

森林樹木種および外生菌根菌種の網羅的分子遺伝解析と分子生態データベースの構築

宝月 岱造 (東京大学大学院 農学生命科学研究科 教授)

【概要】

森林における植生分布やその遺伝的特性は、構成する生物種の繁殖機構に依存するところが大きい。従って、気候温暖化による森林植生分布変化、森林の多様性維持、持続的森林管理を考える場合、まず、森林を構成する生物種それぞれの繁殖機構を理解する必要がある。森林樹木やそれに共生する菌類は、短い時間スケールで考えると、種に固有の花粉散布様式、種子散布様式、胞子散布様式に基づいて、個体群の繁殖を維持している。また長い時間スケールで考えると、それぞれの繁殖機構に基づいて、固有な遺伝地理的構造を形作ることになる。本研究では、森林生物の繁殖機構を総合的に理解するために、出来るだけ多数の樹木種および樹木の生長に不可欠な外生菌根菌種を網羅的に選び、それぞれの繁殖プロセスの特徴を、分子生態学的手法を用いて解析する。また、樹木種に関しては、遺伝地理的構造も解析する。さらに、両者をあわせて、分子生態データベースの構築を目指す。具体的には、分布域や風媒虫媒の別をもとに網羅的に選んだ樹木種、および系統的位置や生息環境の別をもとに網羅的に選んだ菌根菌種を解析対象とする。これらについて、マイクロサテライト多型解析を行い、花粉散布機構、種子散布機構、胞子散布機構を明らかにする。菌根菌に関しては、地下群集構造(種構成)の解析も合わせて行う。また、樹木種については、葉緑体 DNA の多型解析により、日本における遺伝分化状況も明らかにする。それにより、多数の樹種と菌種について繁殖プロセスと遺伝地理的構造とを明らかにし、分子生態データベースを構築する。

【期待される成果】

学術的には、これまで少なかった、樹木や外生菌根菌の繁殖プロセスに関する詳細な情報が一気に蓄積され、樹木や菌の普遍的な繁殖特性や、それに対する影響要因が明らかになることが期待される。特に、外生菌根菌のマイクロサテライト多型解析研究は、私達の研究グループが先鞭を付けたもので、本研究により、引き続きこの種の研究を世界的に牽引することになる。本研究では、我が国の多数の種についての遺伝地理的解析も行うため、日本固有の遺伝地理情報が一段と整備されることも期待される。これらすべての情報の蓄積により、最終的に構築される分子生態データベースは、気候温暖化による植生分布変化、森林の多様性維持、持続的森林管理を考える上で不可欠な情報源となるであろう。

【関連の深い論文・著書】

1. Zhou Z, Hogetsu T (2002) Subterranean community structure of ectomycorrhizal fungi under *Suillus grevillei* sporocarps in a *Larix kaempferi* forest. *New Phytol.* 154:529-539
2. Lian C, Oishi R, Miyashita N, Nara K, Nakaya H, Zhou Z, Wu B, Hogetsu T (2003) Genetic structure and reproduction dynamics of *Salix reinii* during primary succession on Mt. Fuji, as revealed by nuclear and chloroplast microsatellite analysis. *Molecular Ecology* 12:609-618

【研究期間】 平成 16 ~ 20 年度

【研究経費】 80,500 千円

【ホームページ】

<http://silva.fr.a.u-tokyo.ac.jp/>