

【話 題】

絶滅危惧植物の全個体ジェノタイピングによる保全遺伝学的研究

陶山 佳久^{*1}・井鷲 裕司²

はじめに

絶滅危惧植物の保全には、遺伝学的な手法によっても多彩な貢献が可能である。私たちの研究グループでは、10年ほど前からさまざまな保全遺伝学的研究に取り組んでいる。特に、特定の絶滅危惧種について現存する全個体を探索してそれらの位置情報を取得し、さらにDNA分析によって全個体の遺伝的情報を取得する「全個体ジェノタイピング(全個体遺伝子型特定・ユビキタスジェノタイピング)」と呼ぶアプローチ(井鷲2013; Isagi and Kaneko 2014)によって、これまでにさまざまな貴重な知見を得てきている。本稿では、全個体ジェノタイピングを中心とした保全遺伝学的アプローチによって、絶滅危惧植物保全のためにどのような貢献ができるのかについて主要な項目を掲げ、私たちが取り組んできた研究例をもとに簡単に紹介する。

現存集団に関する基礎的情報把握

絶滅危惧植物の全個体調査を行うことで、まずそれらの正確な現存個体(株)数と空間位置情報が把握できる(たとえばLee et al. 2014)。さらに、それらのジェノタイピングによって個体(クローン)識別情報を得ることにより、特にクローナル植物に関してはクローン数・クローン構造が明らかになる。クローナル植物におけるクローン数については、保全上極めて基本的な情報であるにも関わらず、遺伝的な解析を行うまで未知であることがほとんどである。たとえば、スズカケソウ(*Veronicastrum villosulum*, オオバコ科)で唯一知られている徳島県の野生集団では、自生する全139株を調査した結果、すべての株が同一のクローンであ

ることが明らかになった(Isagi and Kaneko 2014)。これは自生地の保全対策を講じる上で、極めて重要な情報だと言える。このような極端な場合だけでなく、全個体の遺伝情報を取得するということは、その種(あるいはその集団)が保有する全遺伝的多様性を把握できるということでもあり、サンプリングバイアスを伴わない遺伝的多様性評価としても、貴重なデータとして位置づけることができる。

種レベルの分子系統学的位置づけ

絶滅危惧植物とその近縁種を含む分子系統学的・集団遺伝学的な解析を行うことによって、その種の系統的位置づけが明らかになるのはもちろんだが、時として種・亜種・変種レベルの違いとしてその希少性・独自性が明らかになることがある。ルリミノキ(*Lasianthus japonicus*, アカネ科)は、韓国内では済州島にのみ小集団として分布する絶滅危惧種であるが、その遺伝的組成を調べて日本の数集団と比較したところ、日本に分布する集団とは明瞭に異なる遺伝的組成を持っていることが明らかになった(Isagi et al. 未発表)。このような遺伝学的データによって、これまで認識されていなかった分類群が隠蔽種として発見されることすらあり、種レベルでそれらの希少性が再評価されることに繋がる場合がある。

種内集団間レベルの遺伝的位置づけ

絶滅危惧植物の現存集団が複数の地域集団に分かれている場合には、それら地域集団間の遺伝的な位置づけが明らかにできる。小笠原諸島の父島と兄島のみ

* E-mail: suyama @ m.tohoku.ac.jp

¹すやま よしひさ 東北大学大学院農学研究科²いさぎ ゆうじ 京都大学大学院農学研究科

に分布するムニンフトモモ (*Metrosideros boninensis*、フトモモ科) は、父島内で互いに5km程度離れた場所に3つのまとまった集団があり、兄島の2個体とあわせて4つの種内集団が知られている。これらの関係を集団遺伝学的に調べたところ、各集団は小さな島の中でも遺伝的に明瞭に分化していることが明らかになった (Kaneko et al. 2008)。このように、自生分布域内の空間的遺伝構造を調べることによって、地域集団間の遺伝的独自性や、保全単位として扱うべきまとまりが明らかになることがあり、保全対策を講じる上で重要な情報になる。

