

[自主研究]

生物多様性保全に関する遺伝子解析技術の確立

アマウリ アルサテ 三輪誠 嶋田知英 米倉哲志 小川和雄

1 目的

今日、我が国では、約670種の動物と約2,000種の植物が絶滅の危機に瀕しており、生物多様性の崩壊が懸念されている。このことから、生物多様性の保全とその対策は、緊急に取り組むべき課題であると考えられる。

生物多様性は、「生態系」、「種」および「遺伝子」の3つのレベルからなる概念である。すなわち、遺伝子の多様性が種の成り立ちを支え、種の多様性が生態系の多様性を維持する基礎となっている。従って、生物多様性の保全対策を策定する場合、上記の3つのレベルでの保全を考慮する必要がある。しかしながら、遺伝子レベルの多様性(遺伝的多様性)に関しては、日本産生物(約42,000種)の99%について、いまだ調査されていないのが実状である。

これまで、国および地方自治体は、レッドデータブックの編纂等、様々な手法を用いて生物多様性の保全につとめてきた。埼玉県では、絶滅の恐れのある種について、その生息状況と絶滅の危険度をとりまとめ、平成8年3月には「さいたまレッドデータブック 動物編」、平成10年3月には「さいたまレッドデータブック 植物編」を発行した。これらに続き、平成12年3月には、「埼玉県希少野生動植物の種の保護に関する条例」が制定された。この条例に基づき、「県内希少野生動植物種」として22種が指定され、捕獲や採取の制限等により、これらの種の保全対策が実施されている。しかしながら、この対策では、遺伝的多様性の保全はほとんど考慮されていない。

そこで、本研究では、埼玉県内において絶滅の恐れのある種や、開発等により生息域が縮小されつつある種等の遺伝的多様性およびそれらの繁殖様式を、遺伝子解析技術を導入して調べるとともに、これらの結果に基づいて、種の保全対策を策定するための具体的な方法論を確立することを目的とする。

平成15年度は、県内希少野生動植物種に指定されているミヤマスカシユリ(*Lilium maculatum* var. *bukosanense*)を研究対象として選定し、そのDNAマーカーのひとつとして、葉緑体DNAの利用を試みた。

2 方法

県内唯一の自生地である武甲山において、ミヤマスカシ

ユリの葉をサンプリングし、CTAB法によりDNAを抽出した。抽出したDNAを鋳型とし、既存の葉緑体DNA増幅プライマー対を用いて、葉緑体DNAをPCRで増幅した。鮮明にPCR増幅された葉緑体DNAは、制限酵素で切断した後、アガロースゲル電気泳動にかけ、バンドパターンを比較した。

3 結果

ミヤマスカシユリの葉緑体DNAを、16のプライマー対を用いてPCR増幅した結果、その内の4つのプライマー対を用いたときにだけ、鮮明なPCR増幅産物が得られた。これらのPCR産物は6種類の制限酵素で切断された後、電気泳動パターンが比較された。すなわち、プライマー対と制限酵素の組み合わせで、24通りの組み合わせが試された。その結果、24通り全ての組み合わせに対して、全てのミヤマスカシユリが同一のバンドパターンを示した(図1)。この結果は、これらの全ての個体の母親起源が遺伝的に著しく近いことを示唆している。

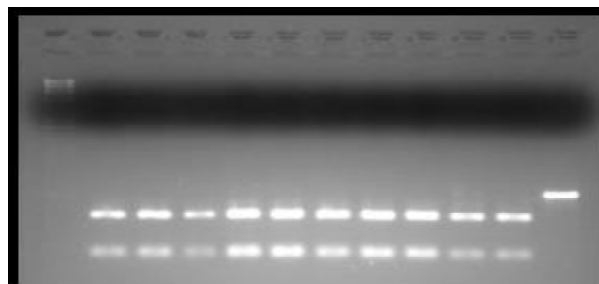


図1 PCR増幅されたミヤマスカシユリの葉緑体DNAを制限酵素で切断したときの電気泳動パターンの一例。

4 今後の研究方向等

現在、ミヤマスカシユリのDNAマーカーとして、核DNAの利用を試みている。また、組織培養を用いたミヤマスカシユリの人工増殖法についても検討を進めている。今後は、葉緑体および核DNAマーカーによるミヤマスカシユリ個体群の遺伝子解析の結果と、組織培養を用いたミヤマスカシユリの人工増殖法を利用して、ミヤマスカシユリに関する保全対策を具体的に検討していきたいと考えている。