

【第5回森林遺伝育種学会奨励賞受賞研究】

コウヤマキの遺伝的多様性と保全に関する研究

James R. P. Worth*,¹

日本学術振興会の特別研究員（所属：京都大学）として、日本固有の遺存的な針葉樹であるコウヤマキ (*Sciadopitys verticillata*) の保全遺伝学的研究を行った。受賞対象となった研究は、その研究成果をまとめたものである (Worth et al. 2013, 2014 ; Worth 2016)。

コウヤマキは、古くから存在するコウヤマキ科 (Sciadopityaceae) の現存する唯一の種である。その日本における価値は、生態学的にも文化的にも高い。同種は、本州中部から四国にかけての地域と、少し離れて中国地方と九州の一部の地域に分布しており、ほとんどの場合、急峻で岩がちな場所に生育している。同種は、昔から用材のために伐採されて生育地が減少したり、生育地が他針葉樹の人工林に変えられたり、稀ではあるが落雷で死亡することもあり、IUCNのレッドリストでは準絶滅危惧に指定されている。同種の保全のための遺伝情報を明らかにするために、8つのEST由来の核マイクロサテライトと葉緑体DNA配列を用いて遺伝的多様性と遺伝的構造を調査した (Worth et al. 2013, 2014)。核マーカーの遺伝的構造のレベルは、 $F_{ST}=0.129$ と、針葉樹としては高い値を示した。分布の南西端の九州や中国地方の集団には固有の遺伝的構造が見られたが、これらの集団は最も低い遺伝的多様性を示した (九州: $He=0.288$, $Ar=2.172$; 中国地方: $He=0.222$, $Ar=2.010$; 図-1)。さらに、プライベートアリルは存在せず、レアアリルは少なく、そして分布の中心域である本州中部 ($He=0.347$, $Ar=2.707$) や紀伊半島の集団 ($He=0.337$, $Ar=2.683$) のほんの一部の遺伝的多様性しか保有していなかった。葉緑体の2,513 bpの配列を調べたところ、16のハプロタイプが検出され、全分布域の遺伝的分化の程度は、核マーカーの値よりも高い値を示した ($G_{ST}=0.251$)。本州中部の地域は、最も高いハプロタイプリッチネスを示し ($H_r=5.19$; 図-2)、検出された9つのハプロタイプのうちの6つは同地域に固有のものであった。一方、他地

域の値は2.00–3.65と極めて低かった。現地内保全や遺伝的に多様な現地外保全集団を造るための種子採取を目的として、遺伝的多様性に基づいてどの集団が優先して保全されるべきかを明らかにするために、Metapop version 2.0を用いて、種レベルの遺伝的多様性に対するそれぞれの集団の貢献の程度を、核と葉緑体の両方のデータで計算した。このプログラムは、ある集団を取り除いた場合の全体の遺伝的多様性に及ぼす影響（多様性の変化率）を計算することで、種レベルの遺伝的多様性にそれぞれの集団が貢献している程度を定量化することができる。核と葉緑体の両方のマーカーにおいて、本州中部の集団はいずれも高い遺伝的多様性に対する貢献度を示した (図-3)。一方、中国地方と九州の集団は、いずれのマーカーにおいても貢献度は低かった (九州の吹山国有林 (FKY) 集団を除く)。四国と近畿地方、紀伊半島では、5つの集団が核では高い貢献度を示すが、一方、葉緑体では低い貢献度を示すという、あまり一貫しないパターンが見られた。

一連の研究結果から、コウヤマキは分布域の北東と南西の間で明確に異なる遺伝的多様性のパターンを示すことが明らかとなった。このパターンは、氷河期に、コウヤマキが本州中部地域で比較的大きな有効集団サイズを保ったまま生存していたことを示唆しているのかもしれない。次世代シーケンシングの時代において、コウヤマキのような貴重な針葉樹を対象とした、さまざまな中立的そして適応的な遺伝マーカーによる遺伝的多様性や遺伝的構造に関する研究が今後必要とされるだろう。

