

日本におけるケヤマハンノキ倍数体と葉緑体 DNA ハプロタイプの地理的分布

大成建設株式会社 正会員 ○渡邊 敬太
正会員 屋脊下 亮

1. はじめに

生物多様性の保全が求められる中、緑化による遺伝子攪乱を防止する取り組みが進められている¹⁾。一方で、植物には同じ種であっても染色体数が異なる種内倍数性（以下倍数性）の存在が知られている。染色体数が異なる個体間の交配、例えば二倍体と四倍体の交配では染色体数が奇数である三倍体が生じる。奇数倍数体は通常、正常な減数分裂が阻害され子孫を作ることが困難になる。緑化による倍数性の攪乱は、染色体数が異なる個体間の交配の機会を増加させ、次世代の個体数や遺伝的多様性の減少をもたらす可能性がある。倍数性を持つ緑化植物については、遺伝子攪乱と併せて倍数性の攪乱にも配慮が必要である。

本稿では、種内倍数性が知られているケヤマハンノキについて、日本国内の倍数体の分布と、葉緑体 DNA の変異を調査した結果について報告する。



図-1 ケヤマハンノキ（知床半島）

2. 材料

ケヤマハンノキ *Alnus hirsuta* は千島列島や東シベリアから朝鮮半島、日本では、北海道から鹿児島県の霧島山系まで分布する落葉性の樹木で、これまで四倍体（染色体数： $2n=28$ ）と八倍体（染色体数： $2n=56$ ）が報告されている。強健で痩せた土壌でも生育することから、主に砂防用樹種として流通する（図-1, 2）。



図-2 ケヤマハンノキ生産地（福島県）

3. 方法

3-1 サンプルング

北海道から九州までの 36 の自然集団から 451 個体を採集した。ケヤマハンノキ本来の倍数性と、葉緑体 DNA の変異を明らかにするため、植栽された個体や、造成地などの人為的に改変された場所周辺の個体を除外した。

3-2 フローサイトメトリーによる染色体数の推定

445 個体について、フローサイトメーターを使って核酸の蛍光量から染色体数を推定した。

3-3 葉緑体 DNA ハプロタイプの調査

99 個体について *psbA-trnH*, *trnL-F*, *trnD-T* の 3 領域を対象に、サンガー法によって塩基配列を決定した。配列間の塩基置換をもとに緑体 DNA タイプ（以下ハプロタイプ）を決定した。ハプロタイプ間の関係性を調査するために、ハプロタイプの TCS ネットワーク図²⁾を作成した。

キーワード 生物多様性、緑化、遺伝子攪乱、保全、倍数性、葉緑体 DNA

連絡先 〒245-0051 神奈川県横浜市戸塚区名瀬町 344-1 大成建設技術センター TEL 080-1079-7468

4. 結果と考察

4-1 ケヤマハンノキ倍数体の地理的分布

日本国内の27集団445個体は全て四倍体であることが確認された(図-3). 日本国内での主要な倍数体は四倍体であり, 四倍体を用いることで緑化による倍数性の攪乱を低減できると考えられる.

4-2 葉緑体 DNA ハプロタイプの地理的分布

psbA-trnH, trnL-F, trnD-T の3領域, 合計1,545塩基の配列を決定した. 配列を比較した結果, 塩基が加えられたり, 抜け落ちたりする挿入欠失が7箇所, 塩基置換が11箇所確認された. 挿入欠失には系統情報が含まれる可能性があるが, ケヤマハンノキの挿入欠失には繰り返し配列が含まれ, 変異の相同性が明確でないため, 解析から除外した. 塩基置換11箇所を用いたTCSネットワークとハプロタイプの分布を図-4に示す. TCSネットワークでは, ケヤマハンノキには系統的に離れた2つのまとまり, ハプロタイプA, B, C, Dのまとまりと, ハプロタイプE, F, Dのまとまりが認識された. ハプロタイプの分布を見ると, ネットワーク図上で近い位置にある近縁なハプロタイプは, 地理的にも近くに分布する傾向が確認された. 個体数の多い主要なハプロタイプのうち, ハプロタイプFは北海道から東北にかけて高頻度で出現し, ハプロタイプAは東南北部から紀伊半島にかけて高頻度で出現した. ハプロタイプBは中国地方, 四国, 九州で確認された.