繁殖状況の把握

自生地において開花・結実の状況あるいは実生・稚樹等の個体群動態を調査すれば、それらの繁殖・更新状況に関わる生態学的な情報を得ることができる。さらに、種子・実生・稚樹等を対象とした遺伝的調査を行えば、自(他)殖率・親構成・交配様式・遺伝子流動・次世代の遺伝的多様性等、繁殖に関わるさまざまな遺伝的基礎情報も得ることができ、保全対策に生かすことができる。ハザクラキブシ (*Stachyurus macrocarpus* var. *prunifolius*、キブシ科) は、小笠原諸島の母島のみ分布している低木で、この調査時点ではわずか15株の野生個体が確認されているだけの絶滅危惧植物である。これらすべての野生株と、このうち1株から採取された種子により育成された実生66個体を対象として、それらの遺伝子型が特定された。その結果、既知の集団内での交配の実態が明らかにされただけでなく、幾つかの実生は既知の親個体が持たない対立遺伝子を持っていることがわかった。すなわち、これらの実生の花粉親は、これまで発見されていない未知の個体であると推定され、既存集団の個体数に関する基礎的情報として、思わぬアプローチによって重要な示唆が得られた例となった (Kaneko et al. 2013)。実際に、この解析結果を受けてさらに野外踏査が行われ、これまで知られていなかった繁殖個体が発見された。またこのような解析を行えば、実生集団を用いて絶滅危惧種集団の再生を行うにあたって、当該実生集団と既存の親集団の遺伝的組成を比較することができるため、親集団の遺伝的組成を反映した再生集団の育成のために生かすことが可能である。

生育域外保全集団の遺伝的情報把握

極端に野生集団の個体数が少なくなった絶滅危惧種では、しばしば現存する個体を生育域以外の安全な場所に移して、それらの維持と再生が試みられることがある。このような生育域外保全集団について、特に人工交配等により再生を図ろうとする場合には、それらの遺伝的情報に基づいた適切な再生計画の策定が求められる。先に紹介したスズカケソウの例では、すでに生育域内の野生個体は1個体しか現存しないが、植物園等で栽培されているすべての株の遺伝子型を調査した結果、合計4種類の遺伝的に異なる株が各地の植物園等で維持されていることが判明した (Isagi and Kaneko 2014)。現在これらすべての株が遺伝子型情報とともに広島市植物公園で維持管理されており、今後の保全再生計画において、これらの遺伝的情報は貴重な判断材料となるであろう。特に、人工交配によって次世代を作出する場合や、自生地等に植え戻しをする際には、このような遺伝的情報を検討した上で計画策定が必須であろう。

遺伝子タグによる盗掘抑止

希少植物の絶滅をもたらす要因の1つとして、依然として大きな問題としてあげられるのが盗掘である。特に、美しい花を咲かせる植物などを対象とした園芸目的の盗掘は、残念ながら現在でも大きな問題として立ちはだかっている。シモツケコウホネ (*Nuphar submerusa*、スイレン科) は、栃木県内の3箇所にもみ自生する美しい花を咲かせる水生植物である。この種は、調査開始当時インターネット上で園芸用として販売されており、それらを含めて全個体の遺伝子型を調査した。解析の結果、3つの自生地集団は遺伝的に明確に異なっていることがわかり、インターネット上で販売されていた株が自生地のクローンから採取されたことも判明した (志賀ら2013; Isagi and Kaneko 2014)。このような成果を自生地に近い地域で開催されたシンポジウムで公表した結果、この種のインターネット上での販売が行われなくなった (発表当時)。このように、全個体ジェノタイプングにより現存するすべての株の遺伝子情報を調べれば、たとえ盗掘されたとしてもそれらの由来を突き止めることができる。つまり、このような情報を公表すれば、園芸目的等の盗掘を、ある程度は抑止できると期待される。絶滅危

