

I 講演会記録

植物の遺伝的多様性と植物保護

酪農学園大学 我妻 尚広

少生物多様性条約において生物多様性とはすべての生物の変異性を示すものとし、生態系の多様性、生物種の多様性および種内の遺伝的多様性を含むと定義されています。生物多様性は人間生存の基盤であり、現存する生物多様性の保全に加えて、失われた自然の再生を積極的に推進する必要があります。現存する生物多様性の保全には、各個体群の個体数や生育・繁殖状況、内包する遺伝的多様性の変化などを調査し、それらを絶滅させないように保全管理を行うことが必要です。また、失われた自然を再生するには、近隣地域の生物多様性を調査し、それらから類推される生物多様性を持った自然の再生を心掛けなければなりません。これだけでもかなり難しいものと考えられます。さらに、自然の再生に際して種内の遺伝的多様性に対する配慮を欠くと、周辺地域の個体群に遺伝子攪乱を招きかねません。つまり、一度失われた自然を再生するということは、難易度が高く、周辺地域への影響も覚悟しなければなりません。まずは失う前に上手に保全することが重要です。さらに、保全が必要となる前から、生物多様性に関する情報を

集積することが非常に重要であることに気づきます。生態系や生物種の多様性に関する情報は自然公園などを中心に多く見られますが、概念的にも新しい種内の遺伝的多様性に関する情報は絶滅危惧種で試行されている程度です。さらに、遺伝的多様性を評価する方法が確立していないため、各研究者が独自の方法で調査し、個々の研究成果を比較するのが難しいこともあります。これらの現状を踏まえ、本講演では演者らが行った調査事例をあげながら、植物の遺伝的多様性と植物保護のあり方を考えてみたいと思います。

まず、先行研究をもとに調査する遺伝子領域を決め、基礎的知見を集積することを目的に行なった事例です。北海道のレッドデータブックに希少種として記載されているオオサクラソウの2変種に関する報告です。サクラソウ属に関しては鷲谷氏らを中心にいくつかの報告例があります。本報告では、北海道で採取したオオサクラソウの2変種の葉緑体ゲノム trnH-psbA の遺伝子間領域と trnL intron 領域の塩基配列を調査し、野生集団が保有する遺伝的多様性とその地理的分布の把握を試みました。

その結果、オオサクラソウは一つのハプロタイプであったのに対し、エゾオオサクラソウには五つのハプロタイプが見られました(図1)。特に、エゾオオサクラソウで見られた五つのハプロタイプの出現頻度には、採取した集団と地域間に違いが認められました。すなわち、北空知で採取したエゾオオサクラソウにはハプロタイプC、D、Eが1:1:1の割合で混在する集団と、ハプロタイプC、Dが3:1の割合で混在する集団と、すべての個体がハプロタイプCの集団が、それぞれ1集団ずつありました。日高で採取したオオサクラソウはすべてハプロタイプFでした。また、釧路で採取したエゾオオサクラソウはハプロタイプAが4集団、ハプロタイプAとハプロタイプBが1:2の割合で混在する集団と1:3の割合で混在する集団がそれぞれ1集団ずつありました。根室ではすべての個体がハプロタイプAでした。また、本報告で明らかにした六つのハプロタイプを近隣結合法により分子系統樹を作成しました。その結果、はじめに、ハプロタイプA、B、C、D、EのグループからハプロタイプFが分化し、次にハプロタイプDとハプロタイプA、B、C、Eの分化が起こり、その後、ハプロタイプAからハプロタイプBが分化し、さらにハプロタイプAからハプロタイプC、Eが分化したものと考えられました。これらの結果は先行研究を比較する

ことで多くの知見を得るとともに、情報集積の大切さを示唆していました。

次の事例はエゾシカの食害で減少しつつある霧多布湿原のゼンテイカに関して、復元の観点から遺伝的多様性に関する基礎的知見を得るために行ったもので、参考となる先行研究は演者の知る限り見られませんでした。本報告では爾志郡乙部町と厚岸郡浜中町霧多布湿原、霧多布岬に分布するゼンテイカの葉緑体ゲノム trn H - psb A 領域と trn L (UAA) intron 領域の塩基配列を決定し、遺伝変異の有無を調べました。

その結果、葉緑体ゲノム trn H - psb A 領域の塩基配列、624 塩基 (AB716413) を決定しましたが、この領域から多型は検出できませんでした。一方、trn L (UAA) intron 領域の塩基配列、594 塩基を決定しました。この trn L (UAA) intron 領域では、4 箇所が多型が検出でき、その塩基配列から6つのハプロタイプ(A~F)の存在が確認されました(AB727660 - AB727665)。これらの地理的な分布は乙部町で採取した9個体のハプロタイプ割合はA:C:D:E:Fが3:1:3:1:1となりました(図2)。浜中町霧多布湿原では、採取した14個体のハプロタイプ割合は、A:Bが13:1となりました。浜中町霧多布岬では、採取した14個体のハプロタイプ割合は、A:B:Dが12:1:1となりました。ハプロタイプAはいずれ

の調査地でも確認できましたが、ハプロタイプ B は浜中町でしか確認できませんでした。また、ハプロタイプ D は霧多布岬と乙部町で確認できました。一方、ハプロタイプ C、E、F は乙部町でしか確認できず、地域間で出現するハプロタイプやその出現割合に差が生じていることが分かりました。さらに、乙部町のゼンテイカは浜中町に比べ、遺伝変異に富んでいることが明らかになりました。これらの結果は、霧多布湿原と霧多布岬のように非常に近い場所であってもゼンテイカに遺伝変異があることから、保全や再生のためでも地域間での個体移動は、慎重に検討を行うべきであることが示唆されました。

二つの事例から、外見上では大きな違いが見られなくても、種内の遺伝的多様性やそれらの地理的分布には差異が見られ、種子や個体の移動は遺伝子攪乱を引き起こす可能性の高いことが分かりました。しかし、霧多布湿原と霧多布岬の個体群の遺伝的類似性は 97 % で、霧多布湿原と乙部町の個体群の遺伝的類似性は 33 % であることから、乙部町に比べ、霧多布岬から種子や個体の移動を行った方が遺伝子攪乱を引き起こす可能性が低いことが伺われました。

今後、自然の再生を行う場合、どの程度までの遺伝子攪乱まで許容できるのかという議論が必要となるとともに種内の遺伝的多様性の評価に関する方法の確立が急務であ

ると思っています。また、一定地域内の遺伝的多様性の評価方法の模索が必要であり、この分野の研究の充実が植物保護の現状に一石を投ずるものと考えています。

なお、本研究の一部は平成 20、21、23 年度、霧多布湿原学術研究助成をうけて実施いたしました。この場を借りて、お礼申し上げます。