

DNA マーカーを利用した景観レベルの生物多様性研究

井鷲裕司（広島大学 総合科学部）

地球上ほぼすべての生態系において、断片化、孤立化、面積の減少といったプロセスが進行しており、生物は孤立化したモザイク状の habitat 内で生育を強いられている。このような状況下において、生物保全や持続可能な生産を達成するために DNA マーカーはどのように有効なのだろうか。また、異なった森林利用オプションが生物多様性に与える影響に関して DNA マーカーを用いて何をモニターすべきだろうか。

生物の生育地が分断化され孤立することで個体群が被る弊害としては、個体数の減少による対立遺伝子の直接的な消失、遺伝的浮動による遺伝的多様性の低下、近交弱勢による活力の低下、等があげられる。これらはいずれも持続的な生態系の管理を目指すにあたって、無視できない重要な項目である。

景観レベルで生物多様性をとらえるには、複数の景観構成要素ごとに種構成の多様性や種内の遺伝的な多様性をとらえるとともに、景観構成要素間の遺伝的なネットワーク、すなわち gene flow を正確に解析する必要がある。例えば、孤立した集団では世代を経るごとに遺伝的浮動によって遺伝的多様性が減少し、さまざまな弊害が現れることが知られている。特に樹木のように遺伝的荷重の大きな生物では遺伝的浮動による遺伝的多様度の低下に伴う近交弱勢については注意を要する。

遺伝的浮動による多様性の低下は gene flow によって効率的にキャンセルされる。例えば 1 世代あたり 1 個体相当の gene flow があれば遺伝的浮動の弊害の 80% は回避できる。生態系間を結ぶコリドーが注目される所以であるが、コリドーの機能評価や、モザイク状に分布する生態系の健全度を評価するためには、DNA マーカーを用いた gene flow の直接的な測定が有効である。

特定の管理方法が森林生態系の遺伝的多様性に与える影響を知るうえで留意しなければならないのが、樹木は寿命が長く、turnover に時間がかかることである。繁殖サイズに達したような個体のみを対象にモニターしても、各種利用オプションによる遺伝的多様性への影響を見逃すことになるだろう。現有の繁殖個体はかなり以前の状態の生態系のもとで受粉し結実した種子に由来するものであり、現時点でも同質の種子が生産されているとは限らない。例えば、ポリネーターの質、量、同種個体群の配置、量が変化することによって、繁殖個体の遺伝的な組成が変化していなくても、飛散してくる花粉や結実する種子の質が変化する可能性がある。

例えば、私たちがホオノキやホンシャクナゲを対象に高精度の DNA マーカーを用いて分析した結果では、種子の花粉親組成は、花や個体ごとに特異で、また林床に見られる稚樹のものとも著しく異なるものであった。送受粉や結実といったプロセスが、わずかな条件の違いに極めて敏感であることを示すものであるが、この事はまた、不適切な管理の元では、繁殖集団自体の遺伝的多様性が保たれていたとしても、次世代への遺伝子の流れを気付かないままに劣化させてしまうことが大いにありうることを示している。

従って、各種森林利用オプションが生態系に及ぼす影響を的確に評価するためには、遺伝的なデータ、それも長期間にわたる更新プロセスの積分値としての繁殖個体を対象とした分析だけでなく、毎年起こるイベントである送受粉・結実・発芽といったプロセスにおける遺伝解析を異なった森林利用オプション下にある景観構成要素で大規模かつ詳細に行うことが必要だろう。

これらのモニターを大規模かつ詳細に行うことは、ほんの数年前までの技術ではかなりの労力を必要とするもので、常識的にはほぼ不可能といえるものであったが、技術的な進歩によって、現在ではさほど難しいものではなくなってきた。

DNA の塩基配列をすべて読み取ることでゲノム構造を明らかにしようとする、労力と費用を要する研究が様々な生物を対象として進められている。このことは生命科学に多大な進歩をもたらしているものであるが、生態科学においても、適切な生態系の管理のために、ただ単に景観構成要素ごとの静的な遺伝的多様性を明らかにするだけでなく、より多くの労力・コストを要するものの、更新プロセスに直接関わる項目の動態や質の変化を DNA マーカーを用いて大規模にモニターし、各種利用オプションの評価を行う事が、持続的な生態系の管理に大きな進歩をもたらすにちがいない。