

ダケカンバ (*Betula ermanii*) の遺伝構造と集団動態の歴史

加藤 朱音 (筑波大学 生物学類) 指導教員: 石田 健一郎 (筑波大学 生命環境系)

【背景・目的】

地球温暖化が深刻化するなか、今後の気候変動に対する樹木集団の挙動を予測することは森林の生物多様性を考慮する上で重要である。特に生物多様性の一番小さい単位ともいえる遺伝的多様性は多くの生物種において第四紀(約258万年前～現在)の氷期・間氷期サイクルなどの気候変動に伴う分布変遷の歴史と強く関係している¹⁾。そのため遺伝構造情報から生物種の過去の歴史を評価することは、将来の温暖化影響予測をする上でも重要である²⁾。

本研究ではカバノキ科カバノキ属ダケカンバ (*Betula ermanii*) に着目した。本種は生長の早い先駆種で、森林限界付近にまで分布するため今後の温暖化に対して鋭敏に分布移動など含めて反応することが予想され、温暖化影響評価に適した樹種である³⁾。ここでダケカンバのような被子植物では葉緑体ゲノムは母性遺伝し、集団間の遺伝子流動は種子散布のみで起こるため、両性遺伝する核DNAに比べ、強い遺伝構造を検出しやすい⁴⁾。そこで、本研究では温暖化影響の基礎情報を得るため、ダケカンバが辿ってきた分布変遷の評価を目的に、葉緑体SSR (simple sequence repeat) マーカー⁵⁾を用いた遺伝構造解析を行った。

【材料・方法】

四国以東のダケカンバの国内分布域を網羅するように1集団あたり8~12個体、計44集団489個体を採取した。北海道日高山脈北部の日勝峠、洞爺湖東部のオロフレ峠および渡島半島の横津岳、福島県の吾妻山東部の4地域については標高別(標高差:300~400m)に1集団ずつ供試した。またダケカンバと近縁種との浸透性交雑も評価するためにウダイカンバ (*B. maximowicziana*) 3集団12個体、シラカンバ (*B. platyphylla*) 2集団7個体およびミズメ (*B. grossa*) 2集団4個体も供試した。冬芽および葉からDNeasy Plant Mini Kit (QIAGEN) を用いてDNAを抽出し、予備実験でダケカンバでの多型性を確認した葉緑体SSR4遺伝子座をType it Microsatellite PCR Kit (QIAGEN) を用いてPCR増幅した。これらのPCR産物のフラグメント解析はAB Genetic Analyzer 3130 (Applied Biosystems) を用いて行い、計4種512個体の葉緑体ハプロタイプを決定した。検出されたハプロタイプ間の系統関係をみるためハプロタイプネットワーク図⁶⁾を作成した。GenAlEx ver. 6.5 ソフトウェア⁷⁾を用いて各集団の遺伝子多様度および集団間の遺伝的分化程度を表す F^*_{ST} ⁸⁾を算出した。さらに分子分散解析⁹⁾により4種間および種内の遺伝的変異を階層的に評価した。また、ダケカンバのハプロタイプ分布に系統地理学的構造があるか調べるため、ハプロタイプ間の遺伝距離を考慮した遺伝子分化係数 R_{ST} がそれを考慮しない G_{ST} より有意に大きいかについてPermut&CpSSR ソフトウェア¹⁰⁾を用いて検定した。

【結果・考察】

供試全512個体から16個のハプロタイプ(以下Hap)が検出された。Hap1はウダイカンバ、Hap2はウダイカンバおよびシラカンバでもみられ、Hap15,16はミズメでのみ検出された。ダケカンバではHap1は北海道～東北地方南部に、Hap2は関東地方以南にそれぞれ分布し、関東地方北部をおおよそその境に北方系統と

南方系統に分かれる傾向があった。このような地理的遺伝構造はウダイカンバなどの耐寒性樹種に典型的であるが2系統の境界がそれらより南方に位置する点は高山植物によくみられる遺伝構造¹⁰⁾と近かった。また、葉緑体DNAのPCR-RFLP解析を行った先行研究¹¹⁾の結果と同様にダケカンバのハプロタイプ分布は南北で完全には分化しておらず、 F^*_{ST} は0.725であり、東北地方中南部を堺に南北でハプロタイプ分布が明確に異なるウダイカンバ($F^*_{ST}=0.977$)よりも低い値を示した。またダケカンバではHap1および2には南北の分布パターンはみられたが、 G_{ST} および R_{ST} を用いた検定からは系統地理学的構造は検出されなかった。したがって、ダケカンバはその強い耐寒性のために最終氷期最盛期などの氷期中も他樹種ほど分布縮小せず、南方系の遺伝的組成をもつ個体が氷期の東北や北海道でも生残したなどの歴史的シナリオが推定される。標高別に供試した4地域についてはオロフレ峠でのみ標高別集団からHap1およびHap2が検出され高標高集団のほかがHap2の遺伝子頻度が高いという違いがみられたが、他3地域では標高に関係なく集団は1つのハプロタイプで固定されていた。さらに、山形県の独立峰である鳥海山や、栗駒山、四国などの隔離集団からは主要なHap1および2から大きく分化している固有なハプロタイプが検出された。これらの結果は東北地方の独立峰のような山々は最終氷期最盛期に局所的な逃避地となっていたとしたウダイカンバの先行研究¹²⁾での仮説を支持するものであった。欧州の主要なカバノキ属3種間を対象にした先行研究¹³⁾では、葉緑体ゲノムでは有意な遺伝的分化がみられず、これは同所的に分布する種間での浸透交雑によると考えられている。一方、本研究の供試4種間では葉緑体ゲノムレベルでの有意な遺伝的分化がみられた($F^*_{RT}=0.489$)。これについては同様の結果が得られた先行研究¹¹⁾でも考察されているように種間でのハプロタイプの共有には浸透交雑に加え、祖先多型も影響していると考えられる。ただし、これについては各種のハプロタイプの地理的分布をより詳細に調べ比較する必要がある。今後は両性遺伝する核DNAの遺伝構造解析も行い、ユーラシア大陸データ¹¹⁾も統合し、ダケカンバの集団動態の歴史について総合的な考察を行う。

〈引用文献〉

- 1) Tsuda Y, et al. (2017) Mol Ecol 26: 589-605
- 2) 津田吉晃 (2018) 森林科学 82: 36-39
- 3) Petit RJ, et al. (1993) Heredity 71: 630-641
- 4) Weising K, Gardner RC (1999) Genome 42: 9-19
- 5) Bandelt H-J, et al. (1999) Mol Biol Evol 16: 37-48
- 6) Peakall R, Smouse PE (2012) Bioinformatics 28: 2537-2539
- 7) Meirmans PG, Hedrick PW (2011) Mol Eco Note 4: 792-794
- 8) Excoffier L, et al. (1992) Genetics 131: 479-491
- 9) Pons O, Petit RJ (1996) Genetics 144: 1237-1245
- 10) Fujii N, Senni K (2006) Taxon 55: 43-52
- 11) Tsuda Y, Ide Y (2010) J Plant Res 123: 343-353
- 12) Tsuda Y, et al. (2015) Mol Eco 24: 1403-1418
- 13) Palme AE, et al. (2004) Mol Eco 13: 167-178