

## 森林構造の変化が生物多様性にもたらす影響 -樹木個体群と全生物を対象とした解析-

井鷲裕司(広島大学)

森林構造が多様性に与える影響を評価するために、(1)樹木個体群と(2)全生物を対象とした解析を行った。

### 樹木個体群

阿武隈の調査サイトにおける保全された場所と断片化が進んだ場所にそれぞれ生育するホオノキ個体群を対象に、ヘテロ接合度と対立遺伝子数から見た遺伝的多様性、受粉・結実過程、自家受粉率、Two-Generation-Analysis による平均送粉距離を解析し、断片化が樹木個体群の遺伝的性質に与える影響について解析した。

その結果、有効な対立遺伝子数で評価した遺伝的多様性に関しては断片化した森林で有意に減少していたのに対して、ヘテロ接合度の期待値、平均送粉距離、平均花粉親数などにおいては、両者に有意な差は認められなかった。自家受粉率、受精率、結実率に関しては、両者に平均値では差が認められなかったものの、繁殖個体密度に対する感受性は断片化が進んだ林分で高くなっていた。

### 全ての生物を対象とした多様性評価

阿武隈の調査サイトにおいて見られる保全林、二次林、針葉樹植林地、伐採跡地、畑地など、様々なタイプの場所における土壌から DNA を抽出し、その多様性から個々のプロットにおける全生物多様性を評価した。全ての生物が共通して持つ遺伝子の一つとしてリボゾーム DNA 遺伝子座を増幅する PCR で増幅し、これを制限酵素で分解した。異なった生物は異なったリボゾーム DNA 塩基配列を持ち、制限酵素による切断部位が異なり、これにより異なったサイズの DNA 断片を生ずる(TRFLP, Terminal Restriction Fragment Length Polymorphism)。DNA 断片サイズの多様性より、サンプリングを行った場所の生物多様性が評価できる。また、適切な PCR プライマーを用いることで特定の生物グループのみ(例えば、真核生物のみ、あるいは特定の代謝を行うグループのみ等々)を選択的に増幅・解析することも可能である。

阿武隈における各サンプリングサイトでは、特徴的な TRFLP パターンがえられた。この手法は、多種多様な生物を対象とした種の同定という、特に下等生物では困難を極める作業を経ることなくして、地域の生物多様性が可能な点で優れている。

マレーシアの研究サイトとの比較や、それぞれのピークが由来する具体的な分類群もクローニングと DNA シーケンシングにより明らかにする予定である。