

## トピックス

### ハナノキの遺伝的多様性の評価

森林総合研究所林木育種センター 育種部 野村 考宏

#### 1 はじめに

ハナノキは、カエデ科カエデ属ハナノキ節の雌雄異株の落葉高木です。我が国における天然分布は岐阜県東南部、愛知県北東部、長野県南部をその主な分布域としていますが、長野県北西部の大町市にも隔離分布しています。その主な生育地は人里に近い湿地であること、また、各集団の個体数が比較的不いことから、絶滅が心配されている植物種であり、環境省のレッドデータリストの絶滅危惧 類 (VU) にランクされています。絶滅の危険性のある希少樹種の適切な保全・管理を行っていくためには、対象樹種の繁殖特性や更新特性を明らかにするとともに、種全体及び各集団の遺伝的多様性を評価し、分布の変遷の予測や集団ごとの絶滅の危険度等を明らかにする必要があります。そこで、第1期中期計画(平成13年度～17年度)において、希少樹種であるハナノキの遺伝資源の保全・管理の指針に資することを目的として、DNAマーカーを用いた分析手法を活用し、遺伝的多様性の評価技術の開発を行いました。

分析対象としました。これらの集団から、平成13年から平成15年にかけて採取した成葉を用いて、3種類のマイクロサテライトマーカーによる分析を行いました。これらの3遺伝子座において9集団全体でそれぞれ20、7、5の計32の対立遺伝子が見出されました。二倍体(2n)の場合、対立遺伝子がヘテロ接合体であれば2つの対立遺伝子が観察されます。しかし、ハナノキでは染色体数の確認は行っていないが、1遺伝子座当たり3つ以上の対立遺伝子が確認されたので、ハナノキには倍数性があると考えられ(北村ら、1971) 各集団の対立遺伝子頻度を推定することができませんでした。そのため、これらの32の対立遺伝子を、対立遺伝子の有無のデータとして解析を行いました。また、これら9集団のうち柄石峠集団においては、ハナノキの株構造を明らかにするため、株内の幹の本数等の調査を行うとともに、個体位置情報と遺伝子型情報から集団内の遺伝構造を解析するためSND統計量を求めました。



写真 - 1 川宇連(愛知県豊根村)のハナノキ自生地

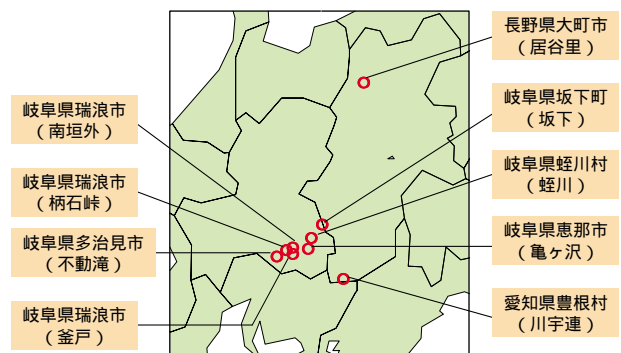


図 - 1 分析対象集団の位置図  
( )内は集団名

#### 3 結果と考察

ハナノキの遺伝的多様性のパラメータを表 - 1 に示します。1遺伝子座当たりの対立遺伝子数( $A$ )は、川宇連集団の1.53から坂下集団の1.78まで(平均1.63)、1遺伝子座当たりの有効な対立遺伝子数( $A_e$ )は、川宇連集団の1.31から不動滝集団の1.40まで(平均1.36)、遺伝子多様度( $H_e$ )は、川宇連集団

表 - 1 集団別及び全体の遺伝的多様性を示すパラメータ

集団名	<i>A</i>	<i>A<sub>e</sub></i>	<i>H<sub>e</sub></i>
南垣外	1.56	1.33	0.190
柄石峠	1.69	1.37	0.222
亀ヶ沢	1.66	1.37	0.218
蛭川	1.63	1.37	0.211
釜戸	1.56	1.36	0.202
不動滝	1.59	1.40	0.226
川宇連	1.53	1.31	0.179
居谷里	1.66	1.35	0.204
坂下	1.78	1.39	0.231
平均	1.63	1.36	0.209
全体	1.97	1.41	0.244

