

## 令和 3 年度 (2021) 共同利用研究・研究成果報告書

<p>研究課題名 和文：乗鞍岳風衝地におけるハイマツおよびコケモモの実生更新動態の解明</p> <p>英文：Patch dynamics of <i>Pinus pumila</i> and <i>Vaccinium vitis-idaea</i> at the ridge site of Mt. Norikura</p>
<p>研究代表者 小泉 敬彦</p> <p>参加研究者 瀧田 正人、杉本 健介</p>
<p>研究成果概要</p> <p>ハイマツとコケモモはともに、日本国内の高山植生を代表する樹種である。ハイマツは林冠を、コケモモは林床を形成しており、高山に生息する生物に生息環境を提供するなどの生態系サービスを担っている。近年の地球温暖化によって、高山生態系をとりまく環境が急激に変化しつつある。こうした変化に対する生物の応答を明らかにすることは、将来的に生態系に及びうる影響を予測するうえで重要な役割をはたす。一般的に、遺伝的多様性が高いほど環境変化に対する抵抗性が高まる。生物は絶えず変動する環境に適応するために、遺伝的多様性を高く維持するためのメカニズムを発達させることで、種を存続させている。植物であれば、自家受粉を回避し、異なる親が生産した種子が定着することで、遺伝的多様性が維持される。これは、実生の遺伝子型とその更新動態を調べることによって明らかにできる。そこで本研究では、高山生態系を形作る主要樹種であるハイマツとコケモモについて、それらの実生更新動態を明らかにすることを目的とした。</p> <p>宇宙線研究所乗鞍観測所から徒歩15分に位置する大黒岳の稜線部において、17のハイマツ群落を選定し、各群落内の4×4の格子点上においてハイマツとコケモモの葉を採取した。採取した葉からゲノムDNAを抽出し、ゲノム網羅的一塩基多型探索 (MIG-seq) によって各個体の遺伝子型を決定した。まず、ハイマツに関しては、250枚の葉サンプルから遺伝子型に関するデータが得られた。サンプル間の遺伝距離行列と空間距離行列の間に高い相関が認められ (Mantel test, <math>R &gt; 0.75</math>, <math>P &lt; 0.01</math>)、クローン繁殖がハイマツの群落拡大に寄与していることが明らかとなった。しかし一方で、群落サイズの拡大とともに遺伝子型の検出数も増加したことから、種子定着による実生更新の寄与も確認された。現在、コケモモについても同様のデータを収集しており、次年度に解析を進める予定である。また、コケモモに関しては形態データ (重量、シュート長、光合成活性など) や周辺の土壌データを収集し、生理学的側面からの考察も加えていく考えである。</p>
<p>整理番号 D09</p>