

1. はじめに

沖縄の海域は、一般的にはサンゴ礁などが生物多様性の高い地域として有名であるが、沖縄の海域にある生物多様性は海草藻場によっても維持されていることがわかっている。

研究が進んでいるアマモの実験では、遺伝的多様性が欠損した個体群では集団の回復力が低下し、移植の際、遺伝的多型を考慮した集団では定着したのに対し、遺伝的に均質な個体を移植した集団では定着が成功しなかったことが報告された。つまり、遺伝的多型性の維持は個体群の回復に重要であることが示された。生物群集の保全のためには、遺伝的多様性、遺伝子流動などの調査が必要である。

そこで本研究では、沖縄県石垣市名蔵湾の6地点で、個体数も多く解析しやすいウミジグサ (*Halodula uninervis*) とマツバウミジグサ (*Halodula pinifolia*) を採集し、酵素タンパク質における変異を検出する実験を行った。この分析結果を用いて、集団ごとの遺伝子多様性、集団全体、集団内での遺伝子多様度、遺伝的分化の程度、さらに集団間での遺伝距離を求め、遺伝的構造をあきらかにすることにより、藻場復元のためには、何が必要かについての解析を行った。

2. 調査材料・採集場所

本研究ではウミジグサ、マツバウミジグサを対象とした解析を行った。沖縄県石垣島名蔵湾内でウミジグサはB, D, E, H, I, Kの6地点、マツバウミジグサはD, E, H, I, Kの5地点(図1)から採集した。採集したサンプルは冷蔵庫で保存し、試料が劣化する前(一週間以内)にそれぞれ実験を行った。

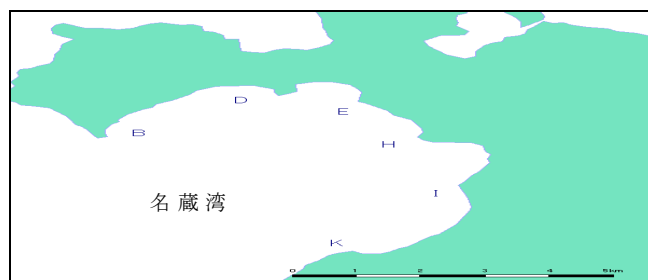


図1. 採集地 (沖縄県石垣島)

3. 実験方法

デンブングルを用いて $4^{\circ}\text{C} \cdot 210 \text{分} \cdot 80\text{mA}$ の定電流で電気泳動を行った。泳導終了後、酵素の染色を行い、 $37^{\circ}\text{C} \cdot 0.2 \mu\text{mol}$ という条件下で2時間から24時間発色させた後、個体ごとに遺伝子型を決定した。それを用いて集団遺伝学的解析を行った。

4. 結果考察

近交係数の F 値はウミジグサ、マツバウミジグサ両個体群で、ハーディワインバーク平衡からの有意なずれを示す個体群はほとんどみられなかった。いくつかの個体群で負の値を示したが、いずれも有意な範囲ではない。したがって両集団ともにランダム交配を示していた。

今回調査したウミジグサ、マツバウミジグサの両集団において高い遺伝的多型が認められた。ウミジグサでの多型遺伝子座の割合を示す P の値の平均値は0.444であった。マツバウミジグサでの P の値の平均値は0.550であった。これは、ウミジグサで約44%、マツバウミジグサで約55%の遺伝子座で遺伝的多型が認められたことになる。両種を、帰化植物、絶滅危惧植物の P の値と比較すると帰化に成功している帰化植物とほぼ同じ多様性を示し、絶滅危惧植物に比べてはるかに高いことが示された。遺伝子座あたりの対立遺伝子の平均を示す A の値の平均値は、ウミジグサで1.458、マツバウミジグサで1.717であった。帰化植