なお、本稿は、著者が執筆した英文原稿を森林遺伝育種編集委員会が翻訳したものである。

* E-mail: jrwp2326@affrc.go.jp

¹ 森林研究・整備機構森林総合研究所樹木分子遺伝研究領域

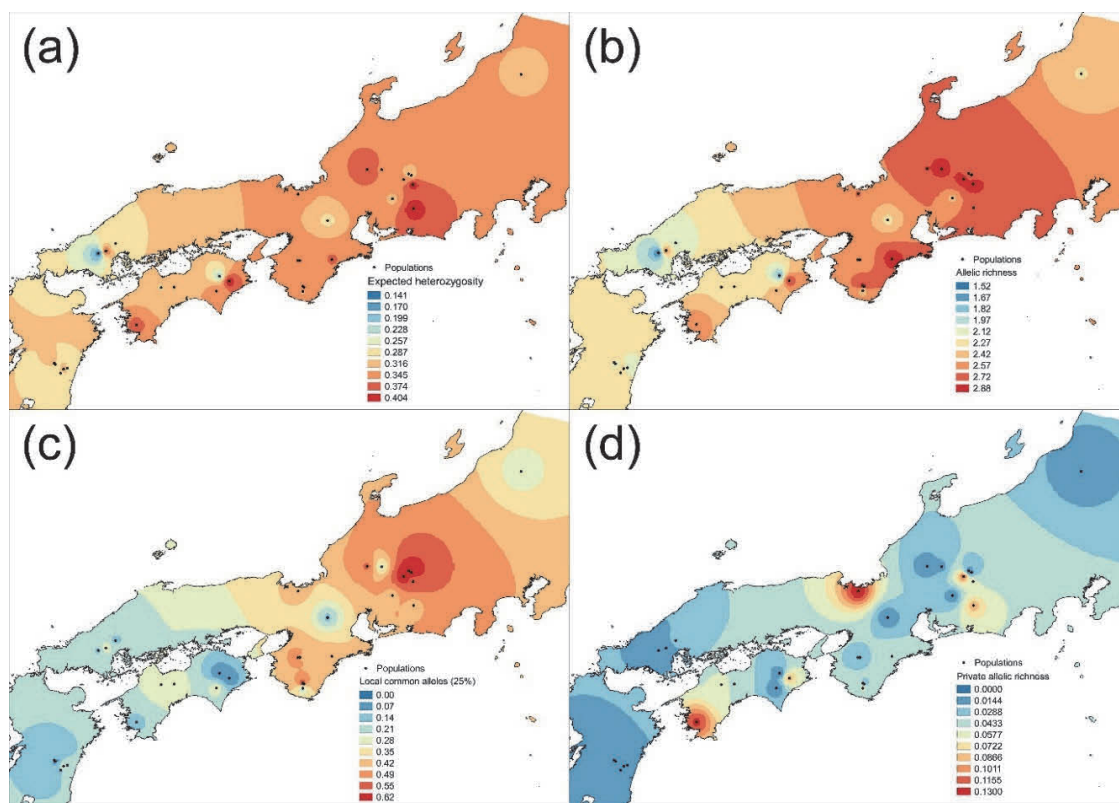


図-1 コウヤマキ集団における (a) ヘテロ接合度の期待値、(b) アレリックリッチネス、(c) 個体あたりのコモンアレル数 (コモンアレル: 集団内の頻度が 5% 以上 25% 未満である対立遺伝子)、(d) プライベート・アレリックリッチネスによって示される遺伝的多様性の空間分布。4 つの統計量は 31 集団における核マイクロサテライト 8 遺伝子座の遺伝子型をもとに計算され、QGIS version 2.12 の IDW (inverse distance weighted) 補間法を用いて地図化された。Worth (2016) より引用。

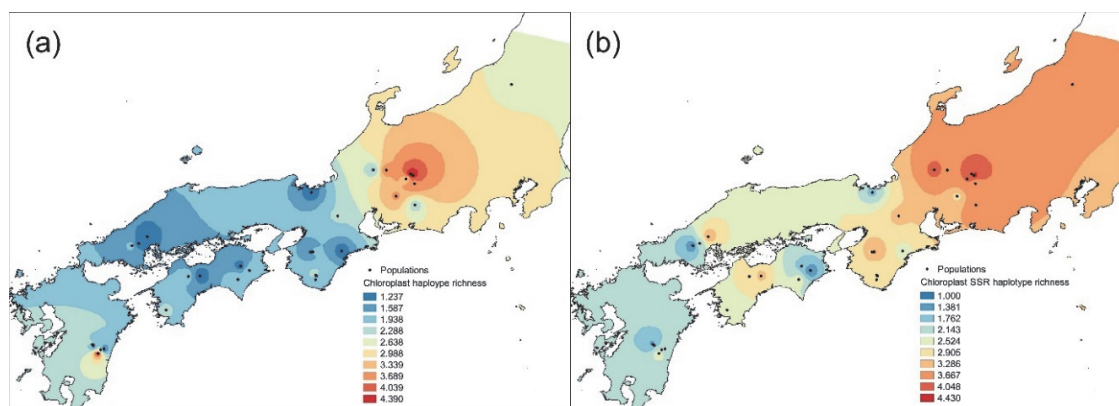


図-2 コウヤマキ集団における (a) *atpI-rpoC2*, *trnD-trnT*, *rpl16* イントロン, *petN-psbM*, *ndhA* イントロンにおける一塩基多型とインデルにもとづくハプロタイプリッチネスおよび (b) *trnT-trnL* における一塩基繰り返し配列にもとづくハプロタイプリッチネスによって示される遺伝的多様性の空間分布。ハプロタイプリッチネスは 31 集団のデータをもとに計算され、QGIS version 2.12 の IDW 補間法を用いて地図化された。Worth (2016) より引用。

