

フタバガキ科 *Shorea* 属の分子集団遺伝学的研究

上谷浩一・市栄智明

系統内の多様性は集団内で生じる進化と集団分化によって生じる。集団が分岐した後、それぞれの集団中で新しい突然変異が蓄積することによって、集団ごとに異なる進化が可能になる。このような種分化のメカニズムを解明することは、現在見られる生物がどのように多様化してきたのかを明らかにすることである。また生物集団が保有している遺伝的変異と遺伝構造に関する知見は、生物多様性を生み出す進化ポテンシャルを適切かつ効果的に保全していくために重要である。我々は、生物の適応進化と遺伝的多様性の維持機構を明らかにする目的で、種多様性の著しく高い熱帯雨林生態系の主要構成樹木であるフタバガキ科を対象に、遺伝的変異の研究を行った。

東南アジア低地熱帯雨林の林冠層を構成する主要樹木であるフタバガキ科を対象に分子系統解析を行った。以前行った葉緑体 DNA 配列を用いた系統解析と同様のサンプルを用い、核遺伝子ホスホグルコースイソメラーゼの塩基配列を解析した。その結果、マレー半島に固有の一属一種に分類されているネオバラノカルプス属がショレア属とホペア属の雑種から進化したこと、ショレア属内グループ間の詳細な系統関係を明らかにした。

同所的に生育するショレア属近縁種の複数核遺伝子座の塩基配列を解析し、種分化後に起こった遺伝子交換の進化的意義について調べた。DNA 配列解析の結果から、近縁種間では種分化後に遺伝子交換が起こったこと、祖先集団の集団サイズが現存種のものより小さいことがわかった。また、遺伝子交換が種系統樹と遺伝子系統樹の不一致の主原因となることを明らかにした。本研究は、熱帯雨林構成樹木の DNA 配列レベルでの遺伝的変異量を推定した初めての例であり、熱帯雨林構成樹木は個体群密度が非常に低いにもかかわらず、自然集団内の遺伝的多様性は温帯の広域分布種をそれほど変わらないことを示した。