

【話 題】

地球環境の特集「遺伝的多様性から眺めた日本の森林」の紹介

福山 研二^{*1}

はじめに

私が所属している国際環境研究協会では、「地球環境」という和文誌と英文誌を年に4回ほど出している。編集委員会の中で、近年の森林の話題を取り上げるようになったが、その中でもDNA解析技術の急速な進歩による、新しい森林の姿が見えてきていることを取り上げることとなった(図-1)。

日本列島は、南北に長いうえに、本州や九州、四国などの大きな島、琉球列島や佐渡島、淡路島など小さな島、小笠原、大東島などの大洋島に分かれており、脊梁山脈や大きな川などにより障壁ができています。そのおかげで、生物はそれぞれ、移動分散が適度に妨げられて、独自の地域個体群が進化していくことができたと思われる。そういう意味では、世界でもまれに見るユニークな島とすることができる。

そうした観点から生物の分布を研究したのが生物地理学である。これまで、特に海などを渡ることができない哺乳動物などの分布の特性と地史の変遷から、いくつかの分布境界線というものがあるが提案されている。これらは、ほとんどが海に引かれている。海が最大の障壁となることから、当然と言えば当然である。しかし、近年の分子生物学とその技術の飛躍的發展により、これまで見えてこなかった、海以外の分布の境界の存在や遺伝的な違いが見いだされるようになってきたのである。

日本列島の樹木の遺伝的なりたちと保全

本特集では、まず、わが国の代表的な森林を構成する樹木について、近年の分子生物学の情報によりどのようなことが見えてきたのかを、森林総合研究所の津村義彦氏に「日本列島の樹木の遺伝的なりたちと保全」と題し



図-1 地球環境 Vol.18 No.2 (2013) の表紙 (ISSN: 1342-226X)。A4 版、198 ページ。

て全体的なレビューをお願いした。その中で、南方由来と北方由来による遺伝的な違いを、ハイマツを例に示し、日本海側と太平洋側の違いをブナやスギを例に解説されている。また、樹木の種苗移動ガイドラインの重要性として、近年の遺伝的攪乱の問題を示し、どのようなゲノムに基づいてガイドラインを作るべきかなどについて述べ、森林の遺伝的保全是如何にあるべきかについても言及されている。

* E-mail: fuku_ken@nifty.com

¹ ふくやま けんじ 一般社団法人国際研究協会プログラムオフィサー・信州大学農学部特任教授・森林総合研究所フェロー

日本に広域分布する落葉広葉樹における 遺伝的多様性と集団遺伝構造

これまで、わが国の人工林は、ほとんど針葉樹のみを対象としてきており、そのため地域性を考慮した苗木の移動制限などの育種法が作られているが、広葉樹についてはまだ確立していなかった。

近年は、広葉樹類についても遺伝的な解析が進んできていることから、温帯林を代表する落葉広葉樹類について、名古屋大学の戸丸信弘氏に「日本に広域分布する落葉広葉樹における遺伝的多様性と集団遺伝構造」と題して執筆していただくことにした。

落葉広葉樹は、種内の地域集団の間の遺伝的違いはあまりないが、地域集団内では、かなり異なっており、全体としての多様性を高めていることがわかった。また、多くの樹種は西日本で多様性が高い傾向が見られた。

針葉樹の遺伝的多様性と遺伝構造

針葉樹類については、陶山佳久（東北大学）と津村義彦（森林総研）両氏に「針葉樹の遺伝的多様性と遺伝構造」と題して執筆していただいた。

主な針葉樹については、分布の端の方で、遺伝的に異なるものがあり、多様性が低くなっていること、遺伝的多様性に連続的地理勾配が見られること、分布の中心や推定避寒地などでは、多様性が高い、地理的障壁が遺伝境界になっていることなどがまとめられている。

照葉樹林の遺伝的多様性と分布変遷

日本の西部地域に分布しているシイ・カシなどの照葉樹林と呼ばれる、常緑広葉樹については、これまであまり研究が進んでいなかった。今回、斬新な手法によりブレイクスルーした研究の最前線を、首都大学東京の青木京子・村上哲明両氏に「照葉樹林の遺伝的多様性と分布変遷：植食性昆虫の分子情報も利用して」と題して書きおろしていただいた。

日本の代表的な、照葉樹であるシイ類は、葉緑体 DNA の変異が少ないため、遺伝分化の研究が難しかったが、種特異的に寄生する昆虫類（シイシギゾウムシ）の遺伝的多様性を利用して、それを物差しとすることにより、シイ類の分布変遷を推定することができた。

遺伝的多様性からみた希少樹種の現状と保全

希少種の問題としては、希少種を保全する上で重要な、遺伝構造や地域性などについて、森林総合研究所の金指あや子氏と吉丸博志に「遺伝的多様性からみた希少樹種の現状と保全」と題したレビューをお願いした。

日本の希少樹種は、森林伐採や開発などにより衰退しており、自生地の多くは分断小集団化がすすんでいるため、遺伝的多様性が減少し、近交弱性や更新不良などを起こしやすくなっている。これに対して、保全単位を設定することにより、集団間の遺伝子流動を保障し、健全な更新をはかっていくことが大切であり、そのために近年の遺伝解析技術が役立つと述べている。

全個体遺伝子型解析による絶滅危惧植物の保全

京都大学の井鷲裕司氏には、残存個体すべてのジェノタイプングにより、より有効な保全を行うことを目指して、「全個体遺伝子型解析による絶滅危惧植物の保全」と題して最近の成果を報告してもらった。

個体数が数百オーダーまで激減している希少種については、全個体の遺伝子を解析することによる、有効な保全策が可能になる上、盗掘などの防止にも役立つことをハザクラキブシとシモツケコウホネを例に示してくれた。

遺伝的多様性から見えてくる日本の哺乳類相

森林に生息する動物の代表として、ほ乳類について、山形大学の玉手英利氏に「遺伝的多様性から見えてくる日本の哺乳類相：過去・現在・未来」と題してレビューをお願いした。わが国のほ乳類は、大陸と同じ亜種も多いが、日本固有種もいる。生物地理学では重要な研究材料であったが、さらに分子生物学的手法により、新しく見えてきたほ乳類の過去現在未来が興味深く解説されている。

森に棲む昆虫の分子生態：森・虫・ひとの関わり

森林昆虫の中で、特に樹木と密接なかわりをもつ昆虫類についての最近の研究を、森林総合研究所の加賀屋悦子氏に「森に棲む昆虫の分子生態：森・虫・ひとの関わり」と題して報告してもらった。これは、マツノマダ

ラカミキリやカシノナガキクイムシなど、近年わが国で重大な被害をもたらしている害虫の問題を、分子生物学的手法と加害樹木との相互関係から被害がどのように広がっていったのかについて、推定したものである。常緑広葉樹をめぐる青木氏の研究が、樹木の分散課程を推定するために昆虫を用いたのとは、ちょうど裏側の形となっている。植物研究者と昆虫研究者がそれぞれ逆の方向から進んで、同じところに行き着いたというところであろうか。

一方で、この特集から、生きものは常に流動的であり、ダイナミックに変動しながら生存していることが見えてきた。そして、今や人為的な影響が無視できないほど日本列島の彩りを乱してきている。外来種問題は、言ってみれば、美しい彩りに醜いシミを作るようなものである。日本列島を彩っている、生きものたちの多様性の綾錦が、今後どのように変わっていくのか、どのように保全したらいいのかを考えていくための一助となればと願う次第である。