

## 風穴地を含む地域における高山植物コケモモ集団の遺伝構造

環境資源学専攻 森林・緑地管理学講座 森林生態系管理学 下川部 歩真

### 1. はじめに

近年, 気候変動により高山植物種の生息域が上昇しており, 生息地の縮小が懸念されている。過去の気候変動の際には, 生物種は広域的な生息適地 (macrorefugia) だけではなく, 広域的には生息が不適な地域内に存在する局所的な生息適地 (microrefugia) でも長期的に生き残ってきたと考えられている。しかし, 小規模個体群である microrefugia では, 近親交配等によって絶滅リスクが高くなり, 個体群維持に遺伝子流動や遺伝的多様性等の遺伝的要因が強く影響すると考えられる。

間氷期の現在, 中緯度に位置する日本の高山帯は, 高山植物種にとって最終氷期の残存個体群が生育する microrefugia であると考えられる。加えて, 高山植物はより局所的な冷温地である低標高森林帯の風穴地にも生育しており, 風穴地も microrefugia として個体群を維持してきた可能性がある。そこで, 本研究では, 高山植物コケモモ *Vaccinium vitis-idaea* を対象として, 風穴地と高山帯を含む地域において, コケモモ集団の遺伝構造を明らかにする。そして, 気候変動下における風穴地や高山帯の microrefugia としての可能性と種の保全について議論する。

### 2. 方法

2013年8~9月にコケモモの葉を, 北海道遠軽町の風穴地8地点と付近の高山帯5地点から, 各地点23~31サンプル, 計393サンプル採取した。遺伝子解析には7組のマイクロサテライトマーカーを用いた。遺伝子流動の指標として遺伝距離  $D_{sw}$  を算出し, 遺伝距離と地理的距離の関係を調べた。遺伝的多様性の指標としてアレリックリッチネス (サンプル数補正した対立遺伝子の数), 集団特有の対立遺伝子数を算出した。また, アレリックリッチネスを応答変数, 平均  $D_{sw}$  (各集団について全集団との組み合わせの平均値) を説明変数にして単回帰分析を行った。

### 3. 結果と考察

サンプルの遺伝子型から, 風穴地では数十 m のコケモモのクローンが存在することがわかった。風穴—風穴間と高山—高山間では同程度の地理的距離にもかかわらず, 風穴—風穴間のほうが遺伝子流動が起こりにくい傾向が見られた。遺伝的多様性は風穴地のほうが高山帯より有意に低かった。しかし, 風穴地においても遺伝的多様性が比較的高い集団が確認され, その集団は他集団との遺伝子流動が大きい傾向が示された。したがって, 風穴地は高山帯に比べて孤立しやすく, クローンによって長期的に存続している可能性が高いが, 時々起こる遺伝子流動により遺伝的多様性の低下が防がれていると考えられる。高山帯は活発な遺伝子流動と大きな集団サイズにより高い遺伝的多様性が維持されていると考えられる。また, 風穴地と高山帯で特有の対立遺伝子が見られたことから, 突然変異を起こすだけ長期間, 個体群が存続している可能性が示唆された。更なる検証は必要だが, 風穴地も高山植物コケモモの microrefugia として機能してきたといえるだろう。

### 4. おわりに

風穴地や高山帯では将来も個体群の存続が可能かもしれないが, 今後温暖化が進行すれば, microrefugia の集団サイズおよび遺伝的多様性の減少が起こる可能性がある。風穴地や高山帯では固有かつ多様な遺伝子型が見られるため, 遺伝的多様性の保全には地域全体での生息地の保全が重要となる。それにより, 適した気候に改善した際, そのような地域は重要なソースとなるであろう。