

F-091 絶滅危惧植物の全個体ジェノタイピングに基づく生物多様性保全に関する研究
(H21～H23)

<研究課題代表者>

京都大学大学院 農学研究科 教授 井鷲 裕司

<研究参画者の所属機関>

京都大学、東北大学、熊本大学、北海道大学

<研究の概要（背景、目的、内容）>

自然環境に対する人為インパクトの増大によって、多くの生態系で生物多様性が低下しつつある。例えば、日本列島には変種や亜種も含めると約7,000種の維管束植物が分布しているが、そのうち2割を超える種が、何らかの形で絶滅の危機にさらされている。生物個体群の遺伝的特徴は、絶滅危惧種の動態に対して大きな影響力を持つため、適切な保全方法を確認し、生物多様性の減少を食い止めるためには、個体レベルの詳細な遺伝情報が必要であるが、多くの絶滅危惧種においては、いまだにその様な情報を利用できる状態には至っていない。本研究では、異なった生育域、分類群の20種の絶滅危惧植物を解析対象とし、全残存個体のジェノタイピング（遺伝子型を読み取ること）と数理解析を行うことにより、生物多様性に関してより理解を深めると共に、合理的な保全手法を確立する事を目的とする。

<研究終了時の達成目標>

- ・多様な環境に生育する絶滅危惧植物の遺伝的特性が明らかになるとともに、経時的モニタリングを行うことで、危機状況をこれまでにないレベルで評価できるようになる。
- ・絶滅危惧種の個体群維持のために必要不可欠である、人工繁殖における交配相手や、移植場所等を、遺伝情報に基づいて適切に決定できるようになる。
- ・全個体ジェノタイピングによって、残存するすべての個体に遺伝的タグが付与されることから、違法盗掘に対する有効な防止策が構築できるようになる。
- ・絶滅危惧植物の個体群の持続可能性や生物学的特徴に基づいた脆弱性の評価が可能になる。

<平成21年度計画（34,896千円）>

- ・定常的な人為インパクト下にある絶滅危惧植物4種、高山に生育する絶滅危惧植物2種、シダ植物の絶滅危惧植物2種を対象に、マイクロサテライト遺伝マーカーの開発と生育地における全個体の位置情報、繁殖状況調査およびDNA解析のための全個体サンプリングを行う。
- ・個体レベルの詳細な位置情報と遺伝子型情報を活用して、生物多様性の持続可能性や脆弱性を解析できる新たな数理モデルの開発を行う。

<平成22年度計画>

- ・定常的な人為インパクト下にある絶滅危惧植物4種、高山に生育する絶滅危惧植物2種、シダ植物の絶滅危惧植物2種を対象に遺伝マーカーの開発と全個体サンプリングを行う。
- ・平成21年に遺伝マーカーの開発と全個体サンプリングの終了している、定常的な人為インパクト下にある絶滅危惧植物4種、高山に生育する絶滅危惧植物2種、シダ植物の絶滅危惧植物2種について全個体の遺伝子型解読を行う。
- ・引き続き数理モデルの開発を行うと共に、当該年度内に得られる、8種の絶滅危惧植物に関する個体レベルの位置情報、繁殖状態、遺伝子型情報を用いて、モデルへのあてはめ、検討を行う。

<平成23年度計画>

- ・定常的な人為インパクト下にある絶滅危惧植物2種、高山に生育する絶滅危惧植物1種、シダ植物の絶滅危惧植物1種を対象に遺伝マーカーの開発と全個体サンプリング、全個体の遺伝子型解読を行う。
- ・遺伝子型解読が終了した全20種を対象に、各種遺伝解析を行い、総合評価する。
- ・全20種の絶滅危惧植物について、個体レベルの位置情報、繁殖状態、遺伝子型情報を活用した数理モデルによる解析を行う。絶滅危惧植物メタ個体群の持続可能性や脆弱性について総合解析を行う。

