

「森林の多面的機能」
解説シリーズ

第1回 遺伝子保全

森林遺伝研究領域 長坂 壽俊

生物多様性を構成する重要な要素が種の多様性と遺伝子の多様性です。生物多様性の保全のためには、遺伝子多様性が森林の中でどのように維持され、また人間の行為によってどのような影響を受けるかを解明し、それらの知見にもとづいた森林の取り扱いをすることが必要になります。

ブラジルでの地球サミットで採択された「生物の多様性に関する条約（平成4年）」に基づいて策定された「生物多様性国家戦略（平成7年）」においても、種内すなわち遺伝子の多様性は新しい概念として認識され、その構造や攪乱などの現状を正確に把握することが急務であると述べられています。また、同一種と分類される中であっても、地理的に隔離された地域個体群の間では一般に地域ごとに適応した遺伝子を持っており、こうした地域個体群の保全が重要であることも強調されています。さらに、平成14年に作り変えられた「新・生物多様性国家戦略」においても、「自然と共生する社会」を実現するための三つの目標として、1) 各地域固有の生物の多様性をその地域の特性に応じて適切に保全すること、2) とくに日本に生息・生育する種にあらたに絶滅のおそれが生じないようにすること、3) 世代を超えた自然の利用を考えて生物の多様性を減少させず持続可能な利用を図ることが掲げられています。

近年、遺伝子多様性の解析に有効な多数の新しいDNA分子マーカーの開発が、ゲノム解析の対象であるスギを中心に急速に進められ、基本染色体数の11本に取れんした基盤連鎖地図が作成されるようになりました。11本の連鎖群には約500のDNA遺伝子座の各染色体上での位置関係が地図として示されています。スギ天然林の遺伝解析では、このうち100遺伝子座を利用することにより、これまでの手法では検出されなかった地域間でのわずかな特徴、例えば、東日本よりも紀伊半島以西の西日本集団の方が遺伝子多様性が高い傾向にあるとか、表スギといわれる太平洋側の集団と、裏スギといわれる日本海側の集団とは遺伝的に分化しているということが明らかになりました。

また、屋久島及び種子島に分布するヤクタネゴヨウ、東海地方のシデコブシ、恵那山を中心とした長野県南部、岐阜県東南部、愛知県北部のごく限られた地域にしか分布しないハナノキ等、絶滅が危惧される希少樹種についても、各々の小集団の遺伝子多様性の違いを詳細に解析し、貴重な種の遺伝変異が失われないように保全方法を考える必要があります。

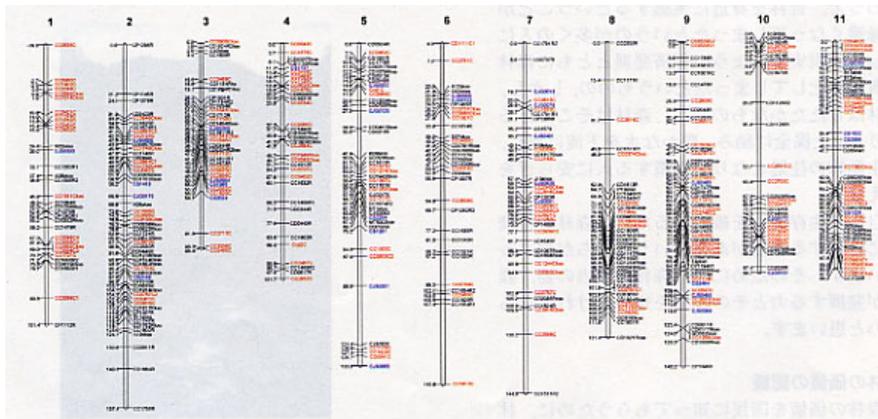


図 スギの基盤連鎖地図を利用することにより染色体レベルでの遺伝子多様性研究が可能になる。