

MIG-seq 法を用いた希少植物 (タチスミレ) の地域集団の 遺伝的関係による保全策の検討

Study on Conservation Measures Based on Genetic Relationships Among
Local Populations of Endangered *Viola raddeana* Plant Using MIG-seq

白石祐彰*
Hiroaki Shiraishi

研究の目的

建設工事などの開発行為にあたっては、動植物を保全するために、工事中や工事完了後の生物に対する影響を軽減するための保全措置を計画することを求められることがある。同一の希少種であっても、遺伝的にはっきりと分化した集団を区別しないで保全することは、種が長い期間にわたって経験してきた進化的な履歴を破壊することにつながる。ただし、同一の希少種を必要以上に細かいグループに分け、それぞれを個別に保全することは、より多くの労力と資金を要し、生物保全に使用できる限られた資源 (予算、労力、専門知識など) を浪費する恐れがある。それを避けるため、DNA 解析 (MIG-seq 法) を用いた遺伝的多様性や遺伝構造などの情報から希少植物 (タチスミレ) の地域集団の保全策を提案した。

研究の概要

タチスミレ (写真-1) を茨城県の菅生沼 (A 地点と C 地点)、小貝川の河川敷 (B 地点と D 地点) および渡良瀬遊水地 (W 地点) で採取した (図-1)。A、B、C、D、W の各地点で採取した試料数は、12、16、4、7、12 で、合計で 51 個体であった。

地域的な集団遺伝構造を把握するため、ソフトウェア STRUCTURE Version 2.3.4 を用いてクラスター解析を行った。クラスター解析とは、異なる性質のものが混ざり合った標本の中から、互いに似たものを集めて集落 (クラスター) を作り、対象を分類する方法である。STRUCTURE 解析では共通祖先を持つ遺伝的クラスター (K) を仮定して、各個体がそれぞれのクラスターに割り振られる確率を計算した。

K=2 の個体毎のクラスター配分を図-2 に示す。このグラフは、横方向に 51 個体の祖先性の推定値が並べてある。1 つのクラスター (cluster I) が A 集団と C 集団と W 集団が優占し、もう 1 つのクラスター (cluster II) は B 集団が優占し、D 集団は 2 つのクラスターが混合していた。渡良瀬遊水地 (W 集団) と菅生沼 (A 集団と C 集団) は遺伝的に近いことが示された。渡良瀬遊水地 (W 地点) は利根川の上流に位置し、菅生沼 (A 地点および C 地点) はその下流に位置する。渡良瀬遊水地から菅生沼にタチスミレの種子が移動し、定着した可能性が考えられた。

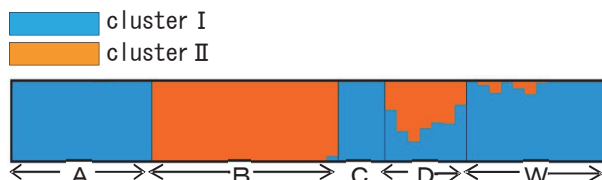


図-2 STRUCTURE 解析の結果



写真-1 タチスミレ



図-1 渡良瀬遊水地と菅生沼と小貝川での採取地

研究の成果

希少植物 (タチスミレ) の地域集団の保全策として、生物保全に十分な予算が確保できない場合は、渡良瀬遊水地のタチスミレ (W 集団) と菅生沼のタチスミレ (A 集団と C 集団) を 1 つの大きな管理単位として扱うことで、遺伝的多様性が維持されると評価することができた。

*技術本部技術研究所環境研究グループ