【第4回森林遺伝育種学会奨励賞受賞研究】

希少種シデコブシの保全遺伝学的研究

玉木 一郎*,1

はじめに

保全遺伝学とは、対象種やその集団の存続に関わる 諸問題を遺伝学的な観点から把握・分析するものであり、 得られた結果は対象の保全に資することができる。保全 遺伝学では、特に「集団のサイズ」と「集団の隔離の程度」 の2つの視点が重要であり、これらが対象種や集団の現 在の遺伝的多様性に、過去にどのような影響を及ぼした のか、また将来どのような影響を及ぼす可能性がある のかを明らかにすることを目的としている (Frankham et al. 2002; Ouborg et al. 2005)。本研究の対象樹種は、東海 地方の暖温帯に固有の分布を示す希少種のシデコブシ (Magnolia stellata) である。シデコブシは、自生地の開 発による消失や、里山利用の減少に伴う植生遷移により 絶滅が危惧されている。本研究では、現在の遺伝的多 様性や繁殖様式が、どのように集団サイズと集団の隔 離の程度の影響を受けているのかを明らかにし(Tamaki et al. 2008; Tamaki et al. 2009a, 2009b)、さらに隔離分布す る小集団群の将来の遺伝的多様性を予測し、効果的な 保全策について論じた (Tamaki et al. 2016)。

これらの一連の受賞対象となった研究は、筆者の大学院時代の博士論文に関する研究に、最近の研究を加えたものである。前者に関しては、既に玉木(2009,2016)で解説を行っているため、簡単に結果の概要を述べるにとどめ、本稿では主に後者のTamaki et al.(2016)について紹介したい。

集団サイズと集団の隔離の程度がシデコブシ 集団の遺伝的多様性や繁殖様式に及ぼす影響

集団のサイズと集団の隔離の程度は、それぞれ正と 負の影響を集団内の遺伝的多様性に及ぼすことが予測 される。分布全域の20集団を対象に、集団サイズの指 標に繁殖個体数を、集団の隔離の程度の指標に対象集団の半径 0.5 km 以内の周辺集団数を説明変数に用いて、ヘテロ接合度とアレリックリッチネスを応答変数に用いて回帰分析した結果、いずれの応答変数においても両方の指標で有意な影響を検出することができた(Tamaki et al. 2008)。このことから、現在のシデコブシ集団の遺伝的多様性は隔離・小集団化の影響を受けており、これらの指標を用いて集団の遺伝的多様性の程度を予測できることが分かった。

分布全域の10集団を対象に、他殖率や二親性近親 交配の程度、近交係数、後期近交弱勢の程度を調べた (Tamaki et al. 2009a)。他殖率は集団間で違いが見られな かったが、二親性近親交配の程度は集団間で異なって いた。さらに集団サイズと近交係数の有意な負の相関 が認められた。このことは、集団間で特に二親性近親 交配を通じて近親交配の程度が異なることを意味して いる。後期近交弱勢は、分布の端に位置するある小集 団でのみ、ほぼゼロに近い値を示した。この集団では 近交弱勢が除去されている可能性が考えられた。しか し、全集団の後期近交弱勢の平均値は0.709と依然高い 値を示した。高い近交弱勢の値は、遺伝的多様性の程 度を高く保つことに貢献するが、集団内の個体数が減 少し、近親交配や自殖をせざるを得なくなった場合には、 次世代が生産されにくくなることを意味する。従って、 個体数の少ない集団では、集団の減衰につながる可能 性があることが示唆された。

隔離分布する小集団群の将来の 遺伝的多様性の予測と効果的な保全策

シデコブシの分布域は狭いながらも大きく3つの地域に分けることができる。一つ目は岐阜県から愛知県中部にかけての地域、二つ目は愛知県渥美半島、三つ

^{*} E-mail: garageit@gmail.com

¹たまき いちろう 岐阜県立森林文化アカデミー

目は三重県北部であり、これらの地域は遺伝的に分化していることが知られている(Ueno et al. 2005)。これら3地域の中で、三重県北部は最も集団数・個体数が少なく、20km四方の範囲内に孤立個体を含めても600個体程度しか分布していない。詳細な現地踏査を行った結果、同地域には個体数21~199の6集団と、個体数1~6の7孤立個体サイトが存在した(Tamaki et al. 2016)。これらの全585個体から葉サンプルを採取し、DNAを抽出した。

