

日本列島の森林生態系の形成過程の解明

	研究代表者	筑波大学・生命環境系・教授 津村 義彦（つむら よしひこ）	研究者番号：20353774
	研究課題情報	課題番号：24H00055 キーワード：遺伝的多様性、遺伝的地域性、気候変動、分布変遷、統合解析	研究期間：2024年度～2028年度

なぜこの研究を行おうと思ったのか（研究の背景・目的）

●研究の全体像

生態系サービスと言われる自然からの恩恵は大きく、空気、水、食料、エネルギー、医薬品など地球全体で年間約125兆ドルにのぼり、昆虫などの受粉によって生産される農産物の生産額は、世界全体で年間約6兆ドルにのぼると言われている。特に森林には陸域の生物種の70%以上が生息しており、この多様な生物種は木材、キノコ、山菜など多くの資源を人類に提供している。また森林の生物多様性は近隣の農産物生産の病害虫の抑制や花粉媒介などにも関与していると言われている。

しかしながら、人間活動により地球規模の気候変動が生じ、森林生態系の破壊は進み、生物多様性にも大きな影響を与えている。森林保護地域のうち森林生態系保護地域は世界自然遺産などを中心に指定されているが、遺伝的に重要な森林がどこかはほとんど把握されていない。これらの森林は過去の地球レベルの気候変動に伴う分布変遷の影響を強く受けて現在に至っている（図1）。そのため、これまでの系統地理学的研究結果では同じ種内でも明瞭な遺伝的勾配が存在する場合がほとんどで、遺伝的多様性も起源的な集団ほど高い傾向にある。このため多数の森林生物種を同じ遺伝学的手法及びモデルベースの統計学的手法で調査することにより、日本の森林生態系の成り立ちが明らかにできると考えている（図2）。またこの成果は我が国の森林生態系の遺伝的多様性や固有性が高いホットスポットも明らかにでき、保全指針の策定にも活用できる。

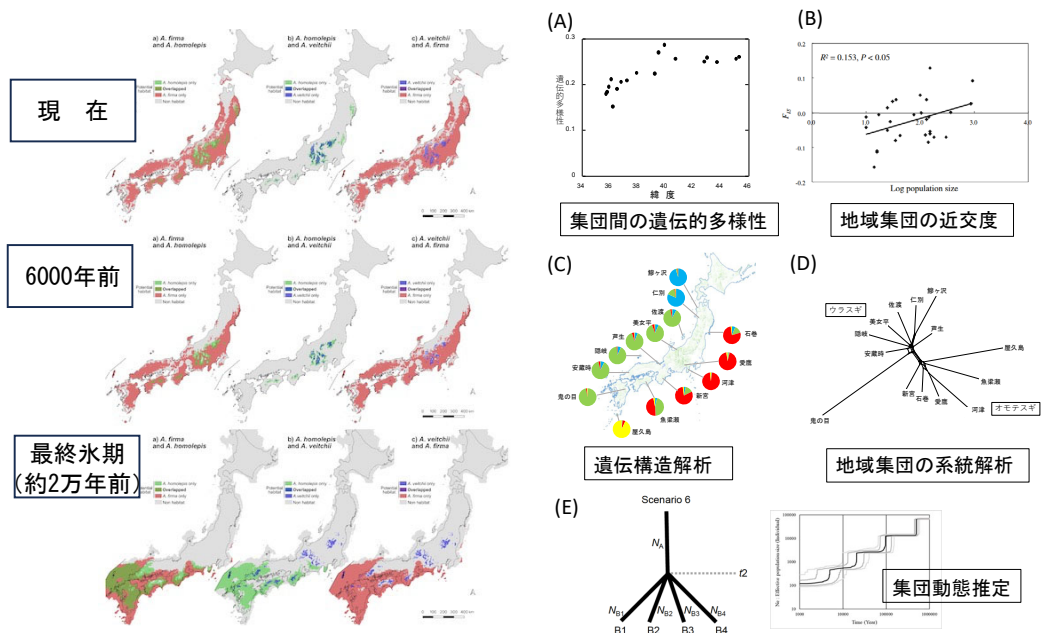
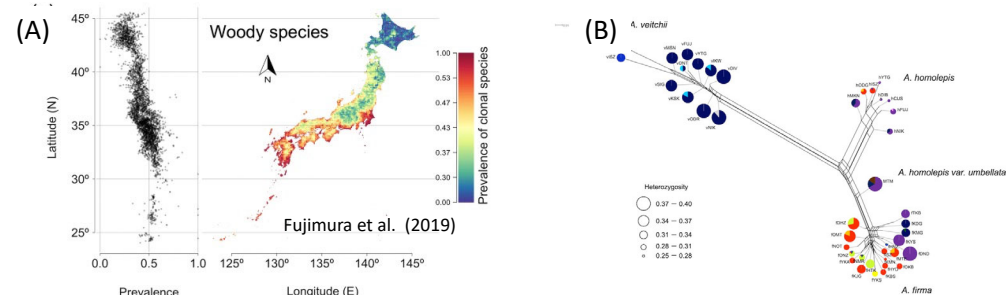


