

東京大都市圏におけるマヤランの遺伝的多様性と 都市的土地利用の関係

内田 圭^{1,*}・石井直浩²

¹東京大学大学院 農学生命科学研究科, ²横浜国立大学大学院 環境情報学府

Kei Uchida¹, Naohiro Ishii²: Relationships between genetic parameters of *Cymbidium macrorhizon* and urban areas in a megacity. *Miscellaneous Reports of the Institute for Nature Study (54)*: 19–22, 2022.

¹ Graduate School of Agricultural and Life Sciences, The University of Tokyo, ² Graduate School of Environment and Information Sciences, Yokohama National University

はじめに

人間はこれまで、生物の生育・生息地を改変して活動を継続してきた。その代表的な例が都市的土地利用の拡大である。しかしながら都市的土地利用の拡大は、生物の生育・生息域を縮小・分断化・劣化させることが明らかとなっている (Grimm *et al.*, 2008; Seto *et al.*, 2012)。

一般的に、生物の個体群サイズの縮小や生息地間を移動するための分散が制限されることによって、個体群内の遺伝的多様性は低下し、個体群間の遺伝的分化は増大すると考えられている (Rivkin *et al.*, 2013)。多くの研究は、分散能力の差異が大きい動物を対象としてきており、分散能力が低いとされている植物種の遺伝的多様性を都市的土地利用との関係から研究した事例はとて少ない (Miles *et al.*, 2019)。また、体サイズや人間による分散促進の有無に依存して都市的土地利用の拡大が生物種へ与える影響は異なっている (Miles *et al.*, 2018; Schmidt *et al.*, 2020)。したがって、植物においても、生活史・形質の差異に依存して、都市化の影響が異なる可能性がある。

ラン科植物は、都市的土地利用の拡大に対して脆弱な分類群の一つであると考えられ、世界的に都市的土地利用の拡大に起因した絶滅が報告されている (Duncan *et al.*, 2011; Khapugin *et al.*, 2020)。本研究では、シュンラン属マヤラン (*Cymbidium macrorhizon*) (図1) を

対象に遺伝的多様性・分化と都市的土地利用の関係について検討した。

調査方法

本研究は、東京都市圏の残存緑地に生育するマヤラン (ラン科シュンラン属) を対象に行った。マヤランは環境省レッドリストにおいて絶滅危惧II類 (VU) に指定されており、多年生、虫媒・風散布 (Suetsugu, 2014)、菌従属栄養性 (Motomura *et al.*, 2010) といった生活史特性を有する。東京大都市圏の9つの残存緑地において (図2, 絶滅危惧種のため詳細な位置情報は示さないこととする, 自然教育園はサイト01に位置する), 各緑地あたり8から16個体のマヤランから花弁を採取し、ゲノムワイドな一塩基多型 (SNPs: single nucleotide polymorphisms) の検出手法である ddRAD-seq (Peterson *et al.*, 2012) を用いてDNA分析を実施した。得られたSNPsデータから、各緑地内の遺伝的多様性の指標であるヘテロ接合度の期待値 (H_e), 各緑地間の遺伝的分化の指標である固定指数 (pairwise F_{ST}) を算出した。サイト間の遺伝的組成の類似度を可視化するため、pairwise F_{ST} に基づくネットワーク (Neighbor Net) を作成した。

