

# ハクサンコザクラの保全生物学： 遺伝的変異と集団の遺伝的分化

著者	新藤 聡美, 善藤 寛子, 綿野 泰行, 木下 栄一郎, 植田 邦彦, 米澤 勝衛, 野村 哲朗, 清水 建美
著者別表示	Shindo Satomi, Zento Hiroko, Watano Yasuyuki, Kinoshita Eiichiro, Ueda Kunihiro, Yonezawa Katsuei, Nomura Tetsuro, Shimizu Tatemi
雑誌名	植物地理・分類研究
巻	43
号	1-2
ページ	103-109
発行年	1995-12-30
URL	<a href="http://doi.org/10.24517/00055606">http://doi.org/10.24517/00055606</a>



新道聡美\*・善藤寛子\*・綿野泰行\*・木下栄一郎\*\*・植田邦彦\*・  
米澤勝衛\*\*\*・野村哲朗\*\*\*・清水建美\*：ハクサンコザクラの  
保全生物学：遺伝的変異と集団の遺伝的分化

Satomi Shindo\*, Hiroko Zento\*, Yasuyuki Watano\*, Eiichiro Kinoshita\*\*,  
Kunihiko Ueda\*, Katsuei Yonezawa\*\*\*, Tetsuro Nomura\*\*\* and Tatemi Shimizu\* :  
Conservation Biology of *Primula cuneifolia* var. *hakusanensis* :  
Genetic Variation and Differentiation of Populations

Abstract

Analysis of allozyme variation was carried out for seven populations in three mountains, Mt. Hakusan, Mt. Myoukou, and Mt. Iide, of *Primula cuneifolia* var. *hakusanensis*, an alpine herbaceous plant endemic to Japan. The species was shown to maintain a moderate level of genetic diversity ( $H_e=0.137$ ), with a high level of diversity (54%) among mountains and a low level of diversity (4%) among populations within mountains. This hierarchical population genetic structure could have been caused by geographical isolation among mountains. Genetic diversities ( $H_e$ ) within populations vary from 0.137 in IIDE-A of Mt. Iide to 0.006 in MIDA of Mt. Hakusan. The extremely low level of genetic diversity in populations of Mt. Hakusan seems to have been caused by founder effect at the initial stage of establishment of population, or the population bottle neck caused by volcanic activities that have repeatedly occurred in Mt. Hakusan.

**Key words** : allozyme, alpine plants, genetic diversity, *Primula cuneifolia* var. *hakusanensis*.

種およびその地域集団の保全を具体的な目標とする保全生物学においては、集団の遺伝的多様性の保持が非常に重要なテーマとなっている。その理由としては、生物種が将来とも健全に存続していくためには、環境の変化によってひきおこされる新しい選択圧に適應していくに充分なだけの遺伝的変異が保持されていることが必要であることをあげることができる (Schonewald-Cox 1983; Barrett and Kohn 1991)。種または地域集団の保持する遺伝的変異の定量のためには、一般的に、アロザイム多型が用いられている (Hamrick *et al.* 1991)。アロザイム多型は進化的に中立と考えられており、それゆえ、それによって測られる遺伝的変異の量と、実際に生存にかかわる適應形質の変異の量とは必ずしも正確に相関するものではない。ただ、集団の個体数

の激減による遺伝的変異の減少といったイベントにおいては、適應形質の変異も中立的形質の変異もパラレルに減少することが予測できることから、十分にモニターとしての役割を期待することが出来る。また、アロザイム多型による遺伝的変異の解析は、現在では極めて豊富なデータの蓄積がなされている (Hamrick and Godt 1989)。それゆえ、同様な生活史を持つ他種との比較により、簡潔にその種の遺伝的変異の量や集団の遺伝的構造の特徴を把握することが可能となる。

本研究では、白山山系における高山植物種の保全を目的とし、その象徴種 (flagships) としてハクサンコザクラ *Primula cuneifolia* Ledeb. var. *hakusanensis* Makino をとりあげ、保全計画の立案の基礎データとして、その遺伝的変異のアロザイ

\*〒920-11 金沢市角間町 金沢大学理学部生物学科 Department of Biology, Faculty of Science, Kanazawa University, Kakuma, Kanazawa 920-11, Japan