以上の結果から, ケヤマハンノキは地域ごとに異なるハプロタイプが分布する地理的構造を持つことが明らかとなった. 緑化でケヤマハンノキの遺伝子攪乱を防止するためには, 遺伝的な解析による緑化対象地周辺と近縁な個体の使用, または, 地理的に近い自生地由来する個体を用いることが有効である.

4-3 まとめ

日本においてケヤマハンノキの主要な倍数性は四倍体であり, 地域ごとに近縁なハプロタイプがまとまって分布する傾向を持つ. 緑化対象地の近くの自生地由来する四倍体のケヤマハンノキを用いることで, 種内倍数性と遺伝的攪乱の低減に寄与することが示唆された.

遺伝的攪乱の評価には葉緑体DNAと併用して核DNAの情報を用いることが有効であり, 今後核DNAを含めた遺伝的攪乱の評価が必要である.

参考文献

- 1) 津村義彦・陶山佳久編 (2015). 地図でわかる樹木の種苗移動ガイドライン, 文一総合出版
- 2) Clement M, Snell Q, Walke P, Posada D, Crandall, K (2002). TCS: estimating gene genealogies. Proc 16th Int Parallel Distrib Process Symp 2:184.

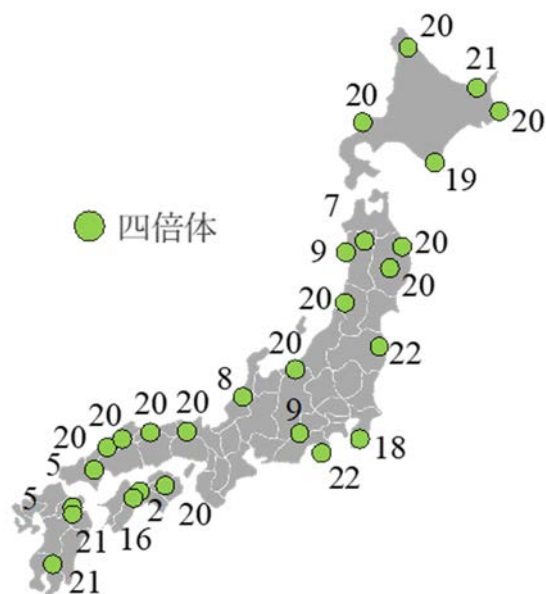


図-3 ケヤマハンノキ倍数体の分布
数字は調査個体数を示す。

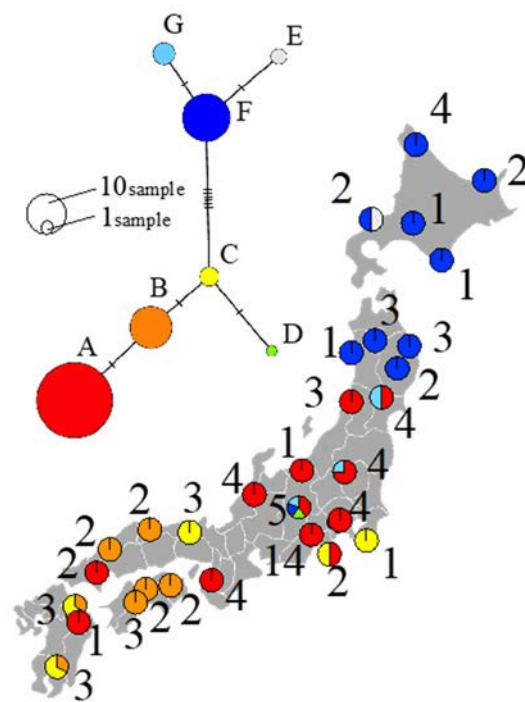


図-4 ハプロタイプのTCSネットワークとハプロタイプの分布図

図中の色の違いはハプロタイプの違いを示し, ネットワーク図の線分の記号は塩基置換の数を示す. 分布図の数字は調査個体数を示す.