核マイクロサテライトの遺伝子型を決定し、 STRUCTURE 解析を行い、Evanno et al. (2005) の Δ K 法で最適なクラスター数を推定した結果、20km 四方と いう狭い範囲内にも関わらず、明確な3つの遺伝的グ ループが検出された。これらの分岐年代を Isolation with migration モデルで推定したところ、最も古い分岐が不 確実性を考慮に入れたとしても約25世代以内に生じた ことが分かった。絶滅危惧種の遺伝的構造の形成には2 つの原因が考えられる。一つは過去の気候変動や地殻変 動の影響。もう一つは人為的要因の影響である。形成年 代が古い場合は前者の可能性が、最近の場合は後者の 可能性が考えられる。今回検出された年代はかなり最 近のものであるため、人為的な孤立・小集団化が原因で、 三重県北部のシデコブシ集団の現在の遺伝的構造が形 成されたと考えられる。もし人為的な孤立・小集団化 が原因であるとすると、これらの集団の遺伝的多様性 を保全する際には、集団間の遺伝的交流を促すことや、 集団サイズを大きくするようなことも考慮する必要が あるかもしれない。

そこで、これらの小集団群の将来の遺伝的多様性を、 以下の4つのシナリオの下でシミュレートしてみるこ とにした。

- 1) 現在の個体数 = 有効集団サイズとし、実際に観測された1集団間のみの移住を考慮した現状維持シナリオ
- 2) シナリオ1を改変し、有効集団サイズにばらつきを 加えた悲観的なシナリオ
- 3) シナリオ1を改変し、60個体以下の小中集団の有効 集団サイズを2倍にしたシナリオ
- 4) シナリオ1を改変し、最寄り集団間でのみ 4% の移 住を可能にしたシナリオ

各シナリオやシミュレーションの詳細は Tamaki et al. (2016) を参照してもらいたい。

現状維持のシナリオ1では、有効集団サイズを維持したとしても、個体数が21個体の小集団では30世代以

内にヘテロ接合度が50%以下に低下してしまうことが 示された (図-1)。また、個体数が 50 ~ 60 個体の中サ イズの集団でも50世代後には50%に近づいていた。さ らに悲観的なシナリオ2では減少の速度はさらに高ま ることが示された。これらを解決するために、中小集 団で個体数を2倍にしたシナリオ3では、遺伝的多様 性の低下をかなり抑えることができることが示された。 移住を考慮したシナリオ4は、シナリオ3よりも遺伝 的多様性を維持する効果が大きいことが示された。また、 シナリオ4は遺伝的分化の程度を最も低く保っていた (図-2)。これらの結果から、各集団の個体数を維持し、 繁殖を促すことはもちろん重要であるが、それだけで は将来の遺伝的多様性を維持することは困難であるこ とが分かった。そして、僅かでも移住が生じることが、 遺伝的多様性を高く、かつ集団間の分化を低く保つこ とに大きく貢献すると考えられた。

では、このような移住が生じるような状況というの はどうやって実現すれば良いのだろうか。今回の研究 では中立な遺伝的変異のみを扱っているので、もしかし

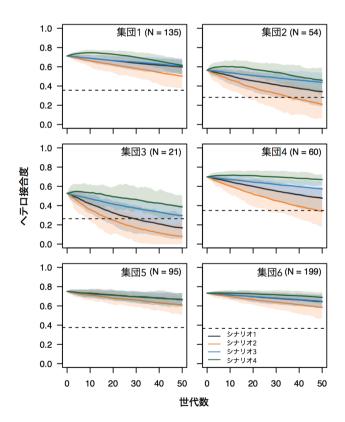


図-1 4シナリオに基づく三重県北部のシデコブシ6 集団のヘテロ接合度の予測値。実線と半透明の 範囲は、それぞれ100回のシミュレーションの 平均値と95%区間。破線は観測値の半分の値を 示す。Tamaki et al. (2016)を改変。

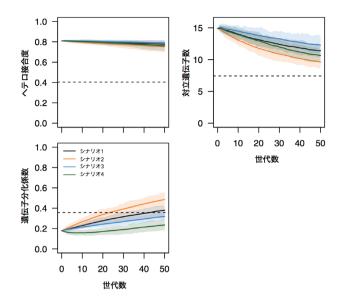


図-2 4シナリオに基づく三重県北部のシデコブシ6 集団の全集団のヘテロ接合度と対立遺伝子数、 遺伝子分化係数の予測値。実線と半透明の範囲 は、それぞれ100回のシミュレーションの平均 値と95%区間。破線は観測値の半分の値(ヘテ ロ接合度と対立遺伝子数)または2倍の値(遺 伝子分化係数)を示す。Tamaki et al. (2016)を 改変。