\*\*〒920-11 金沢市角間町 金沢大学理学部附属植物園 Botanic Garden, Faculty of Science, Kanazawa University, Kakuma, Kanazawa 920-11, Japan

\*\*\*〒603 京都市北区上賀茂本山 京都産業大学工学部 Faculty of Technology, Kyoto Sangyo University Kyoto, 603, Japan

ム多型による定量を、白山を含む複数の山系の集団において行った。日本では山岳の規模が小さいため高山帯自体の規模も小さい。そのため、そこを生育地とする高山植物は、人為的な環境の攪乱により容易に絶滅に向かう危険性がかかえており、保全の具体的必要性は極めて高い。

日本における高山帯の植物相の構成種の多くは、第四紀洪積世に何度も繰り返された氷期に陸橋を通じて日本列島に南下してきた遺存種群であるとされており(小泉 1919; Toyokuni 1981)、このことは、最終氷期以後、少なくとも 1 万年の間、各山系の地域集団は遺伝的に隔離され続けてきたことを意味している。高山植物の種は、このように長期間にわたって地理的に隔離されている山系ごとの地域集団から構成されており、それゆえ、地域集団間の遺伝的分化は、連続的な分布を持つ種に比較して大きいことが予測される。種の保全生物学においては、種全体の遺伝的多様性の保全を目的とする。それゆえ、個々の山系の集団の遺伝的独自性を認識する事は、将来の遺伝資源保全のための種子バンクの設立時におけるサンプリング計画等において必須の基礎データといえる。また、日本の高山帯における地理的隔離というテーマは、保全生物学だけでなく、進化生物学の観点からも興味深い問題であるにもかかわらず、この点に着目して山系間の分化のパターンをアロザイムで解析した前例はない。

ハクサンコザクラは、アジアの極東部からアラスカの西部にかけて分布するエゾコザクラ *Primula cuneifolia* Ledeb. の一変種で、日本の東北から中部にかけての日本海側の高山の湿った草地や雪田に生育する多年生の草本である。染色体数は  $2n=22$  の二倍体で(小山他 1971)、ピン型とスラム型の二つの花型を持つ異型花柱性を示す。Fujii *et al.* (1995) はエゾコザクラの葉緑体 DNA の地理的変異を解析し、6 種類の異なった変異を検出した。そのうちハクサンコザクラ内部では、4 種類の変異がみつかっており、ハクサンコザクラの各山系地域集団間の遺伝的分化が示唆されている。

#### 材料と方法

サンプルの採集：分布域全体をカバーする目的で白山山系で 3 集団：弥陀ヶ原(MIDA)、小桜平(KOZAKURA)、南竜ヶ馬場(NANRYU)、妙高山系では火打山の南西方面高谷池付近の、距離にして約 500 m の近接した 2 集団(MYOU-A, MYOU-B)、飯豊山系では種蒔山山頂付近の、距離にして約 300 m の近接した 2 集団(IIDE-A, IIDE-B)、計 7 集団において採集を行った。白山はハクサンコザクラの分布の南限、飯豊は北限にあたる。採集を行った

3 つの山系の地理的な位置を Fig. 1 に示した。サンプル数は白山の南竜庭園の集団で 220 個体、それ以外の集団は 50 個体である。採集にあたっては、任意にサンプルを抽出すべく、まず概観から集団の中心と思われる地点に杭を打ち、その点を中心として集団を縦断するように紐を張り、その紐にそって 1 m 毎に個体の葉身を採取した。採取した葉は、即座に実験室に持ち帰り  $-80^{\circ}\text{C}$  のフリーザーで保存し、アロザイム解析の材料に供した。

アロザイム解析：アロザイム解析は、薄層水平ポリアクリルアミドゲル(Watano and Iwatsuki 1988)を用いて行った。解析した酵素はアスパラギン酸アミノ基転移酵素(AAT)、アコニターゼ(ACN)、グルタミン酸脱水素酵素(GDH)、イソクエン酸脱水素酵素(IDH)、リンゴ酸脱水素酵素(MDH)、リンゴ酸酵素(ME)、ホスホグルコースイソメラーゼ(PGI)、ホスホグルコムターゼ(PGM)、シキミ酸脱水素酵素(SkDH)、スーパーオキシドディスムターゼ(SOD)、トリオースリン酸イソメラーゼ(TPI)の 11 種類である。使用したバッファーシステムは AAT, GDH, ME, PGM, SOD, SKDH, TPI には Watano (1988) のものを用いた。ACN と MDH には Soltis *et al.* (1983) の system 1 を、IDH と PGI には Soltis *et al.* (1983) の system 7 を各々用いた。酵素の抽出は Watano (1988) に従って行った。活性染色は Soltis *et al.* (1983) に従った。遺伝子座および対立遺伝子の解釈は、各酵素の典型的なアイソザイム数およびサブユニット構造の情報(Weeden and Wendel 1989)

