

題目 河道掘削により出現したタコノアシ群落の遺伝的多様性

名古屋工業大学 社会開発工学科 正会員 増田理子

名古屋工業大学 社会工学専攻 学生会員 河田美香

はじめに

タコノアシは環境庁のレッドリスト絶滅危惧Ⅱ類として記載されているユキノシタ科の多年生草本である。タコノアシはかつて、日本のどこの地域でも見られたふつうの植物であった。しかし、今日では治水事業による河川環境の変化のため絶滅の危機に瀕している。

タコノアシの種子は直径が 0.5mm 程度の非常に小さいため、広範囲に散布され、また、寿命が長いことシードバンクを形成することが明らかになっている（今橋・鷺谷 1996）したがって、かつてタコノアシが生育していた河川の土壌を掘り出せばその再生や保全が可能であることが明らかになっている（木村・寺崎 2000）。

しかし、これまでの研究ではタコノアシの群落の復元のみに着目され遺伝的多様性の重要性が考慮されていなかった。野生生物集団は同一の種であっても遺伝的に完全に同一ではなく多様性を持っていることが知られている。特に野生生物の長期的保全のためには遺伝的多様性が重要であることが示唆されている（牧・増田 1994）。タコノアシは攪乱によって形成されたオープンな地域に侵入し、遷移が進むに従って集団が縮小し、消滅するという、メタ個体群的動態を示す。このため、遺伝的多様性がどのように維持されるか、また、遺伝的多様性の減少が群落の絶滅にどのように関わってくるのかについては未だ不明な点が多い。このため、遺伝的多様性に着目した群落の解析が要求されている。平成 12 年から平成 14 年に国土交通省が行った揖斐川中流域の河道掘削によって、埋土種子から形成されたと考えられるタコノアシ群落が確認された。そこで、本研究では、河道掘削工事によって、出現したタコノアシ群落のアイソザイム分析を行うことによって、遺伝的多様性の解析をおこなった。その結果、集団内の遺伝的多様性、集団間の遺伝的分化の度合い、遺伝的距離を求めることにより、埋土種子集団が非常に高い遺伝的多様性を持っていることが示された。

材料・方法

調査地域

岐阜県大垣市揖斐川中流域では、国土交通省が河川流量の増加のため、掘削工事を行っている。平成 12 年度には 32.4km 左岸、平成 13 年度には 32.6km 左岸、平成 14 年度には 34.9km 右岸の掘削を行っている。それぞれの掘削域全域にタコノアシの固体が認められ、それぞれの地域において調査を行った（図 1）。また、平成 13 年度、14 年度の地域には明らかに異なる 2 つの群落が発見されたため、別々の群落として処理した。