惧種保全のアプローチとしては、一見異質なものに感じられるが、実際には大きな効果も期待できる対策と言える。

遺伝的劣化リスクの評価

近年になって極端に集団サイズが減少した場合には、近親交配による近交弱勢等の遺伝的な問題によって、いわゆる「絶滅の渦」と呼ばれる悪循環が生じ、急速に種（あるいは集団）が絶滅に向かう可能性がある。このような場合には、一刻も早く積極的な保全策を講じなければ手遅れになる可能性が高い。しかしながら、絶滅危惧植物の生育個体数に関する継続的な動態については、ほとんど調べられていないことが多く、現在の集団サイズが近年減少傾向にあるのかさえも正確なことがわからない場合が多い。しかし、遺伝的なデータによって、ボトルネック解析やコアセメント理論に基づいた過去の集団動態解析などを行えば、近年の集団サイズの動態を推定することができる。北海道のアポイ岳にのみ分布する絶滅危惧の高山植物であるヒダカソウ (*Callianthemum miyabeanum*、キンポウゲ科) は、近年の生態学的な分布調査で明らかにされた集団サイズの減少が、遺伝的データによっても近年のボトルネックとして検出された (Abe et al. 2012 ; Abe et al. 未発表データ)。このような場合には、さらなる積極的な保全対策が必要であると結論づけることができる。一方で、同様に小さな集団としてしか存在しない絶滅危惧植物であるゴヨウザンヨウラク (*Menziesia goyozanensis*、ツツジ科) の例のように、遺伝的データからは近年における明確なボトルネックの形跡は得られず、更新状況にも集団の衰退傾向が見られない場合がある (Abe et al. 2011 ; Abe et al. 未発表データ)。このように、遺伝学的なデータが今後の絶滅リスクの評価に重要な示唆を与えることがあり、保全対策の立案やその緊急性の評価では、特に有効なデータになりうる。

おわりに

今後の絶滅危惧種の保全対策では、以上のような遺伝的情報の有効活用が強く望まれるだけでなく、もはやこのような情報を加味した現状把握と保全計画は必須であると言えるかもしれない。現在私たちのグ

ループでは、韓国・インドネシア・ニューカレドニアなど、その対象範囲を世界に広げて絶滅危惧植物の保全に貢献すべく研究を推進している。今後もさらにこのような研究を発展させつつ推進し、1種でも多くの絶滅危惧種、1箇所でも多くの絶滅危惧集団を救い、生物多様性の保全に貢献していきたいと考えている。

謝 辞

本稿で紹介した研究は、主に科学研究費補助金 (14405006、20241056、26304012、15H04414)、環境省地球環境研究総合推進費 (D-0903) および、環境研究総合推進費 (S9) の補助を受けて行われた。

引用文献

- Abe H, Maki M, Horie S, Suyama Y (2011) Isolation and characterization of microsatellite loci for *Menziesia goyozanensis*, an endangered shrub species endemic to Mt. Goyo in northern Japan. *Conservation Genetic Resources* 3: 569–571
- Abe H, Nishikawa Y, Shimamura T, Sato K, Suyama Y (2012) Isolation and characterization of microsatellite loci in a polyploidy alpine herb, *Callianthemum miyabeanum* (Ranunculaceae). *American Journal of Botany* 99: e484–e486
- 井鷲裕司 (2013) 全個体遺伝子型解析による絶滅危惧植物の保全. *地球環境* 18: 153–158
- Isagi Y, Kaneko S (2014) Ubiquitous genotyping for conservation of endangered plant species. In Nakano S, Yahara T, Nakashizuka T (Eds.) *Integrative Observations and Assessments*. Springer, pp. 311–325
- Kaneko S, Abe T, Isagi Y (2013) Complete genotyping in conservation genetics, a case study of a critically endangered shrub, *Stachyurus macrocarpus* var. *prunifolius* (Stachyuraceae) in the Ogasawara Islands, Japan. *Journal of Plant Research* 126: 635–642
- Kaneko S, Isagi Y, Nobushima F (2008) Genetic differentiation among populations in an oceanic island: the case of *Metrosideros boninensis*, an endangered endemic tree species in the Bonin Islands. *Plant Species Biology* 23: 119–128
- Lee J-H, Lee D-H, Choi H-J, Suyama Y, Kondo T, Isagi Y,

Choi B-H (2014) The distribution and population status of *Quercus myrsinifolia* (Fagaceae) on the Korean peninsula. Korean Journal of Plant Taxonomy 44: 165–170
志賀 隆・横川昌史・兼子伸吾・井鷲裕司 (2013) 全個

体遺伝子型データに基づく絶滅危惧水生植物シモツケコウホネ *Nuphar submersa* とナガレコウホネ *N. fluminalis* の市場流通株の種同定と産地同定. 保全生態学研究 18: 33–41