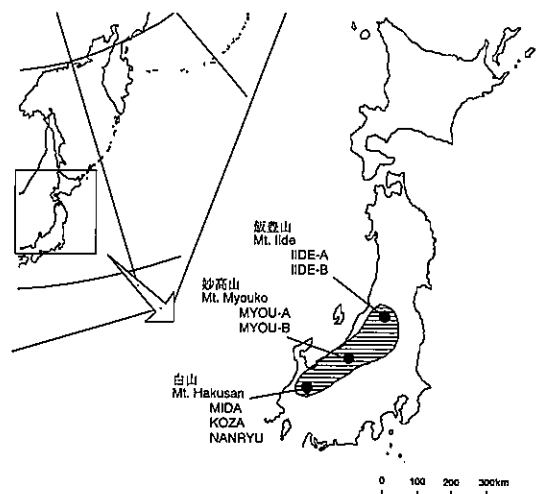


Fig. 1. Geographical distribution (shaded region) of *Primula cuneifolia* var. *hakusanensis* and the location of three mountains in which samples were collected.

を基に行った。一つの酵素種で、複数の遺伝子座が検出された場合、最も陽極側のものから1,2と順に数字を付けて区別を行った。同様に対立遺伝子についても、もっとも陽極側のアロザイムをコードしているものから順にa,bとアルファベットで名付けた。

データ解析：集団内での自殖あるいは近親交配の有無または分集団構造の有無を検出する目的で、近交係数(F)を求め(Wright 1965), Li and Horvitz (1953)に従って統計的検定を行った。集団および種の遺伝的多様性を示すパラメーターとしては、多型な遺伝子座の割合(P)、遺伝子座あたりの対立遺伝子の平均値(A)、遺伝子座あたりの有効な対立遺伝子の数(Ae)、遺伝子多様度(He)の4つを選び計算を行った(Hamrick and Godt 1989)。山系内および、山系間での遺伝的変異の分布パターンの解析は、Nei (1973)の遺伝子多様度解析 Nei's gene diversity statisticsを使った。全遺伝的変異( $H_T$ )と各山系内での変異の平均( $H_S$ )および各集団内での変異の平均( $H_C$ )を多型な遺伝子座ごと、また調べた全遺伝子座について求めた。各山系内での変異の平均( $H_S$ )を求める際には、各山系での集団数で重み付けを行って平均を求めた。山系間の遺伝的変異の割合( $G_{ST}$ )は、山系間の変異( $D_{ST}$ =

$H_T - H_S$ )と全変異( $H_T$ )との比から求めた。また、山系内の集団間の変異の割合( $G_{CS}$ )は山系内の集団間の変異( $D_{CS}=H_S - H_C$ )と全変異( $H_T$ )との比から求めた。 $G_{ST}$ や $G_{CS}$ といったパラメーターは集団間の遺伝的分化の程度・内容を示す指標の一つであるが、個々の集団の遺伝的関係を具体的に示すものではない。それゆえ、Nei (1972)の遺伝的距離を全ての集団間について計算し、得られた遺伝的距離行列を用いてUPGMA法で、個々の集団間の遺伝的関係を調べた。

## 結 果

11酵素種について解析し、*Aat*, *Acn*, *Gdh*, *Idh*, *Mdh-1*, *Mdh-2*, *Me*, *Pgi-2*, *Pgm-1*, *Pgm-2*, *Skdh*, *Sod*, *Tpi*の13の解釈可能な遺伝子座を認識した。PGIでは、陽極側にもう一つ染色帯が存在するが、バンドの分離が不十分であったため、解釈から省いた。13遺伝子座のうち多型が検出されたのは、*Gdh*, *Mdh-1*, *Mdh-2*, *Me*, *Pgi-2*, *Pbm-1*, *Pgm-2*, *Skdh*, *Tpi*の9遺伝子座であった。複数の対立遺伝子が検出された場合には、マイナーな対立遺伝子の頻度が1%以上の場合に多型とみなした。集団ごとの多型な遺伝子座における遺伝子頻度をTable 1に示した。