図 1 調査地域

調査材料

調査材料はユキノシタ科タコノアシで、泥湿地、沼、水田などに見られる多年生草本である（図 2）。



図 2 タコノアシの開花個体

キーワード 絶滅危惧種 遺伝的多様性 遺伝的分化

連絡先 masuda@ace.nitech.ac.jp 〒466-8555 名古屋市

昭和区御器所町名古屋工業大学 社会開発工学科

表1 検出された多型遺伝子座

Locus	Allele	D0	DU 1	DL 1	DU 2	DL 2	Natural
mdh-1	a	0.323	0.167	0.067	0.044	0.052	0.190
	b	0.500	0.644	0.700	0.256	0.190	0.452
	c	0.135	0.189	0.167	0.500	0.552	0.238
	d	0.042	0.000	0.067	0.200	0.207	0.119
mdh-2	a	-	0.000	-	-	0.117	-
	b	-	1.000	-	-	0.417	-
	c	-	0.000	-	-	0.367	-
	d	-	0.000	-	-	0.100	-
pgi-1	a	0.177	0.295	0.050	0.056	0.047	0.021
	b	0.698	0.636	0.850	0.411	0.640	0.875
	c	0.115	0.068	0.100	0.444	0.256	0.104
	d	0.010	0.000	0.000	0.089	0.058	0.000
pgi-2	a	0.063	0.222	0.117	0.216	0.357	0.152
	b	0.771	0.567	0.750	0.682	0.536	0.804
	c	0.146	0.211	0.133	0.080	0.095	0.043
	d	0.021	0.000	0.000	0.023	0.012	0.000
pgm	a	1.000	-	-	1.000	1.000	0.107
	b	0.000	-	-	0.000	0.000	0.643
	c	0.000	-	-	0.000	0.000	0.250
ald	a	0.047	0.033	0.200	1.000	1.000	1.000
	b	0.938	0.783	0.500	0.000	0.000	0.000
	c	0.016	0.183	0.300	0.000	0.000	0.000
tpi-1	a	1.000	0.559	0.593	0.071	0.711	1.000
	b	0.000	0.441	0.407	0.893	0.289	0.000
	c	0.000	0.000	0.000	0.036	0.000	0.000
adh	a	1.000	1.000	0.883	0.950	1.000	1.000
	b	0.000	0.000	0.117	0.050	0.000	0.000
acp-1	a	0.085	0.178	0.067	0.133	0.216	0.952
	b	0.809	0.789	0.750	0.601	0.511	0.048
	c	0.106	0.033	0.166	0.133	0.273	0.000
	d	0.000	0.000	0.017	0.133	0.000	0.000
acp-2	a	0.185	0.125	0.133	0.091	0.144	0.042
	b	0.554	0.795	0.783	0.443	0.356	0.729
	c	0.250	0.080	0.067	0.432	0.200	0.063
	d	0.011	0.000	0.017	0.034	0.300	0.167
idh	a	1.000	1.000	0.883	1.000	1.000	1.000
	b	0.000	0.000	0.117	0.000	0.000	0.000
mr	a	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000
	b	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
me	a	0.000	-	0.000	0.333	0.000	0.000
	b	1.000	-	1.000	0.667	1.000	1.000

実験方法

酵素の抽出 植物体 1 g を Tris-Hcl buffer PVP 1ml ですりつぶし、遠心分離した上澄み液を素抽出液として電気泳動の試料とした。Soltis et al (1983)の#5 を用い、支持体はデンブングルを用い、4℃210 分 80mA の定電流で電気泳動を行った。泳動終了後デンブングルを厚さ 1mm にスライスし、各種の酵素の染色を行った。発色は 37℃あんじょうけんかで行い、対立遺伝子頻度の測定を行った。

結果・考察

実験の結果、10 酵素種、16 遺伝子座が検出され、そのうち、多型が 15 遺伝子座で多型が確認された。遺伝的多様性を示す、遺伝子頻度を表 1 に示した。遺伝子の多様度の指数は表 2 に示した。

表 2 多型遺伝子座の割合、対立遺伝子数の平均、遺伝子多様度

Population	A	P	h
D0	2.333	50.0	0.212
DU1	2.182	36.4	0.286
DL1	2.500	75.0	0.286
DU2	2.538	69.2	0.343
DL2	2.571	64.3	0.334
Natural	2.182	54.5	0.208

多型遺伝子座の割合から、各集団の遺伝的距離を求めた結果、図 3 のような系統樹が得られた。

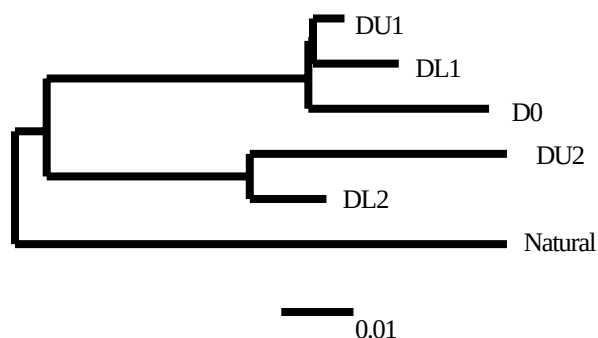


図 3 それぞれの集団の遺伝的距離(NJ 法)

以上の結果から、それぞれの集団の遺伝的分化が非常に大きいことが示された。また、タコノアシは自殖生であるにもかかわらず、近接した個体群間の遺伝的距離が非常に大きいことが示された。このことから、これらの掘削によって発生した個体群はまったく違った埋土種子集団から形成された可能性が示された。また、現在、成立している自然個体群との遺伝的距離も非常に大きく、これらの集団は埋蔵種子集団下欄発生したと考察された実験結果を支持するものとなっている。