物，絶滅危惧の A の値と比較すると，絶滅危惧植物よりも高い値を得られたことがわかった。

部分集団が任意交配を行っているとしたときの平均ヘテロ接合頻度を表す H_s の平均値は，ウミジグサで 0.133，マツバウミジグサで 0.166 であった。帰化植物，絶滅危惧植物の H_s の値と比較すると，帰化植物とほぼ同じで絶滅危惧植物よりはるかに値が高かった（表 1）。

各集団における平均ヘテロ接合頻度 H_I の平均値は，ウミジグサで 0.112，マツバウミジグサでは，0.121 であり，ともに高い値が得られた。

これらのことから，名蔵湾の 2 種は高い遺伝的多様性を持ち健全な群落だと考えられる。

全集団が任意交配を行っているとしたときの平均ヘテロ接合頻度を表す H_T は，集団が分化していなければ， H_s （部分集団で任意交配を行っているとしたときの平均ヘテロ接合頻度を表す）との値に顕著な差がみられないこととなる。ウミジグサの H_T は 0.117， H_s は 0.133 であった。マツバウミジグサの H_T は 0.128， H_s は 0.166 であった。つまり，ウミジグサでは集団分化していないことが示された。しかし，マツバウミジグサでは差がみられたことから集団内にある程度の空間構造があることが示された。

集団分化に起因する生物多様性の割合 G_{ST} は，ウミジグサで -0.134，マツバウミジグサで -0.299 の値を示した。これは，集団間分化によって全集団の多型が維持されているわけではないことを示している。つまり，両種の部分集団すべてが非常に高い遺伝的多様性をもっていることを示している。

今回の F 値のデータには，かなりのバラツキがみられる。これは，生息地の違いにより繁殖様式が栄養繁殖にかたよっ

ていたためか，種子繁殖に依存しているのかに起因しているのかもしれない。

ウミジグサにおける遺伝距離 D は 0.002~0.049 で，マツバウミジグサは 0.016~0.076 であった。この値より，マツバウミジグサの部分集団は遺伝距離が大きいことがわかる。また，系統樹を見てもわかるように，ウミジグサでは枝の長さ（進化の程度）が短い。これは栄養繁殖による集団の拡大もしくは，遺伝子流動が頻繁に起こっていることを示している（図 3-1，図 3-2）。

表1. 両個体群における P , A , H_s

個体群	P	A	H_s
ウミジグサ	0.444	1.458	0.133
マツバウミジグサ	0.550	1.717	0.166
海草の過去のデータ			
<i>Posidonia australis</i>	0.338	1.500	0.110
<i>Thalassia testudinum</i>	0.131	1.200	0.027
<i>Zostera marina</i>	0.183	1.300	0.063

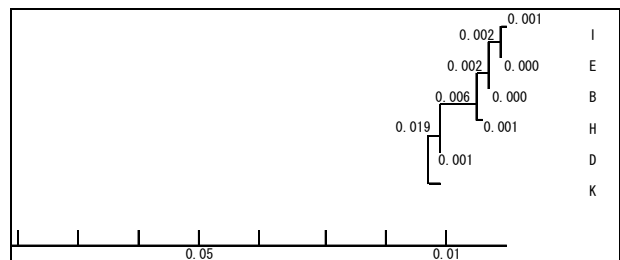


図 3-1. ウミジグサの系統樹

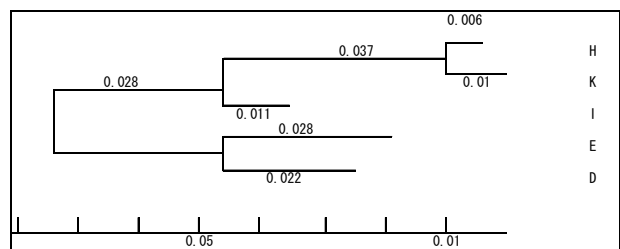


図 3-2. マツバウミジグサの系統樹

5. 今後の課題

現在，海藻藻場の保全，復元のために必要な種の生態やデータはほとんどないため，種の分布域ごとの生態，遺伝的多様性などのデータを蓄積し，保全，復元に活用していかなければならない。

指導教官 増田理子 助教授