たら適応的な変異の場合は状況が異なるかもしれない。 従って、急激な人による個体の移動はベストではない かもしれない。自然に集団間の遺伝的交流が生まれる ようにすることが重要であろう。そのためには、現在、 飛び石状に存在する孤立個体サイトや絶滅してしまっ た集団の環境を改変し、それらの個体数を増加させる ことで移住を促してやるのが良いと考えられる。

おわりに

今回受賞となった一連の研究では、いずれにおいても「集団のサイズ」と「集団の隔離の程度」の2つの視点に基づいて研究を展開し、保全につながる示唆を導き出した。どのようなアプローチを用いるにせよ、保全遺伝学の研究では、この2つの視点が基幹となることを改めて実感した。現在、筆者は対象種の更新に関する野外実験研究(玉木ら2014; Tamaki et al. 2015)を進めている。今後もシデコブシの保全生物学的な知見を蓄積することに加え、実践を通して同種の保全に貢献していきたいと考えている。

謝辞

今回、第4回森林遺伝育種学会奨励賞をいただき、 大変光栄に感じています。推薦していただいた名古屋 大学の戸丸信弘先生と森林総合研究所の永光輝義博士、 選考していただいた森林遺伝育種学会の皆様に心より 感謝いたします。また、一連の研究を通して指導して いただいた弘前大学の石田清先生、森林総合研究所の 鈴木節子博士、現地での調査にご協力いただいた多く の関係者に心より御礼申し上げます。

引用文献

- Evanno G, Regnaut S, Goudet J (2005) Detecting the number of clusters of individuals using the software STRUCTURE: a simulation study. Molecular Ecology 14: 2611–2620
- Frankham R, Ballou JD, Briscoe DA (2002) Introduction to conservation genetics. Cambridge University Press, Cambridge, UK
- Ouborg NJ, Vergeer P, Mix C (2006) The rough edges of the conservation genetics paradigm for plants. Journal of Ecology 94: 1233–1248
- 玉木一郎 (2009) シデコブシ (Magnolia stellata) の保 全遺伝学的研究 ~集団のサイズと孤立が集団の存続 に及ぼす影響~. 林木の育種 232: 27–33
- 玉木一郎 (2016) 日本の樹木の地理的遺伝構造 (12) シデコブシ (モクレン科モクレン属). 森林遺伝育 種 5:83-87
- Tamaki I, Ishida K, Setsuko S, Tomaru N (2009a) Interpopulation variation in mating system and late-stage inbreeding depression in *Magnolia stellata*. Molecular Ecology 18: 2365–2374
- 玉木一郎・野村勝重・野村礼子・楯千江子・小木曽未佳・ 宮上佳弘 (2014) シデコブシ自生地の皆伐後1年目 の萌芽・実生更新. 日本森林学会誌 96: 193–199
- Tamaki I, Nomura K, Nomura R, Tate C, Ogiso M, Miyakami Y, Yabe Y (2015) Seedling survival and growth during the two years following seed germination of *Magnolia stellata*, a threatened sub canopy tree, after clearcutting. Journal of Forest Research 20: 415–419
- Tamaki I, Setsuko S, Tomaru N (2008) Genetic variation and differentiation in populations of a threatened tree, *Magnolia stellata*: factors influencing the level of within-

- population genetic variation. Heredity 100: 415-423
- Tamaki I, Setsuko S, Tomaru N (2009b) Estimation of outcrossing rates at hierarchical levels of fruits, individuals, populations and species in *Magnolia stellata*. Heredity 102: 381–388
- Tamaki I, Setsuko S, Tomaru N (2016) Genetic diversity and structure of remnant *Magnolia stellata* populations affected by anthropogenic pressures and a conservation
- strategy for maintaining their current genetic diversity. Conservation Genetics 17: 715–725
- Ueno S, Setsuko S, Kawahara T, Yoshimaru H (2005) Genetic diversity and differentiation of the endangered Japanese endemic tree *Magnolia stellata* using nuclear and chloroplast microsatellite markers. Conservation Genetics 6: 563–574