<国外の協力・連携機関、研究計画名>

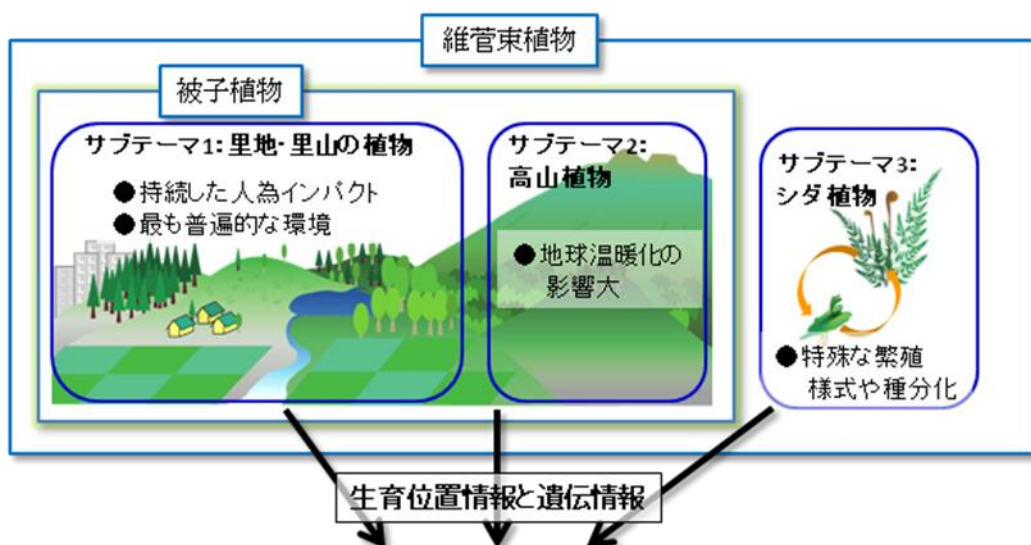
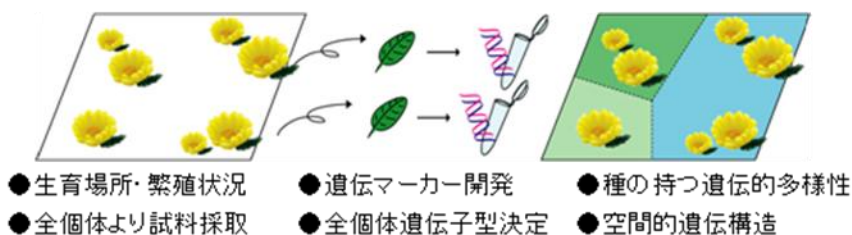
なし

研究参画者一覧（平成21年度）

研究課題名	F-091 絶滅危惧植物の全個体ジェノタイピングに基づく生物多様性保全に関する研究
＜研究体制・組織＞ 研究代表者 井鷲 裕司 京都大学大学院農学研究科教授（48才） ◎ (1) 定常的な人為インパクト下にある絶滅危惧植物保全に関する研究 井鷲 裕司 京都大学大学院農学研究科 教授 ○ (2) 地史的環境変動と近年の温暖化リスク下にある高山における絶滅危惧植物保全に関する研究 陶山 佳久 東北大学大学院農学研究科 准教授 ○ (3) 絶滅危惧シダ植物保全に関する研究 高宮 正之 熊本大学大学院自然科学研究科 教授 藤井 紀行 熊本大学大学院自然科学研究科 准教授 ○ (4) 全個体ジェノタイピングおよび位置情報に基づく絶滅危惧植物個体群の持続可能性評価に関する研究 佐竹 暁子 北海道大学創成科学共同研究機構 特任助教	

F-091 絶滅危惧植物の全個体ジェノタイピングに基づく生物多様性保全に関する研究

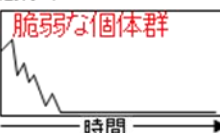
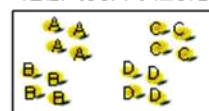
サブテーマ1～3：様々な分類群を対象とした全個体ジェノタイピング



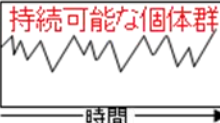
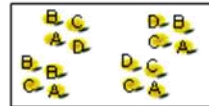
サブテーマ4：空間構造モデルによる解析

- 位置情報、遺伝情報を組みこんだ数理モデルによる解析
- 種間、個体群間の生態学的・遺伝学的差異と持続可能性の関連解析

・遺伝的変異の偏った空間分布



・遺伝的変異の均一な空間分布



期待される研究成果

生物多様性保全に対する直接的貢献

- 適切な移植範囲の設定
- 遺伝子汚染の検出と防止
- 効果的な保護地域の設定
- 個体群の持続可能性評価、等々

社会的取組みに対する知見の提供

- 生物多様性条約（COP10）
- 生物多様性国家戦略
- 種の保存法
- 世界植物保全戦略
- 自然再生事業
- モニタリング1000
- NGO等による生物保全活動、等々