

令和 2 年 7 月 3 日現在

機関番号：82101

研究種目：基盤研究(C) (一般)

研究期間：2016～2019

課題番号：16K07240

研究課題名(和文) 遺伝構造の空間パターン再現モデルの開発

研究課題名(英文) Development of simulation model to regenerate spatial genetic structure

研究代表者

石濱 史子 (Ishihama, Fumiko)

国立研究開発法人国立環境研究所・生物・生態系環境研究センター・主任研究員

研究者番号：80414358

交付決定額(研究期間全体)：(直接経費) 3,900,000円

研究成果の概要(和文)：遺伝的な情報が不十分な状況でも、遺伝的多様性に配慮した保護区を選択するための方法として、環境・地理変数を代替指標とする手法の有効性を検証した。文献から収集した、国内の植物の遺伝構造の実測値を用いて、直接的に遺伝的多様性を最大化するように保護区を選択した場合と、気温・降水量・地理的位置を出来るだけ広くカバーするように選択した場合を比較した。その結果、保護区が比較的広い場合には、多くの種では環境・地理代替指標を用いた場合でもほぼ同等の遺伝的多様性をカバーできることが明らかとなった。この他の遺伝的多様性に配慮する手法として、遺伝構造の類型化による方法と、シミュレーションによる再現とを検討した。

研究成果の学術的意義や社会的意義

遺伝的多様性は生物多様性を構成する3つの要素のうちの1つであり、生物多様性条約愛知目標の戦略目標Cにおいて、その保全が目標とされている。しかし、生物種内の遺伝的多様性は、その実測の困難さのために、具体的な保全策はおろか、現状の把握すら不十分な状況である。本課題は、遺伝的多様性保全の大きな障害である、実測値不足を補完するための手法を開発するものであり、社会的な意義が大きい。また、本課題における手法開発の過程で解明される、多くの植物種間で共通の遺伝構造のパターンの把握は、植物種における遺伝構造形成過程の理解に寄与するものであり、学術的な意義も大きい。

研究成果の概要(英文)：As a way to select protected areas that take genetic diversity into account in situations where there is insufficient genetic information, we tested the effectiveness of the method using environmental and geographic variables as alternative indicators. We used actual measurements of Japanese plant genetic structures collected from the literature for the test. We compared genetic diversities in the selected protection areas between those selected to directly maximize genetic diversity and those selected to cover as wide a range of temperatures, precipitation, and geographic locations as possible. When the target size of the protected areas is relatively large, we found that the genetic diversities are similarly high in both cases for most species, suggesting that the alternative indicators are effective. We also tested other methods for taking genetic diversity into account, including typing of genetic structures and reproducing genetic structures by numerical simulations.

研究分野：保全生態学

キーワード：遺伝的多様性 遺伝構造 保護区選択 パターン比較 維管束植物 シミュレーションモデル

様式 C - 19、F - 19 - 1、Z - 19 (共通)

1. 研究開始当初の背景

遺伝的多様性は生物多様性の主要な要素の 1 つであり、生物の環境変化に対する適応力を決定する主要因である。これまで、生物多様性保全の文脈においては、遺伝的多様性は特定の絶滅危惧種など個別の種を対象とした研究において考慮されてきた。しかし、現在、気候変動や人間活動による土地改変、外来生物の侵入など生物を取り巻く物理・生物環境の大きな変化により、かつての普通種を含む多数の種が分布域の縮小や個体数の減少を経験している。そのため、幅広い種を対象として遺伝的多様性に配慮した保全計画が必要とされている。

保護区の設置は、多くの種を同時に保全するための最も有効な手段の 1 つである。近年では、できるだけ効率的な保護区を設置するための「保護区選択」の手法がよく用いられる。保護区選択では、種の分布情報に基づいて、保護区全体でできるだけ多くの種数をカバーできる場所の組み合わせを特定する。特定された保護区の良さは、それぞれの種の集団が、一定の数や割合含まれているかどうかで評価されることが多い。しかし、遺伝的多様性を考慮する場合、たとえばある生物種について 2 カ所の集団を保護区に含めるとき、できるだけ遺伝的に異なった集団を選んだほうが、より高い遺伝的多様性を保全できることになる。

このような遺伝的多様性に配慮した保護区選択を行うためには、種内の遺伝子がどのように分布しているかという、遺伝構造の情報が不可欠である。しかし、遺伝解析には多大な労力とコストがかかるため、情報の蓄積が未だ不十分であり、保護区選択において遺伝的多様性が考慮された例はほとんどない。事前の文献調査では、約 6000 種の日本の維管束植物のうち、全国スケールで遺伝構造が研究されている種は約 100 種(約 1.7%)のみであった。次世代シーケンサーによって大量の遺伝解析が容易に行えるようになりつつあるものの、サンプル収集のコストが依然としてかかるため、全ての種で遺伝構造を調べることは非常に困難である。