Table 1. Allele frequencies at nine polymorphic loci in seven populations of *Primula cuneifolia* var. *hakusanensis*

Locus	Allele	Population						
		IIDE-A	IIDE-B	MYOU-A	MYOU-B	MIDA	KOZAKURA	NANRYU
<i>Gdh</i>	a	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.055
	b	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	0.945
<i>Mdh-1</i>	a	0.000	0.000	1.000	1.000	0.000	0.000	0.000
	b	0.980	0.960	0.000	0.000	0.960	1.000	0.941
	c	0.020	0.040	0.000	0.000	0.040	0.000	0.059
<i>Mdh-2</i>	a	0.000	0.010	0.010	0.000	0.000	0.000	0.000
	b	0.940	0.980	0.990	1.000	1.000	1.000	1.000
	c	0.060	0.010	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
<i>Me</i>	a	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	0.887	0.998
	b	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.113	0.002
<i>Pgi-2</i>	a	0.745	0.880	0.980	0.911	1.000	1.000	1.000
	b	0.255	0.120	0.020	0.089	0.000	0.000	0.000
<i>Pgm-1</i>	a	0.190	0.177	0.000	0.000	1.000	1.000	1.000
	b	0.810	0.823	0.935	0.872	0.000	0.000	0.000
	c	0.000	0.000	0.065	0.128	0.000	0.000	0.000
<i>Pgm-2</i>	a	0.222	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
	b	0.511	0.740	1.000	0.990	1.000	1.000	1.000
	c	0.267	0.260	0.000	0.010	0.000	0.000	0.000
<i>Skdh</i>	a	0.889	0.261	0.256	0.298	0.000	0.000	0.000
	b	0.111	0.739	0.744	0.702	1.000	1.000	1.000
<i>Tpi</i>	a	0.070	0.071	0.010	0.021	0.000	0.000	0.000
	b	0.930	0.929	0.990	0.979	1.000	1.000	1.000

Table 2. Inbreeding coefficients for seven populations of *P. cuneifolia* var. *hakusanensis*

Locus	Population						
	IIDE-A	IIDE-B	MYOU-A	MYOU-B	MIDA	KOZAKURA	NANRYU
<i>Gdh</i>							0.119
<i>Mdh-1</i>	-0.020	-0.042			-0.042		0.101
<i>Mdh-2</i>	0.291*	-0.020	-0.010				
<i>Me</i>						-0.127	
<i>Pgi-2</i>	-0.020	-0.136	-0.020	0.177			
<i>Pgm-1</i>	0.025	0.071	0.643***	0.236			
<i>Pgm-2</i>	0.022	0.480***		-0.010			
<i>Skdh</i>	-0.125	0.117	0.267	0.146			
<i>Tpi</i>	-0.075	-0.077	-0.010	-0.021			

Asterisks indicate F values significantly different from zero; \*,  $P < 0.05$ ; \*\*\*,  $P < 0.001$ .

各集団での多様な遺伝子座における近交係数 (F) を求めた結果を、Table 2 に示した。この近交係数の 0 からのずれをカイ二乗検定した結果、IIDE-A の *Mdh-2*、IIDE-B の *Pgm-2*、MYOU-A の *Pgm-1* で有為に正の値を示した以外は、全て 0 とみなせることがわかった。近交係数は、集団を構成する個体全体がランダムに他殖を行っている場合に 0 になり、集団内に遺伝的構造がある場合や、自殖あるいは何らかの近親交配が行われている場合には正の値をとる。

遺伝的多様性の指標である P, Ae, A, He の 4 つのパラメーターを、各集団および、ハクサンコザクラ全体として計算した結果は、Table 3 に示した。ハクサンコザクラ全体としての遺伝的多様性は P, Ae, A, He それぞれが 69.2, 1.23, 2.00, 0.137 であり、これらの値はハクサンコザクラと同様な他殖性で動物媒花の 164 種の種レベルでの平均値 (50.1,