*E-mail: k.uchida023@gmail.com

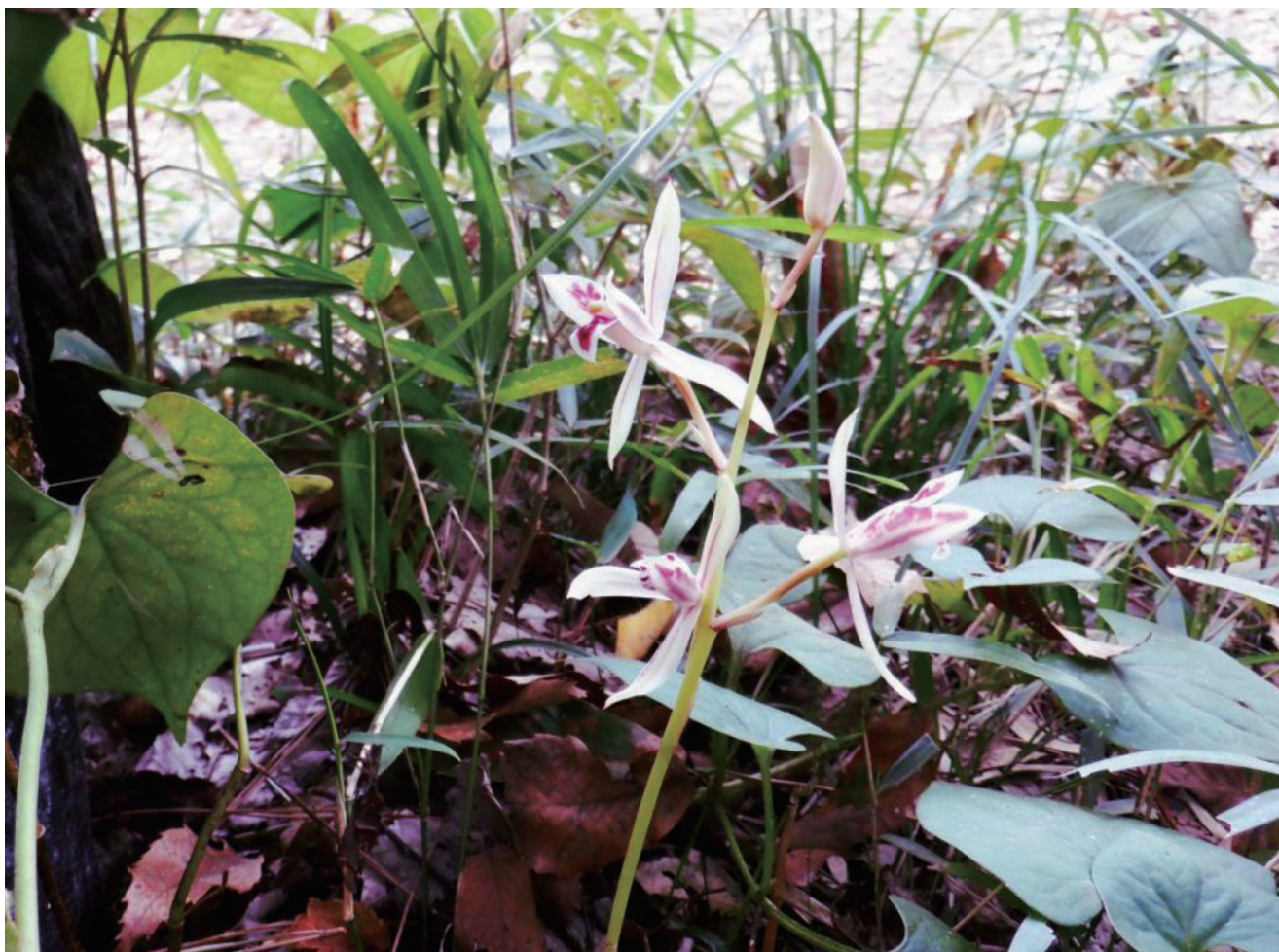


図1. 自然教育園で開花するマヤラン (*Cymbidium macrorhizon*).

結果および考察

都市的土地利用がサイト周辺に占める割合が最も高い2サイト(図2, サイト01および02)で H_E は最も低いことが明らかとなり, 自然教育園(サイト名01)の値は0.168であった。一方で, pairwise F_{ST} の平均値は, 都市的土地利用がサイト周辺に占める割合が最も高い2サイト(図2, サイト01および02)で最も高いことが示された。また, pairwise F_{ST} に基づくNeighbor Netから(図3), 他の緑地と比較して, これらの2サイトにおける遺伝的組成は大きく異なっていることが明らかとなった。

都市的土地利用がサイト周辺に占める面積率が高い緑地では遺伝的多様性(H_E)が低い傾向が明らかとなった。その要因としては, 生育域の縮小および分断化にともない, 集団サイズが小さくなっていることや生育域の間での分散が制限されていることによって, 遺伝的浮動が生じたことが考えられる(Honnay *et al.*, 2007)。一方で,

