数の関係。ゲノムオフセットの値が大きいほど、その侵入地域の環境に適応するための遺伝的組成とその個体が現在持っている遺伝的組成とのミスマッチが大きい。ミスマッチが大きいほど、地上部バイオマスは小さく、頭花数も少なかった。

今後の展開

以上の結果を総合すると、ヒメムカシヨモギの侵入動態は、複数回の導入と個体群間の交雑、および系統選別により駆動されてきたことが示唆される一方、一部の遺伝子型がこの侵入種の拡散に不釣り合いに大きく寄与していることが明らかとなりました。明らかな不適応の存在は、多くの侵入地域で侵入から 100 年以上が経過したヒメムカシヨモギであっても、新たな環境への適応を進化させ続けている可能性を示唆しており、将来的に更なる拡大に寄与することが懸念されます。本研究の知見を外来生物の防除に当てはめて考えるなら、外来生物を繰り返し侵入させると、似た環境にすでに適応している遺伝子型が侵入する確率が高まると考えられます。また、外来生物が一度侵入すると、その環境にさらに適応するために進化し続ける可能性が一般に高いです。このため、外来生物を元々の分布域外に侵入させないことが、何よりも大切だと言えます。今後は、本研究で得られた遺伝的な背景を踏まえた上で、ヒメムカシヨモギが他の植物に及ぼす影響や、原産地域と侵入地域の振る舞いの違いを明らかにする予定です。

用語解説

*1 集団ゲノム解析：集団ゲノム解析（集団ゲノミクス）は、数十から数千におよぶ個体の全ゲノムデータを解析し、生物の進化や環境適応、遺伝的背景を明らかにする研究手法。

*2 ダブルダイジェスト制限酵素サイト関連 DNA シーケンシング（ddRADseq）法：制限酵素を 2 種類用いてゲノムを切断し、両端が別々の制限酵素で切断された断片のみを次世代シーケンサーで解析する手法。多数の個体から高精度に一塩基多型（DNA 配列の一つの塩

基だけが別の塩基に置換していること。集団内で1%以上の頻度で見られる場合をいい、1%未満は突然変異と呼ばれる)を検出でき、集団遺伝解析や系統解析に利用される。

*3 移動ネットワーク解析：生物個体群の移動や遺伝子流動を可視化し、生息地間の連結性や個体群の動態を分析するための解析。

*4 ゲノムオフセット：ゲノムオフセット (Genomic Offset) は、生物が現在持っている遺伝的組成と、ある環境に適応するために必要な遺伝的組成との間のズレ (ミスマッチ) を定量的に評価した指標。

問い合わせ先

福井県立大学 地域共創部 共創・研究支援課

Tel: 0776-61-6000 E-mail: kenkyu@g.fpu.ac.jp

北海道大学 社会共創部 広報課

Tel: 011-706-2610 E-mail: jp-press@general.hokudai.ac.jp