1.24, 1.99, 0.167) とほぼ同じレベルである (Hamrick and Godt 1989)。一方、ハクサンコザクラの集団レベルでの平均値は P, Ae, A, He それぞれが 30.8, 1.09, 1.33, 0.058 である。これらの値はハクサンコザクラと同様な他殖性で動物媒花の 164 種の集団レベルでの平均値 (35.9, 1.17, 1.54, 0.124) と比較すると (Hamrick and Godt 1989), 全てのパラメーターで下回っており、特に He が小さい。個々の集団での He の値は、飯豊山系の 2 集団で 0.137 と 0.117 であり、他の種での平均値 (0.124) と同じレベルの高い遺伝的多様性を持つが、妙高山系で 0.045 と 0.066, 白山山系で 0.006, 0.015, 0.017 と南に行くほど小さくなり、特に白山山系での遺伝的多様性の小ささは顕著である。

ハクサンコザクラ全体の遺伝的変異が、集団内、山系内の集団間、山系間といった各階層にどのような割合で分布しているかは、Table 4 の遺伝子多様

Table 3. Genetic diversity at 13 loci in seven populations of *P. cuneifolia* var. *hakusanensis*

Sample Size	P	Ae	A	He	
Population level					
IIDE-A	50	53.8	1.25	1.62	0.137
IIDE-B	50	53.8	1.17	1.62	0.117
MYOU-A	50	38.5	1.06	1.38	0.045
MYOU-B	50	38.5	1.10	1.38	0.066
MIDA	50	7.7	1.01	1.08	0.006
KOZAKURA	50	7.7	1.02	1.08	0.015
NANRYU	220	15.4	1.02	1.15	0.017
Mean		30.8	1.09	1.33	0.058
Species level					
		69.2	1.23	2.00	0.137

P, percentage polymorphic loci; Ae, effective number of alleles per locus; A, number of alleles per locus; He, genetic diversity index.

度解析によって知ることができる。山系間における変異の割合 ( $G_{ST}$ ) は多型な遺伝子座ごとにみた場合、 $G_{dh}$  の 0.010 から  $Mdh-1$  の 0.900 まで大きくばらつく。一方、山系内の集団間の変異 ( $G_{CS}$ ) は  $Skdh$  の 0.153 を除いて全て小さな値を示す。調べた遺伝子座全体でみた場合、 $G_{ST}$  は 0.539、 $G_{CS}$  は 0.040 であった。このことは、全変異の約 54% が山系間に、4% が山系内の集団間に、残りの 42% が個々の集団内に存在することを示す。Hamrick and Godt (1989) によれば、他殖性の動物媒花の 124 種での  $G_{ST}$  の平均値は 0.197 であり、この値との比較から、ハクサンコザクラの地理的な遺伝的分化の程度は極めて大きいことがわかる。

根井の標準遺伝距離 (D) にもとづいて UPGMA 法で構築した樹状図は、Fig. 2 に示した。飯豊山系の 2 集団 (IIIDE-A, IIIDE-B) は比較的に分化しているが、白山山系や妙高山系では、山系内での分化がほとんど無く、一方、山系間に大きな分化がおきていることがわかる。この結果は Nei's gene diversity statistics (Table 4) における大きな  $G_{ST}$  と小さな  $G_{CS}$  の結果と対応している。

### 考 察

ハクサンコザクラは異型花柱性の花を持つ。異型花柱性の種では交配は別タイプ間のみで起こり、同タイプ間では起こらないとされている。異型花柱性は他殖のためのシステムであるが、花粉媒介昆虫が欠乏してこの交配システムがうまく作動していない場合には、同花柱花が出現したり、ピン型とスラム型の比が 1:1 からずれるといった現象がおこる場合が知られている (鷲谷 1988; 鷲谷・生井 1989)。ハクサンコザクラにおいては、各集団ほとんどの遺