図1 モミ属3種の最終氷期から現在までの分布変遷

図2 種内の遺伝解析の例

この研究によって何をどこまで明らかにしようとしているのか

我が国の森林生態系の成立過程を解明するために日本の亜寒帯、冷温帯、暖温帯、亜熱帯を代表する多くの樹種および森林昆虫を対象として研究材料を集約及び収集する。これらを用いて統一的なMIG-seq解析を行い、遺伝的多様性、遺伝的地域性、遺伝グループの分岐年代推定、集団動態を明らかにする。また解析した全種の遺伝結果を類型化する。種間や種内集団間の分岐年代については種分布モデル（SDM）や化石情報から検証及び補正を行い、正確な分岐年代の推定を行う。本研究で得られる遺伝的多様性や遺伝的地域性情報およびSDMの結果などを用いて、統合モデルでの統合的解析により遺伝的地域性等のパターン化・種間関係の詳細な解明を行う。産地試験林も活用して種分化、遺伝的分化に関わる遺伝子の探索も行う。これらを通じて日本の森林生態系の形成過程を明らかにして、地球温暖化などによる将来の森林生態系の姿を予測する。



対象種全体の遺伝的多様性のイメージ図

構造なしタイプ

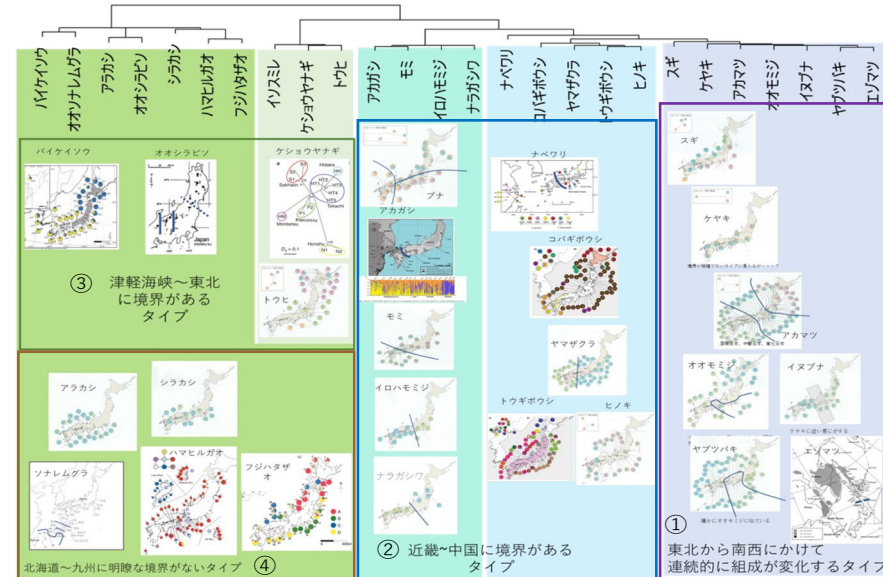
東北境界タイプ

種間の系統関係と遺伝的多様性

近畿境界タイプ

連続的勾配タイプ

(C)



遺伝構造の類型化例