このような背景のため、遺伝的多様性を考慮した保護区選択を行うためには、網羅的な遺伝解析の実施以外の代替手法の解析が必要とされている。

2. 研究の目的

本研究では、限られた遺伝的多様性の実測値を補う手法の開発を目的とする。遺伝構造の実測値不足を補う手法として、以下の 3 つの手法の開発を試み、それぞれの有効性と実現可能性について検討を行う。

空間的遺伝構造のパターンを再現するシミュレーションモデルの開発により、実測値を補う手法

遺伝構造の類型化により、生態特性等に基づく遺伝構造の類推を可能とする手法
保護区選定の際に、気候・地理変数を遺伝構造の代替指標として用いる手法

3. 研究の方法

の遺伝構造を再現するシミュレーションの開発では、遺伝構造の形成に重要とされるプロセスをシミュレートする空間明示モデルを構築する。シミュレーションモデルには、移動分散過程と突然変異、遺伝子型と気温との対応関係に応じた個体数変動を組み込み、これらの機構によって長期的な気候変動に伴う分布変化と自然選択を記述することができる。まず単純なモデルでの挙動確認を行った後に、現実的な日本列島の地形と気温、および過去 50 万年間の気候変化を導入したシミュレーションを行った。

の遺伝構造のパターン類型化では、まず、類型化の対象とするデータとして、国内の維管束植物の遺伝構造の実測値を文献から収集する。遺伝構造の類似度を測るための数値指標は既存のものが存在しないため、さらに、遺伝構造の類似度指標の開発を行う。そのうち、開発した類似度指標を実測値に適用し、類似度に基づくクラスタリングにより、遺伝構造の類型化を行う。

、の保護区選定の際に、気候・地理変数を遺伝構造の代替指標として用いる手法については、上記で収集した遺伝構造の実測値を用いて、直接的に遺伝的多様性を最大限カバーするように選択した保護区と、気温・降水量・地理的変数についてできるだけ幅広いレンジをカバーするように選択した保護区、それぞれでカバーされた遺伝的多様性の大きさを比較し、気候・地理変数による代替性の高さを評価する。

4. 研究成果

空間的遺伝構造のパターンを再現するシミュレーションモデルの開発では、現実的な日本列島の地形と気温、および過去 50 万年間の気候変化を導入したシミュレーションによる挙動確認を実施した結果、気温変化に対応した分布域の変化が起きること(図 1、個体数分布の変化)

同時に、集団の中で気温条件に対応した表現形質を持つ遺伝子型が広がっていくこと（図2、表現形質）から、モデルの基本的な挙動が妥当であることを確認した。また、種内の遺伝的変異の大きさを変えたシミュレーションにより（図2）、遺伝的多様性が高いほうが、変化した気温条件に対応した遺伝子型が増えることにより集団の分布域を広げることができるという、現実的なパターンを確認できた。このように基本的なシミュレーションの挙動は妥当であるものの、入手可能な古気候値の不足からレフュージア位置の推定にずれが生じることが明らかとなった。古気候値が研究期間中に改善されることは期待できないため、遺伝構造の情報を補完する他の手段として、類型化による遺伝構造の類推手法の開発と、環境・地理変数による遺伝構造の実測値の代替可能性の検証を行った。

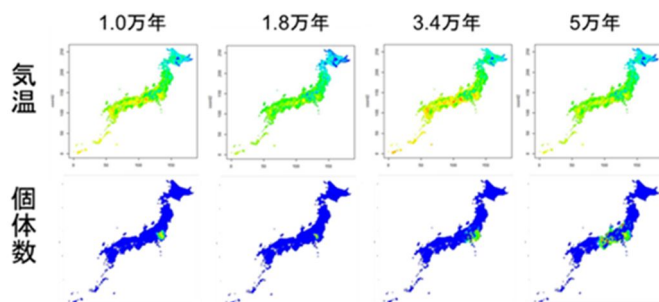


図1 気候変動に伴う分布変化のシミュレーション結果

気温は赤色が高温、青が低温、緑色が中間を表す。個体数は、緑色が分布域、青が個体数ゼロの非分布域を示す。このシミュレーションでは、緑色の温度域が最も仮想生物にとって生育に好適な気温である。シミュレーション開始から1.8万年後の寒冷化時には分布域が縮小し、その後、温暖化に伴い分布が再拡大（3.4万年度）さらに好適な温度域が広がる5万後に分布域がさらに広がっている。

