

論文審査の結果の要旨

申請者氏名 耿 其芳

マングローブ林は、熱帯・亜熱帯の河口や海岸沿い汽水域に形成される湿地生態系で、高い生産性を持つ。沿岸海洋環境の保護機能を持つマングローブ林は、薪炭林や観光、漁業資源としても重要な役割を果たしている。しかし、近年、大規模な養殖地の開発、農地や塩田への転用が進んでおり、マングローブ林の面積は世界規模で急激に減少している。これに伴い、マングローブ林における遺伝的多様性もまた急速に失われているものと考えられている。

世界で約80種あるマングローブ植物のうち、中国には26種が知られており、主に海南省、広東省、広西省、福建省の沿岸域に分布している。世界のマングローブ林と同様に、中国のマングローブ林もこの40年間で3分の2の面積が失われ、危機的状況にある。現存する17,885haのマングローブ林の80パーセントは二次林で、いずれも断片化が進んでいる。こうしたマングローブ林を保全・維持するためには現存する林分の遺伝的多様性やそれぞれのマングローブ植物の繁殖様式を調べる必要がある。本研究では中国南沿岸域に分布する、代表的なマングローブ7種 (*Acanthus ilicifolius*、ツノヤブコウジ、ヒルギダマシ、オヒルギ、メヒルギ、ヒルギモドキ、ヤエヤマヒルギ) を対象に、核マイクロサテライト (SSR) マーカーと葉緑体 SSR (cpSSR) マーカーを用いて、中国の分布域全体の集団遺伝構造や遺伝的多様性を調べた。さらに、マングローブの詳細な繁殖特性を解明するため、メヒルギ集団内の空間遺伝構造、交配様式、花粉・胎生種子の散布様式を調べた。

序論では世界のマングローブの分布、形態的・生理的特性、保全の状況および集団遺伝学的研究の状況などについて詳述した。

詳細な集団遺伝解析などには、多型性が高く共優性でしかも再現性が高い SSR マーカーの利用が不可欠であるが、今回研究対象とした7種の中には SSR マーカーが開発されていない樹種も含まれる。そこで、第一章では、*Acanthus ilicifolius*、ツノヤブコウジ、ヒルギモドキとヒルギダマシの計4種から、47の核 SSR マーカーと17の cpSSR マーカーを新たに作成し、その特性を記載した。

第二章では、第一章で作製した SSR マーカーと既存の SSR マーカーを用い、中国のマングローブ生息域のほぼ全域において、マングローブ7種の集団遺伝構造を調べた。解析集団数は *Acanthus ilicifolius* 6、ツノヤブコウジ 14、ヒルギダマシ 10、オヒルギ 9、メヒルギ 10、ヒルギモドキ 6、ヤエヤマヒルギ 15 である。cpSSR で識別可能な葉緑体ハプロタイプは種毎に3-11タイプあり、メヒルギ (10) とヒルギダマシ (11) 以外は5ハプロタイプ以下しか認められなかった。また、いずれの種でも限られたハプロタイプが各集団で優占していたことから、各集団は限られた祖先によって成立した可能性が考えられる。核 SSR マーカーでの解析の結果、7種のマングローブはいずれも集団内の遺伝的多様

性が低いことがわかった。集団内の近交係数はすべての種で有意に高かったことから、近親交配が集団内の多様性低下を加速している可能性が考えられる。いずれの種でも集団間の遺伝的分化は有意であり、花粉や種子の散布を通しての集団間の遺伝的交流が極めて少ないことが示唆された。これまで、マングローブにおける集団遺伝研究は一種のみを扱ったものばかりであったが、本研究は同所的に生育するマングローブ複数種を同時に解析し、共通する遺伝構造を初めて明らかにした。

第三章では、マングローブの集団内の繁殖特性を詳細に明らかにするため、代表的なメヒルギ集団を対象にして、空間遺伝構造、交配様式、花粉・胎生種子の散布様式を調べた。0.55ha の調査区を設定し、その中に分布する全ての成木（2062 本）と調査区内に設定された 4 つの実生プロット内の実生（177 本）から葉サンプルを採取した。また、花粉散布パターンを調べるため、調査区内の 11 母樹から 378 個の胎生種子サンプルも採取した。各サンプルについて、核 SSR と cpSSR マーカーを用いて遺伝子型を決定し、空間遺伝構造と花粉・胎生種子の散布パターンを明らかにした。その結果、調査区内の成木集団では 12 葉緑体ハプロタイプが同定されたものの、上位 5 タイプによって成木個体の 98.7% が占められていた。成木の分布には、cpSSR と核 SSR マーカーのいずれの解析においても空間遺伝構造が存在することがわかった。花粉と胎生種子の散布距離が非常に短かったことが（花粉平均 15.2m、胎生種子平均 9.4m）、集団内の空間遺伝構造の要因と考えられる。以上の結果から、この集団は限られた祖先が長距離散布によって定着し、その後集団内で成長した母樹が近距離の種子散布を繰り返すことで成立したものと推測される。

総合考察では、二章と三章で得られたマングローブの集団遺伝的構造と繁殖特性をまとめ、中国の南沿岸域に生育するマングローブ林の保全に関する考察を述べている。

以上のように本研究は、中国南沿岸域のマングローブで優占する 7 種について、それらの個体群間の地理的遺伝分化や遺伝的多様性などを分子生態学的解析法により明らかにした。これまで、同所的に生育する複数種を同時に解析し、個々の種の遺伝的構造だけでなく群集全体としての遺伝的多様性を把握する分子生態学の解析は皆無である。また、マングローブ林において親子解析から花粉と種子の散布パターンを明らかにした例もこれまで無く、本研究の先駆的意義は大きい。さらに、本研究によって得られたマングローブの遺伝的多様性と繁殖特性に関する基礎的情報は、中国南沿岸域のマングローブ林保全を考える上で有益な情報となるであろう。従って、本研究は、学術と応用上の貢献が極めて大きく、審査委員一同は本論文が博士（農学）の学位論文として価値あるものと認めた。