都市的土地利用が拡大してきた地域において遺伝的分化の値(pairwise F_{ST})が高いことは, 遺伝的浮動による確率的な遺伝的分化の蓄積(Wright, 1943)および各緑地における生育環境への適応的な遺伝的分化に起因すると考えられた。

マヤラン個体群の保全策としては, 遺伝的多様性が低い緑地において, 人為的に種子を散布することによる他サイト由来の個体の導入が提案できる。今回の解析から, 東京大都市圏におけるマヤランの遺伝的な分化は, 異なるサイト間であっても個体間の遺伝的差異が小さいことが明らかとなっており, 検討次第では保全策となりうる可能性がある。今後は, 遺伝的なパラメータと土地利用の変化の関係を解析すること, および他のラン科において平行進化が進んでいるのかについて検討することが重要である。

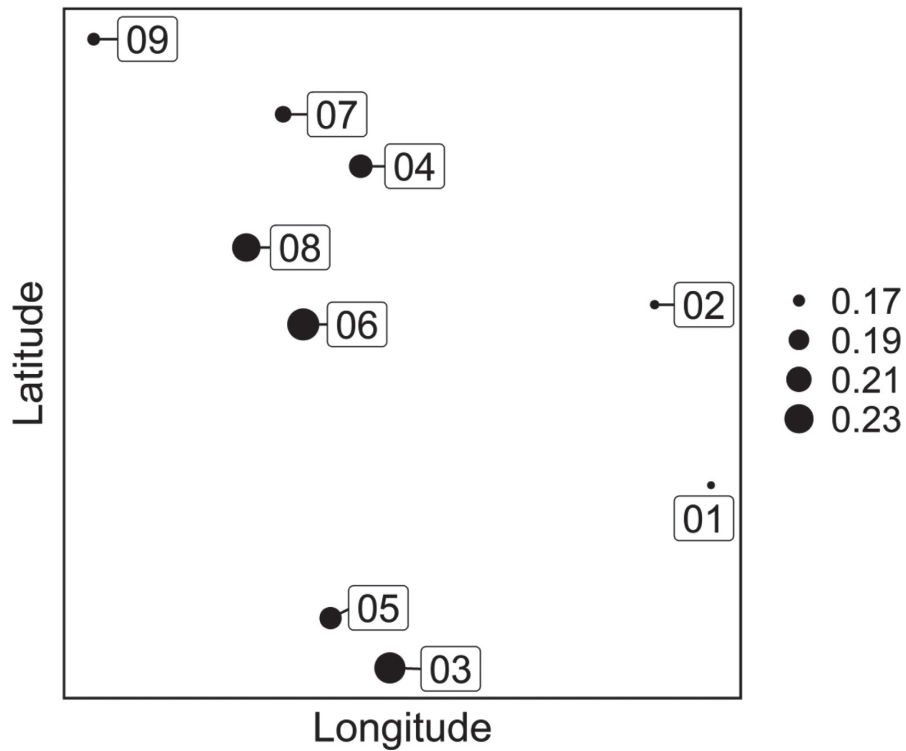


図2. 東京大都市圏におけるマヤランの遺伝的多様性 (H_e) の分布. マヤランは絶滅危惧種のため、正確な位置関係は表示しない. 国立科学博物館附属自然教育園はサイト01に位置する. 数字記号01-09は、本研究で調査した東京大都市圏における残存緑地サイトを示し、黒円は H_e の値の大きさを示す.