伝子座で近交係数の 0 からの有意なずれは検出されなかった (Table 2)。また採集した個体のピン型とスラム型の比も、全集団でほぼ 1:1 であった。これらのことから、異型花柱性の他殖システムが有効に働いていることが示唆される。しかし、IIIDE-A の  $Mdh-2$ 、IIIDE-B の  $Pgm-2$ 、MYOU-A の  $Pgm-1$  では近交係数が有意に正の値を示した。本研究では、フィールドでの採集個体の位置を記録していたが、IIIDE-B の  $Pgm-2$ 、MYOU-A の  $Pgm-1$  では、各遺伝子型の空間的分布が明らかにランダムではなく、集中分布を示していた。花粉や種子の分散距離が制限されていたり、局地的な選択が生じている場合には、連続的に分布する群落においても遺伝的構造が形成される場合が知られているが (Sokal 1978; Epperson and Clegg 1986)、ハクサンコザクラにおいても緩やかな集団内の遺伝的分化が生じており、そのために一部の遺伝子座で近交係数が有意に正の値を示したのではないかと考えられる。

遺伝的多様性の指標である幾つかのパラメーター (Table 3) からは、他種での平均値 (種レベルで

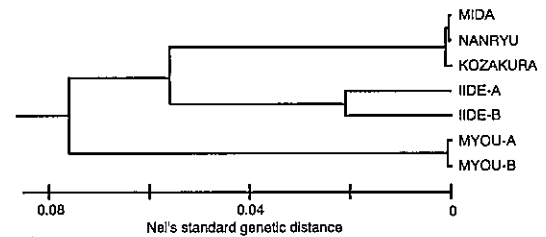


Fig. 2. Dendrogram from UPGMA cluster analysis based on Nei's standard genetic distances among populations of *P. cuneifolia* var. *hakusanensis*.

Table 4. Nei's gene diversity statistics for each polymorphic locus and all loci examined

Locus	$H_T$	$H_S$	$H_C$	$G_{ST}$	$G_{CS}$
$G_{dh}$	0.0154	0.0153	0.0147	0.010	0.037
$Mdh-1$	0.4396	0.0440	0.0434	0.900	0.001
$Mdh-2$	0.0254	0.0249	0.0246	0.022	0.012
Me	0.0323	0.0316	0.0293	0.022	0.074
$Pgi-2$	0.1287	0.1165	0.1132	0.095	0.026
$Pgm-1$	0.5264	0.1354	0.1348	0.743	0.001
$Pgm-2$	0.1982	0.1534	0.1461	0.226	0.037
$Skdh$	0.3683	0.2540	0.1975	0.310	0.153
Tpi	0.0480	0.0462	0.0462	0.037	0.000
All loci	0.1371	0.0632	0.0577	0.539	0.040

$H_T$ , total genetic diversity;  $H_S$ , genetic diversity within mountains;  $H_C$ , genetic diversity within populations;  $G_{ST}$ , proportion of the diversity residing among mountains;  $G_{CS}$ , proportion of the diversity residing among populations within mountains.

0.167, 集団レベルで 0.124; Hamrick and Godt 1989) との比較から, ハクサンコザクラという種全体 (0.137) としてはほぼ平均レベルの遺伝的変異性を保有しているが, 集団レベル (0.058) では低いということが明らかとなった。これは, ハクサンコザクラの山系間での遺伝的な分化が極めて大きいことが原因となっている (Table 4; Fig. 2)。高山植物では, 山系ごとに集団が大きく地理的に隔離されているが, 本研究でみられたハクサンコザクラでの山系間の大きな遺伝的な分化は, 山系間での遺伝的交流が大きく制限されている, または実質的に不可能であることを示唆している。

山系ごとの遺伝的多様性では, 分布域の北限である飯豊山系の集団で高く, 妙高山系ではほぼ半減し, 南限の白山山系で最も低い (Table 3)。白山山系の集団の遺伝的多様性の低さは顕著で, 3 集団での  $H_e$  の平均は 0.013 であり, これはハクサンコザクラ全体の遺伝的多様性の 10 分の 1 にすぎない。白山山系の集団がこのように低い遺伝的多様性を示す原因としては, 幾つか考えられる。第一に, 白山は分布域の南限にあたるため, もともと移入してきた個体数が少なく創始者効果が働いた可能性がある。また, 白山と妙高山は活火山であり (結野ら 1970; 早津 1985), 過去に大規模な植生の破壊と復活を繰り返してきたことが推定できる。白山山系では第四紀においても古白山火山や新白山火山の形成が起こっており, 最近では約 400 年前に火砕流を伴う噴火があった。このため特に白山山系では, この過程で遺伝的多様性を大きく減少させてしまうほどハクサンコザクラの個体数が激減するようなイベントがあった可能性もある。この, 山系によって遺伝的多様性が大きく異なるというハクサンコザクラで得られた結果は, 日本の高山植物の集団の遺伝的構造全般を考察するうえで, 重要な点を浮き彫りにしてくれた。単純に氷期以後の地理的隔離のみではなく, 初期の新入・定着のプロセスや, 火山活動等による環境変動が集団の遺伝的構造の形成に役割を果たしていることが示唆される。各要因の相対的重要性の評価のためには, 今後, 高山植物の山系ごとの遺伝的多様性のデータの蓄積が必要であるだろう。