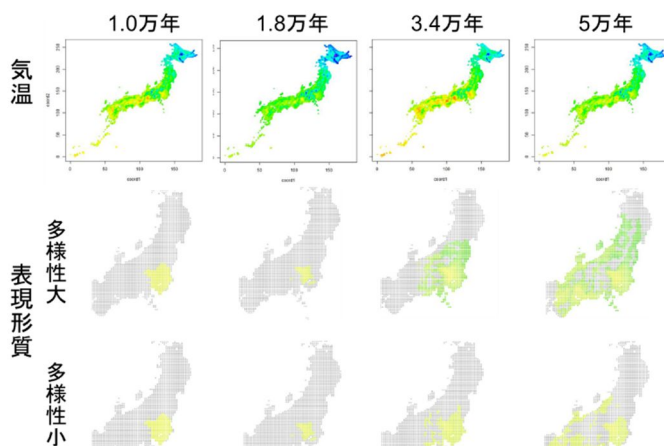


図2 遺伝的多様性の差による、気候変動に対する応答能力の差

表現形質は、仮想生物種にとって好適な温度を表している。遺伝的多様性が大きい場合のほうが、遺伝的多様性が小さい場合に比べて表現形質も多様であり、気候変動に対応した遺伝子型が広がることで、分布範囲もより広がっている。

遺伝構造の類型化のため、まず、種間で遺伝構造の類似度を定量化する指標の開発を行った。比較を行う2種について、まず、それぞれの種内での2地点のサンプリング地点（地点ペアと呼ぶ）の間の、地理的距離と遺伝的距離を算出する。次に、比較を行う種間で、地点ペアの組み合わせの総当たりで、地点ペア間の地理的距離と、地点ペア間の遺伝的距離の差を算出し、地理的距離が小さいほど遺伝的距離の差が小さくなっているかどうかを数値化し、遺伝構造の類似度指標とした。この指標を、文献から収集した遺伝構造のデータに適用し、種間のペアワイス類似度に基づく類型化を行った。その結果、遺伝構造不明瞭なタイプ、北東から西南にかけての構造が明瞭なタイプ、その中でも特に糸魚川静岡線付近に境界があるタイプ、の3つの類型を特定した。これらの遺伝構造の類型と、それぞれの類型に含まれる植物種の生態特性との対応付けを今後行うことで、生態特性に基づく遺伝構造の類推が可能となると考えられる。

実測値不足を補うもう1つの手法である、保護区選定の際に、気候・地理変数を遺伝構造の代替指標として用いる手法については、その有効性を、収集した遺伝構造の実測データを活用して

検証した。種内の遺伝変異幅をできるだけカバーするように保護区選択を行った場合と、種内の気候レンジ、地理的レンジそれぞれをカバーするよう保護区選択を行った場合で、保護区内の遺伝的多様性の大きさを比較した。

その結果、比較的広い保護区を設定可能な場合には、いずれの指標でも、十分な遺伝的多様性がカバーされ、気候・地理変数が遺伝的多様性の良い代替指標となり得ることが示唆された。一方で、狭い保護区で高い目標を達成しようとする場合には、代替性が大きく低下する種が生じた（図3、下）。このことから、比較的保全目標に余裕がある場合は、地理・環境変数による代替手法は多くの種に適用可能であることが示唆された。保護区の設定に余裕がなく、目標が厳しい場合については、今後、代替性が高い種の生態特性を特定することで、代替指標の適用可能な種の絞り込みが可能となると考えられる。

5. 主な発表論文等

〔雑誌論文〕 計0件

〔学会発表〕 計3件（うち招待講演 0件 / うち国際学会 0件）

1. 発表者名 石濱史子, 深澤圭太, 角谷拓, 岩崎貴也
2. 発表標題 遺伝構造の種間共通パターンの抽出と環境指標による代替可能性の検討
3. 学会等名 第2回分野横断系統地理ワークショップ
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 石濱史子
2. 発表標題 遺伝的多様性とその代替指標に基づく保護区選択の比較
3. 学会等名 第66回日本生態学会大会
4. 発表年 2019年

1. 発表者名 石濱史子, 深澤圭太, 角谷拓, 岩崎貴也
2. 発表標題 遺伝構造の種間共通パターンの抽出と再現モデルの開発
3. 学会等名 日本生態学会第64回全国大会
4. 発表年 2017年

〔図書〕 計0件

〔産業財産権〕

〔その他〕

-

6. 研究組織

	氏名 (ローマ字氏名) (研究者番号)	所属研究機関・部局・職 (機関番号)	備考
研究分担者	角谷 拓 (Kadoya Taku) (40451843)	国立研究開発法人国立環境研究所・生物・生態系環境研究センター・主任研究員 (82101)	

6. 研究組織（つづき）

	氏名 (研究者番号)	所属研究機関・部局・職 (機関番号)	備考
研究 分 担 者	岩崎 貴也 (Iwasaki Takaya) (10636179)	京都大学・生態学研究センター・特別研究員(PD) (14301)	