

## 研究成果報告書

(国立情報学研究所の民間助成研究成果概要データベース・登録原稿)

研究テーマ (和文) AB	ブナ天然分布域最北限地帯に点在する小集団における遺伝子交流の実態解明				
研究テーマ (欧文) AZ	Gene flow among small scattered beech populations at the northernmost distributional range				
研究氏 代表 者	カカナ CC	姓)キタムラ	名)ケイコ	研究期間 B	2008 ~ 2009 年
	漢字 CB	北村	系子	報告年度 YR	2009 年
	ローマ字 CZ	KITAMURA	KEIKO	研究機関名	独立行政法人森林総合研究所
研究代表者 CD 所属機関・職名	独立行政法人森林総合研究所・主任研究員				
概要 EA (600字~800字程度にまとめてください。)	<p>我が国を代表する温帯林主要構成樹種であるブナ天然林の北限は、北海道渡島半島とその以北を分断する黒松内低地帯にあり、この地域は生物学的にも極めて重要な位置を占めている。これら北限帯域ではブナが連続的に分布する地域を越えて隔離分散的に点在するブナ天然分布の最前線に位置する集団が確認されている。これら北進の最前線に位置している20集団から分析用のサンプルを採取し、DNAマイクロサテライトマーカー11座について分析を行った。集団間の遺伝的類縁関係を明らかにするためにクラスター解析を行った。その結果、5つの遺伝的クラスターが認められ、そのうちの2つのクラスターがより祖先的な組成をもつことが明らかになった。これ以外の3つの遺伝的クラスターはそれぞれ3つの隔離集団に対応していた。これらの3集団は、他の集団に比べて地理的な隔離が著しく孤立の程度が高いものであり、隔離の影響によって遺伝子流動が妨げられ、遺伝的浮動、創始者効果などを経てそれぞれ独自の集団分化を遂げている可能性が高い。最北限集団間での分化の程度を示すパラメータFstは0.065であり、日本列島全体でのブナ集団の分化の程度(Fst=0.027)に比べて極めて高い数値を示した。これは、分布最前線の集団は隔離、小集団の影響を強く受けるために遺伝的浮動による集団分化が高くなっていることを示唆している。さらに小さなスケールでの詳細な遺伝的ネットワーク関係を調べたところ、同一の地形単位(尾根など)に点在する集団では遺伝的分化は小さいのに対し、直線距離では近い集団でも地形単位が異なると遺伝的な分化が大きくなり、遺伝子流動が制限されていた。このことは地形的な因子が遺伝子流動の障壁になっている可能性を示唆している。これを裏付ける現象として、地形的な障壁が低い、稜線の峠部分に位置する集団で異なる遺伝的クラスター同士の混合が観察された。</p>				
キーワード FA	ブナ	分布拡大	DNA 多型	遺伝的浮動	

(以下は記入しないでください。)

助成財団コード TA					研究課題番号 AA								
研究機関番号 AC					シート番号								

発表文献（この研究を発表した雑誌・図書について記入してください。）									
雑誌	論文標題 <sup>GB</sup>								
	著者名 <sup>GA</sup>		雑誌名 <sup>GC</sup>						
	ページ <sup>GF</sup>	～	発行年 <sup>GE</sup>					巻号 <sup>GD</sup>	
雑誌	論文標題 <sup>GB</sup>								
	著者名 <sup>GA</sup>		雑誌名 <sup>GC</sup>						
	ページ <sup>GF</sup>	～	発行年 <sup>GE</sup>					巻号 <sup>GD</sup>	
雑誌	論文標題 <sup>GB</sup>								
	著者名 <sup>GA</sup>		雑誌名 <sup>GC</sup>						
	ページ <sup>GF</sup>	～	発行年 <sup>GE</sup>					巻号 <sup>GD</sup>	
図書	著者名 <sup>HA</sup>								
	書名 <sup>HC</sup>								
	出版者 <sup>HB</sup>		発行年 <sup>HD</sup>					総ページ <sup>HE</sup>	
図書	著者名 <sup>HA</sup>								
	書名 <sup>HC</sup>								
	出版者 <sup>HB</sup>		発行年 <sup>HD</sup>					総ページ <sup>HE</sup>	

欧文概要 EZ

Siebold's beech (*Fagus crenata*) is a major deciduous tree species in cool temperate zone of Japanese archipelago. The northernmost distributional range limit of this species expands to the Oshima Peninsula in southern Hokkaido. The Kuromatsunai Depression, where the northernmost beech populations grow, is a scientifically unique transient zone of forest tree communities. In this area, small beech populations scattered beyond the continuous beech forest distributional area. These are considered as the distributional frontier populations of beech. The study has been made over these 20 populations at the distributional front. A total of 1400 beech trees were collected to be analyzed for 11 microsatellite loci in order to analyze the genetic clustering among populations. The result identified 5 genetic clusters among the northernmost populations. Among these clusters, two clusters have characteristics of potential archaic origins. Other three clusters attributed to three different respective populations, all of those are further isolated populations at most. The fact indicated that the level of isolation determined the genetic differentiation due to the founder effect, the genetic drift, and limited gene flows. The genetic parameter of the populational differentiation,  $F_{st}$ , was 0.065 among the northernmost small populations, which is conspicuously larger than among the whole distributional range of beech populations ( $F_{st} = 0.027$ ). This result also supported the effect of the genetic drift among northernmost isolated small beech populations. A detailed local analysis of the genetic relationships revealed that the same topographic unit, such as ridge, plays an important role in gene flows. There was a supportive evidence that populations on the same topographic unit showed stronger genetic similarity than those have small Euclidian distances between different topographic units. On the contrary, a population established at the pass showed a genetic admixture, which might be indicative to the occurrence of a frequent gene flow.