

助成年度：平成 15 年度

[所属] 愛媛大学農学部

[役職] 教授

[氏名] 原田 光 (他計 3 名)

[課題]

熱帯雨林の分子生態学

—その多様性の解明と保全—

[内容]

本研究では熱帯林樹木の多様性研究の基盤づくりとして遺伝子-データバンクの構築をおこなうとともに、特に東南アジアの熱帯雨林生態系の構成種として重要なフタバガキ科樹種の集団の遺伝構造の解析を行った。

サラワク州の 8 カ所の天然林および 3 カ所の人工林から合計 5,092 個体の葉のサンプル採集を行い、3,000 以上の個体から DNA を抽出して遺伝子-DNA バンクとして保存した。この中には 27 科 40 属 127 種以上が含まれている。これらを用いて種レベル、集団レベル、個体レベルの様々な解析が可能になる。この遺伝子バンクを用いて最初にランビル国立公園および近郊のバカム人工林においてフタバガキ樹種 4 種の遺伝的変異量の推定と比較を行った。マイクロサテライトによる解析では自然林で人工林よりも大きな変異が見られた。AFLP による解析では遺伝的変異量は温帯の優占種であるブナやミズナラに比べ 2~5 倍大きいことが明らかになった。さらに葉緑体の塩基配列の変異を用いてハプロタイプの地理的分布を調べた。Dryobalanops 属の近縁の 2 種、*D. aromatica* と *D. beccarii* について調べたところ、両者あわせて 12 のハプロタイプが検出され、これによって地域的に分化する 3 つのグループが区別された。*Shorea* 属について *S. beccariana* では、14 のハプロタイプが検出されたが、地理的な関係と集団の系統関係との相関は見られなかった。また、*S. macrophylla* では 2 つのハプロタイプが検出されたが、明確な遺伝的な分化が生じていなかった。ここで示した遺伝子解析の結果は今後の生態系修復や持続的な森林資源の管理を有効に進めるために大いに役立つと考えられる。