

遺伝的多様性から見た

絶滅危惧植物タコノアシの保全に関する研究

13118604 安久 裕介

1. はじめに

タコノアシ (*Penthorum chinense Pursh*) は、環境庁レッドリスト絶滅危惧Ⅱ類に掲載されている植物で、このカテゴリーに属している種は生態系を代表する種が多く、他の生物を保全するための指標種である。(図-1)

この植物の生育環境は、攪乱によって新たに形成されたオープンな湿地である。しかし、今日、多くの河川において、ダムや堰が作られ、攪乱の起こりにくいため、様々な生物が絶滅の危機に瀕している。そのような中、現在では、多自然型川づくりを行おうとする動きが盛んになっている。

これまで、タコノアシ個体群の復元や保全を目指した研究が行われ、回復のためには、埋蔵種子を用いることで可能となることが示されてきた。しかし、その遺伝的な多様性には着目されていなかった。種が継続的に生存していくためには、遺伝子の多様性が重要である事が指摘されてきている。

そこで本研究では、特に遺伝的多様性に着目し、河道掘削工事により出現した絶滅危惧植物タコノアシのアイソザイム分析をおこない、それより得られる酵素多型を用いて、集団ごとの遺伝的多様性、集団全体・集団内での遺伝子多様度、遺伝的分化の度合い、および、集団での遺伝的距離を求めることにより、タコノアシの遺伝的分化様式を明らかにすることを目的とした。

2. 材料と方法

本研究では、平成12年度～平成15年度に国土交通省が行った揖斐川中流部の河道環境の整備工事によって攪乱された立地に形成されたタコノアシ群落および野生群落から、それぞれ30個体ずつ採集した (P12, P13U, P13L, P13UR, P13LR, P14U, P14L, Wildness)。採集した個体は、それぞれ葉を1枚ずつ抽出し、電気泳動解析をおこなった。泳動終了後、17酵素種の染色を行い、それぞれについて遺伝子型を決定し、それを用いて集団遺伝的解析を行った。



図-1 ユキノシタ科タコノアシ (*Penthorum chinense Pursh*)

3. 結果と考察

タコノアシ各群落の P, A, H_I, H_S, H_T を表 1 に、タコノアシ各集団の $F_{IS}, F_{ST}, F_{IT}, G_{ST}$ を表 2 に示す。

近交係数 F は同じ遺伝子頻度を持った任意交配集団と比較した、ヘテロ接合体頻度の減少を表し、タコノアシ群落での値の平均は 0.200 となった。これにより、河道掘削工事により出現したタコノアシ群落は、部分集団で他殖に偏っているということが示唆された。また、自殖率も低く最高で 0.088 となり、 F 値と一致した。

固定指数 F_{ST} は 0.064~0.525、平均で 0.271 となり、非常に高度な分化が起こっているということが示された。つまり、出現したタコノアシ群落は、別の年代に蓄積された全く違う個体群であることが示唆された。これらの個体群は互いに近接しており、このような距離でこれほどの分化が観察されることはない。

また、遺伝距離 D 値は 0.010~0.108 と、非常に大きな値を得た。さらに、遺伝距離 D から系統樹を作成した。(図-2) この結果、掘削工事によって復元したタコノアシ群落は、それぞれが全く異なった由来であるということがわかった。

4. 今後の展開

河道掘削工事により形成された埋土種子由来のタコノアシ群落において、遺伝的多様性に富んでいることが示された。つまり、定期的に掘削工事を行い、タコノアシ群落を復元することは、タコノアシの遺伝的にも個体数的にも効果的な保全の方法であるということが示された。また、タコノアシの埋蔵種子集団は明治 48 年の工事以降にわたって蓄積された土砂から成立している。しかし、掘削の

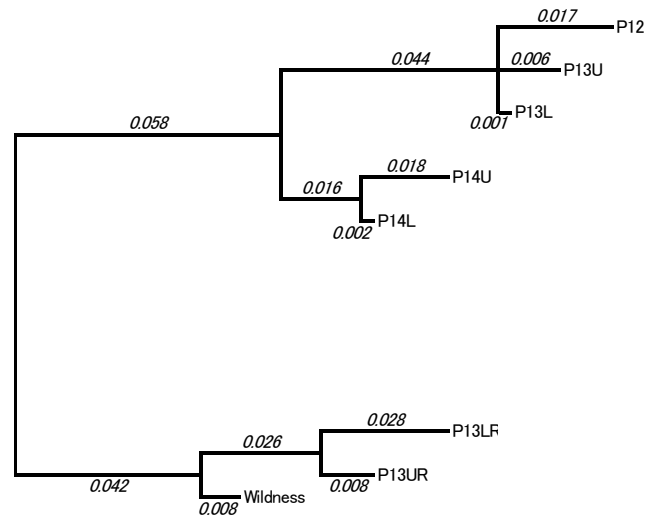


図-2 タコノアシ遺伝的距離 (NJ 法)

| 個体群 | P | A | H_I | H_S | H_T |
|-------|-------|-------|-------|-------|-------|
| P12 | 0.538 | 2.385 | 0.220 | 0.210 | 0.487 |
| P13U | 0.769 | 2.385 | 0.272 | 0.286 | |
| P13L | 0.923 | 2.615 | 0.282 | 0.286 | |
| P14U | 0.769 | 2.846 | 0.216 | 0.343 | |
| P14L | 0.692 | 2.538 | 0.233 | 0.334 | |
| P13UR | 0.692 | 2.154 | 0.224 | 0.383 | |
| P13LR | 0.846 | 2.385 | 0.328 | 0.413 | |
| 平均 | 0.747 | 2.473 | 0.253 | 0.322 | |

表 1. タコノアシ各群落の P, A, H_I, H_S, H_T

| 個体群 | F_{IS} | F_{IT} | F_{ST} | G_{ST} |
|-------|----------|----------|----------|----------|
| P12 | -0.538 | 0.569 | 0.547 | 0.339 |
| P13U | 0.049 | 0.413 | 0.441 | |
| P13L | 0.014 | 0.413 | 0.421 | |
| P14U | 0.371 | 0.296 | 0.557 | |
| P14L | 0.302 | 0.315 | 0.522 | |
| P13UR | 0.414 | 0.214 | 0.539 | |
| P13LR | 0.207 | 0.151 | 0.327 | |
| 平均 | 0.747 | 0.339 | 0.479 | |

表 2. タコノアシ各集団の $F_{IS}, F_{ST}, F_{IT}, G_{ST}$

方法によって、掘り出される埋土種子が異なり、全く違う集団という結果が出た。位置や深さによって遺伝的に全く異なっているため、掘削工事の際、これらの土壌の性質を考慮することが必要である。今後は、タコノアシを長期的に保全していくために、定期的な攪乱が必要である。本研究で、掘削工事により復元したタコノアシ群落は、遺伝的流動が低く、分集団化が進んでいるということがわかった。

指導教官 増田理子 助教授