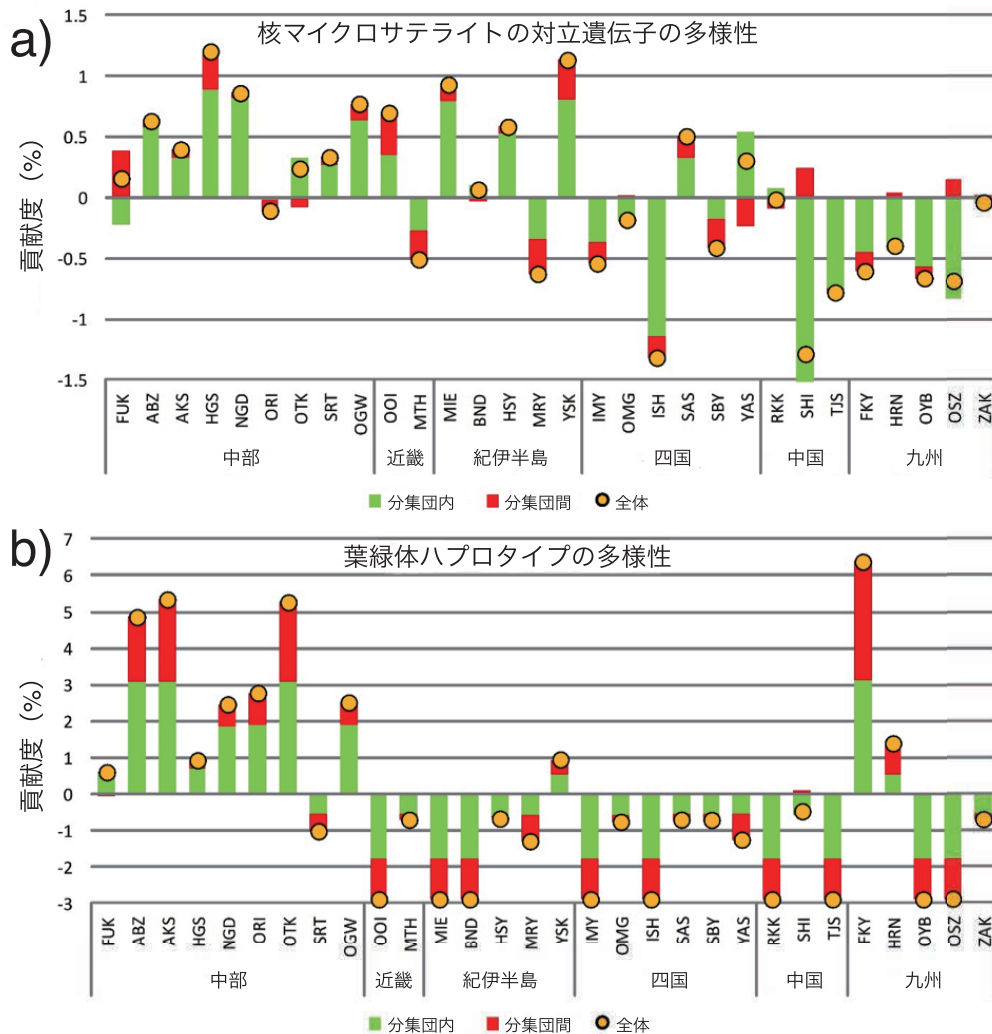


図-3 (a) 8つの核マイクロサテライトマーカーおよび (b) 葉緑体DNA ハプロタイプの種レベルの遺伝的多様性に対する各集団の貢献度。貢献度は、各集団を取り除くことによって生じる遺伝的多様性の変化とは逆の負号(%)で示されている。つまり、正の値は、全体からその集団を取り除いた場合に遺伝的多様性が減少することを示し、負の値はその逆を示す。緑と赤の棒は集団内と集団間の多様性に対する貢献度を示す。丸は集団内と集団間の両方を考慮した全体の遺伝的多様性に対する貢献度を示す。Worth et al. (2014) を改変。

引用文献

- Worth JRP (2016) 日本の森林樹木の地理的遺伝構造 (14) コウヤマキ (コウヤマキ科コウヤマキ属). 森林遺伝育種 5: 208–216
- Worth JRP, Sakaguchi S, Tanaka N, Yamasaki M, Isagi Y (2013) Northern richness and southern poverty: contrasting genetic footprints of glacial refugia in the relictual tree *Sciadopitys verticillata* (Coniferales:

Sciadopityaceae). Biological Journal of the Linnean Society 108: 263–277

- Worth JRP, Yokogawa M, Pérez-Figueroa A, Tsumura Y, Tomaru N, Janes JK, Isagi Y (2014). Conflict in outcomes for conservation based on population genetic diversity and genetic divergence approaches: a case study in the Japanese relictual conifer *Sciadopitys verticillata* (Sciadopityaceae). Conservation genetics 15: 1243–1257