

[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

現在地球上には、知られているだけでも150万種以上の生物が発見されており、未発見の種も含めると1,000万種以上の生物が存在すると推測されている。このように、地球上には多様な生物種が存在している。しかしながら、これらの種は、日々驚異的なスピードで絶滅し続けており、生物多様性の危機が以前から指摘されている。

このような状況下で、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、「さいたまレッドデータブック 動物編」および「同 植物編」を発行した。また、「埼玉県希少野生動植物の種の保護に関する条例」が公布され、これに基づき、「県内希少野生動植物種」として22種(動物3種、植物22種)が指定された。これらの種については、捕獲や採取の制限等により、保全対策が実施されている。しかしながら、この保全対策では、その種の生息・生育現場における繁殖様式や遺伝的多様性等の科学的根拠が全く考慮されていないのが実状である。

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・生育域が縮小されつつある種の繁殖様式や遺伝的多様性を、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方法論を確立することを目的とした。なお、本研究を進めるにあたり、県内では武甲山にのみ生育し、県内希少野生動植物種にも条例で指定されているミヤマスカシユリ(*Lilium maculatum* var. *bukosanense*)を研究対象に選定した。

平成15年度は、葉緑体DNAマーカーを用い、ミヤマスカシユリ自然個体群の遺伝解析を試みた。その結果、武甲山に生育するミヤマスカシユリ個体群では、母親の由来が遺伝的に極めて近いことがわかった。平成16年度は、核DNAマーカーを用い、ミヤマスカシユリ自然個体群の遺伝解析を試みたので報告する。

## 2 方法

武甲山に生育するミヤマスカシユリ個体群から46個体の葉を採取し、それらからDNAを抽出した。抽出したDNAを鋳型とし、既存の核DNA増幅プライマーを用いて、核DNAをPCRで増幅した。そのPCR増幅産物をアガロースゲル電気泳動

にかけ、個体間でバンドパターンを比較した。

## 3 結果と考察

本研究では、5種類の核DNA増幅プライマーを用いて、採取された46個体のミヤマスカシユリの核DNAを増幅し、それらの電気泳動パターンを比較した。その結果、2個体を除く、44個体全てのミヤマスカシユリが異なる電気泳動パターンを示した(図1)。このことは、採取した46個体のミヤマスカシユリのうち、少なくとも44個体は種子により繁殖したことを示しており、武甲山のミヤマスカシユリ個体群では、主に種子繁殖が行われていることが示唆された。また、各個体の電気泳動パターンより、個体間の遺伝距離を算出した結果、個体群内および個体群間のいずれにおいても、個体間の遺伝的類似性が著しく高いことがわかった。

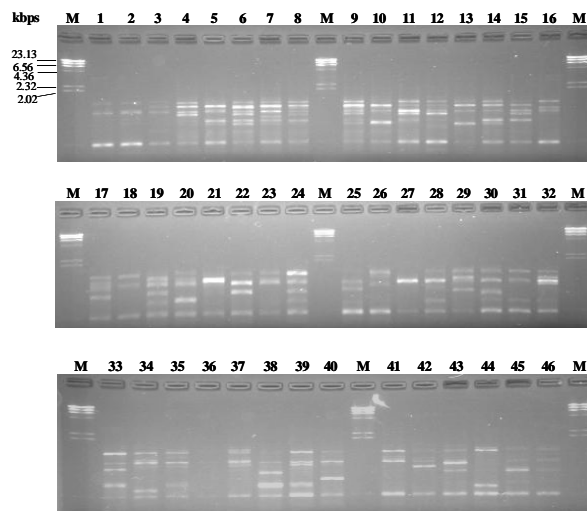


図1 増幅された核DNAの電気泳動パターンの一例

## 4 今後の研究方向等

平成15年度および16年度における遺伝子解析技術を導入した研究により、武甲山に生育するミヤマスカシユリ個体群では、①母親の由来が遺伝的に極めて近いこと、②主に種子繁殖が行われていること、③個体間の遺伝的類似性が極めて高いことがわかった。また、ミヤマスカシユリの球根鱗片から植物体を効率よく再生する人工増殖法も確立した。今後は、これらの研究成果等を踏まえて、ミヤマスカシユリの具体的な保全策の検討が必要である。