の0.179から坂下集団の0.231まで（平均0.209）を示しました。

遺伝的多様性のパラメータと集団の位置情報（北緯、東経）との相関係数を検討しました。緯度、経度とも1遺伝子座当たりの対立遺伝子数（*A*）、1遺伝子座当たりの有効な対立遺伝子数（*A<sub>e</sub>*）及び遺伝子多様度（*H<sub>e</sub>*）との間で有意な相関は示しませんでした。集団間における遺伝的分化の程度を示す指標である遺伝子分化係数（*G<sub>ST</sub>*）は、0.160となり、ハナノキの持つ全体の遺伝的変異のうち、16.0%が集団間に由来する変異であることがわかりました。集団間の遺伝距離（*D*）をもとに作成したデンドログラムでは、釜戸集団・不動滝集団と、隔離集団である居谷里集団を含む7集団の、大きく2つのクラスターに分かれました（図 - 2）。しかしながら、集団間の地理的距離と遺伝距離（*D*）との間には有意な相関は認められませんでした。

以上の結果から、ハナノキの集団間の遺伝的分化には、地理的な傾向が認められないことがわかりました。

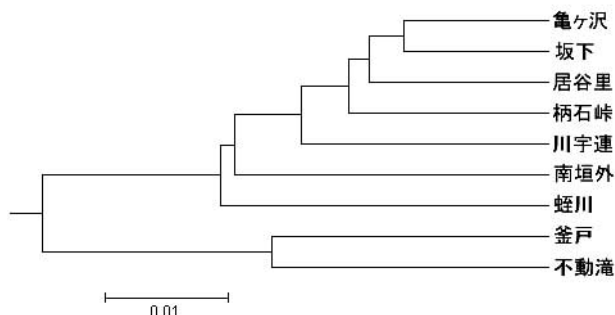


図 - 2 9集団のUPGMA法による遺伝距離のデンドログラム

また、個体数が多い柄石峠集団内において、多幹個体のうち各幹を別個体とした場合のSND統計量による平均コアレルグラムでは、距離階級0 m ~ 5 mで特に0より大きくなり、集中分布が示されました。一方、密接した幹を同一株とした場合のSND統計量の平均コアレルグラムでは、全ての距離階級において0に近い値となり、ランダム分布が示されました（図 - 3）。このことから、密接した幹は同じ遺伝子型を持つ傾向にあり、柄石峠集団は、萌芽によって更新していると推測されました。

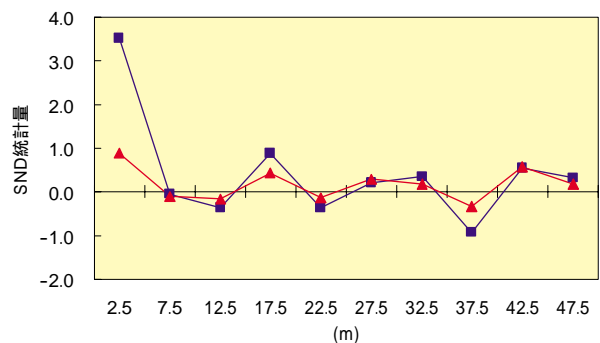


図 - 3 柄石峠集団におけるSND統計量の平均コアレルグラム

■ : 幹を全て異なる個体とした場合  
▲ : 密接し遺伝子型が同じ幹を同一株とした場合

これらの調査結果等を踏まえて作成した「ハナノキの遺伝的多様性の評価マニュアル」は、評価結果とともに、林木育種センター遺伝資源部のホームページ（<http://labglt.nftbcaffrc.go.jp/genebank/index.htm>）で公開されていますのでご覧ください。

#### 引用文献

北村四郎・村田源：原色日本植物図鑑木本編 [ ] 453pp、保育社、大阪、1971