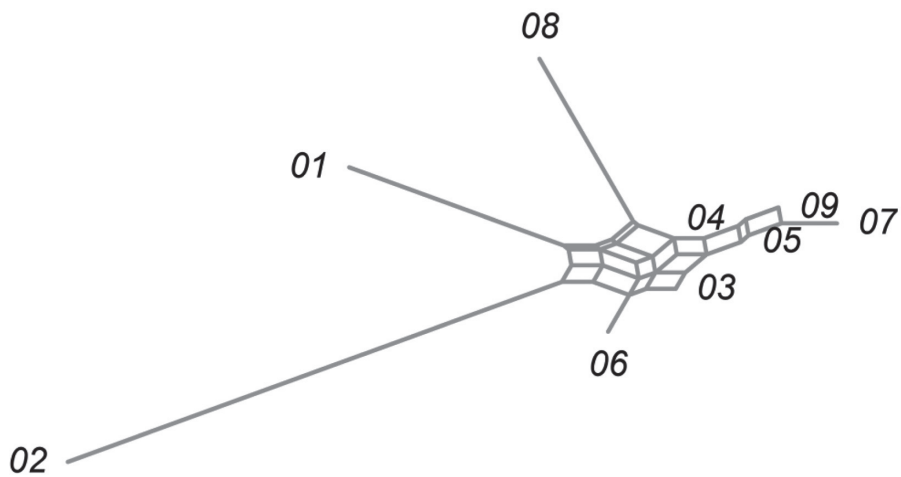


図3. 東京大都市圏の残存緑地サイト01-09における、pairwise F_{ST} に基づくネットワーク (Neighbor Net).

謝 辞

本研究を進めるに当たり、自然教育園におけるサンプル収集のための許可申請および現地調査の手配をいただきました下田彰子氏（国立科学博物館附属自然教育園）に感謝の意を表します。また、横浜国立大学の岩知道優

樹氏には東京大都市圏におけるサンプリング調査のお手伝いをいただきました。ここに感謝申し上げます。

引用文献

- Grimm, N. B. et al. 2008, Global change and the ecology of cities. *Science*, 319 : 756-760.
- Seto, K. C., Güneralp, B. & Hutyra, L. R. 2012, Global forecasts of urban expansion to 2030 and direct impacts on biodiversity and carbon pools. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 109 : 16083-16088.
- Rivkin, L. R. et al. 2019, A roadmap for urban evolutionary ecology. *Evolutionally Applications* : 12, 384-398.
- Miles, L. S., Rivkin, L. R., Johnson, M. T. J., Munshi-South, J. & Verrelli, B. C. 2019, Gene flow and genetic drift in urban environments. *Molecular Ecology* : 28, 4138-4151.
- Miles, L. S., Dyer, R. J. & Verrelli, B. C. 2018, Urban hubs of connectivity: Contrasting patterns of gene flow within and among cities in the western black widow spider. *Proceeding Royal Society B Biological Science* : 285, 20181224.
- Schmidt, C., Domaratzki, M., Kinnunen, R. P., Bowman, J. & Garroway, C. J. 2020, Continent-wide effects of urbanization on bird and mammal genetic diversity. *Proceeding Royal Society B Biological Science* : 20192497.
- Duncan, R. P. et al. 2011, Plant traits and extinction in urban areas: A meta-analysis of 11 cities. *Global Ecology and Biogeography* : 20, 509-519.
- Khapugin, A. A., Kuzmin, I. V. & Silaeva, T. B. 2020, Anthropogenic drivers leading to regional extinction of threatened plants: insights from regional Red Data Books of Russia. *Biodiversity and Conservation* : 29, 2765-2777.
- Shefferson, R. P., Jacquemyn, H., Kull, T. & Hutchings, M. J. 2020, The demography of terrestrial orchids: Life history, population dynamics and conservation. *Botanical Journal of Linnaean Society* : 192, 315-332.
- Suetsugu, K. 2014, Autonomous self-pollination and insect visitors in partially and fully mycoheterotrophic species of *Cymbidium* (Orchidaceae). *Journal of Plant Research* : 128, 115-125.
- Motomura, H., Seloosse, M. A., Martos, F., Kagawa, A. & Yukawa, T. 2010, Mycoheterotrophy evolved from mixotrophic ancestors: Evidence in *Cymbidium* (Orchidaceae). *Annals of Botany* : 106, 573-581.
- Peterson, B. K., Weber, J. N., Kay, E. H., Fisher, H. S. & Hoekstra, H. E. 2012, Double digest RADseq: An inexpensive method for de novo SNP discovery and genotyping in model and non-model species. *PLoS One* : 7, e37135.
- Honnay, O. & Jacquemyn, H. 2007, Susceptibility of common and rare plant species to the genetic consequences of habitat fragmentation. *Conservation Biology* : 21, 823-831.
- Wright, S. 1943. Isolation by distance. *Genetics* : 28, 114-138.