本研究で得られた結果から, 高山植物の保全に対して, 幾つかの提言が可能である。第一に, ハクサンコザクラの遺伝的構造は山系間の大きな遺伝的分化によって特徴づけられる。過去からの地理的隔離によって各山系地域集団が独自の遺伝的特徴を持つようになったと考えられる。この結果は, Fujii *et al.* (1995) のエゾコザクラ (広義) の葉緑体 DNA の地理的変異の研究によっても支持される。彼等により解析された飯豊山, 妙高山, 白山ではそれぞれ

独自の葉緑体 DNA の変異が固定していた。ハクサンコザクラのように各山系地域集団の遺伝的独自性が高いものでは, ある地域集団の絶滅は, 単にその種の個体数が減ったまたは分布域が縮小したというだけではなく, その地域集団のみが持っている遺伝子または形質組合せを永久に失ってしまうという意味を持つ。それゆえ, 各山系ごとに, その生育地の環境保全に厳重な注意を行うことが必要である。また, 遺伝的な分化の生じている山系間での移植等のプログラムは, 完全に絶滅が予期できるような最悪の状況を除いては, 安易に行うべきではない。第二に, ハクサンコザクラの白山の集団は, 極めて低い遺伝的多様性しかもたないことが明らかとなった。遺伝的多様性を失うに至った要因は明らかではないが, アロザイムレベルだけでなく, 生存に関わる適応形質の変異性についても他山系の集団より低い可能性は十分にある。白山の集団は環境の変化に対して脆弱である可能性があるため, 特に慎重に見守っていく必要がある。

本研究は科学技術庁委託研究”白山山系における高山植物の多様性の解明と遺伝子資源の保全法の確立に関する研究”および文部省科学研究費一般 (B) No.06454030 によって財政的支持を受けた。

#### 引用文献

- Barrett, S.C.H. and Kohn, J.R. 1991. Genetic and evolutionary consequences of small population size in plants: implications for conservation. *In* Falk, D.A. and Holsinger, K.E. (eds.): *Genetics and Conservation of Rare Plants*, pp. 3-30. Oxford University Press, New York.
- Epperson, B.K. and Clegg, M.T. 1986. Spatial-autocorrelation analysis of flower color polymorphisms within substructured populations of morning glory (*Ipomea purpurea*). *Amr. Nat.* 128: 840-858.
- Fujii, N., Ueda, K., Watano, Y. and Shimizu, T. 1995. Intraspecific sequence variation in chloroplast DNA of *Primula cuneifolia* Ledeb. (Primulaceae). *J. Phytogeogr. Taxon.* 43: 15-24.
- Hamrick, J.L. and Godt, M.J.W. 1989. Allozyme diversity in plant species. *In* Brown, A.H.D. *et al.* (eds.): *Plant Population Genetics, Breeding, and Genetic Resources*, pp. 43-63. Sinauer, Sunderland.
- Hamrick, J.L. Godt, M.J.W., Murawski, D.A. and Loveless, M.D. 1991. Correlation between species traits and allozyme diversity: implica-

- tions for conservation biology. In Falk, D.A. and Holsinger, K.E. (Eds.): Genetics and Conservation of Rare Plants, pp. 3-30. Oxford University Press, New York.
- 早津賢二. 1985. 妙高火山群—その地質と活動史—. 344 pp. 第一法規出版, 東京.
- 糸野義夫・山崎正男・中西信弘・松尾秀邦・大村一夫. 1970. 白山地域の地質. 「白山の自然」(日本自然保護協会中部支部白山学術調査団編), pp. 1-49. 石川県.
- 小泉源一. 1919. 日本高山植物区系の由来及区系地理. 植物学雑誌 33 : 193-222.
- 小山博滋・福岡誠行・黒崎史平. 1971. 日本海要素の分類地理学的研究 I. 北方系日本海要素について(合弁花類). 国立科博専報 4 : 87-94.
- Li, C. C. and Horvitz, D. G. 1953. Some methods of estimating the inbreeding coefficient. Amer. J. Human Genet. 5 : 107-117.
- Nei, M. 1972. Genetic distance between populations. Am. Nat. 106 : 283-292.
- Nei, M. 1973. Analysis of gene diversity in subdivided population. Proc. Nat. Acad. Sci. USA 70 : 3321-3323.
- Schonewald-Cox, C. M. 1983. Conclusions: guidelines to management: a beginning attempt. In Schonewald-Cox, C.M. et al (eds.): Genetics and Conservation: A Reference for Managing Wild Animal and Plant Populations, pp. 414-445. Benjamin-Cummings, Menlo Park.
- Sokal, R.R. 1978. Spatial autocorrelation in biology 1. Methodology. Biol. J. Lin. Soc. 10: 199-228.
- Soltis, D. E., Haufler, C. H., Darrow, D. C. and Gastony, G. J. 1983. Starch gel electrophoresis of ferns: a compilation of grinding buffers, gel and electrode buffers, and staining schedules. Amer. Fern J. 73 : 9-27.
- Toyokuni, H. 1981. A preliminary note on the floristic phytogeography of the alpine flora of Japan. Jour. Fac. Liberal Arts, Shinshu Univ. Nat. Sci. 14 : 189-200.
- 鷲谷いづみ. 1988. 田島ケ原サクラソウ集団における異型花柱性と結実・種子生産のクローン間変異. 「荒川調節池工事に伴う特別天然記念物田島ケ原サクラソウ自生地影響調査概報 昭和62年度」, pp. 19-62. 建設省関東地方建設局荒川上流工事事務所・浦和市天然記念物調査会.
- 鷲谷いづみ・生井兵治. 1989. 田島ケ原サクラソウ集団における異型花柱性と結実・種子生産のクローン間変異. 「荒川調節池工事に伴う特別天然記念物田島ケ原サクラソウ自生地影響調査概報 昭和63年度」, pp. 25-56. 建設省関東地方建設局荒川上流工事事務所・浦和市天然記念物調査会.
- Watano, Y. 1988. High levels of genetic divergence among populations in a weedy fern, *Pteris multifida*. Plant Species Biology 3 : 109-115.
- Watano, Y. and Iwatsuki, K. 1988. Genetic variation in the 'Japanese Apogamous Form' of the fern *Asplenium unilaterale* Lam. Bot. Mag. Tokyo 101 : 213-222.
- Weeden, N. F. and Wendel, J. F. 1989. Genetics of plant isozymes. In Soltis, D.E. and Soltis, P. S. (eds.): Isozymes in Plant Biology, pp. 46-72. Dioscorides Press, Portland.
- Wright, S. 1965. The interpretation of population structure by F-statistics with special regard to systems of mating. Evolution 19: 395-420.

(received November 14, 1995; accepted December 16, 1995)

○片桐一正 森の敵 森の味方 —ウイルスが森林を救う— A5判, 253頁, 1995年8月1日, 地人書館発行, 2,060円.

この本の導入部, 高尾山でモミの害虫が大発生して, ワラワラと糞が林下に降ってくる情景が語られる。この高尾山のモミ林では6~7年周期で, ハラアカマイマイという蛾が大発生するが, この大発生の年には蛾に梢頭病が大流行して, 大発生が終息し, 再び森林には平和が訪れるのだという。筆者は, このハラアカマイマイの梢頭病の病理学的研究から, NPVというウイルスが病原体であることを突き止める。この高尾山のモミ林での害虫流行の規則正しいリズムは, 一度農薬が空中散布されたことでくずれてしまい, 次の大発生の年を待たずに再び大発生の兆しがあらわれた。崩れた自然のリズムを取り戻すためにとられた手段は, 毛虫の天敵ウイルスの空中散布という大胆な試みだった。本書のこの前半部分は相当にスリリングで一気に読ませてしまう力を持っている。後半は, 森林保護や林業のあるべき姿についての提言からなっている。森林の保護は, 森林自体の持つホメオスタシスの力の活用を考慮して行うべきだというのが筆者の主張で, これには大いに共感