

## ミヤマハタザオの毛形質と *GL1* 遺伝子の標高間分化：流域ごとの解析

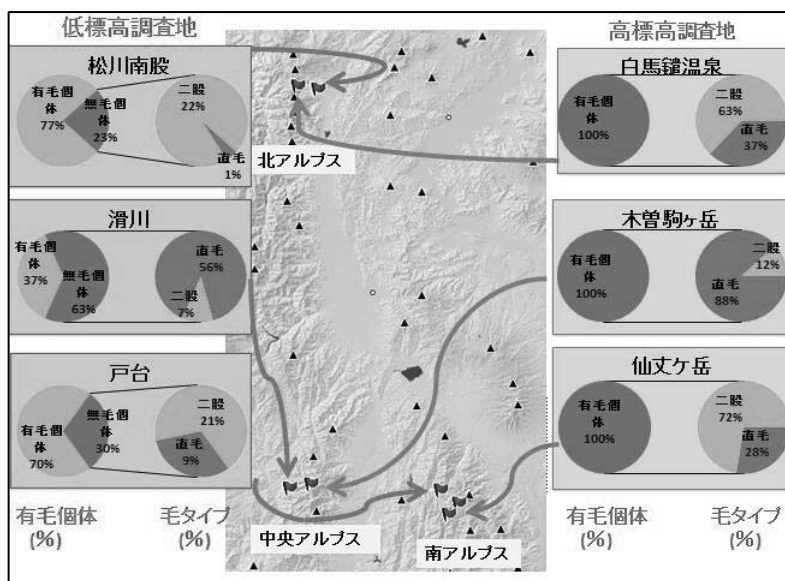
○金井日向子(信州大学農学部森林科学科)、田中健太(筑波大学菅平高原実験センター)

ミヤマハタザオは中部山岳地域周辺で約 30~3000m という非常に広い標高帯に生息し、生態学的多様性が著しい。その一方で、シロイヌナズナ属植物であり遺伝子の解析が容易である。そのため、野外生態系における適応進化を遺伝子レベルで解明する好材料である。これまでの研究から、標高傾度に沿って多数の形質が種内で分化していることが分かっている。その一つとして、葉や花茎に毛（トライコーム）を持つ個体の割合は、高標高ほど高い。また、こうした形質変異が *GL1* 遺伝子の変異と関係している。このようなパターンが形成される理由として次の二つが考えられる。1) 毛形質や *GL1* 遺伝子に違いのある複数の系統があり、それらが異なる標高帯に分布している。2) 遺伝的に類似した系統でも、毛形質や *GL1* 遺伝子が標高によって分化している。本研究では、後者の仮説を検証することを目的とし、高標高と低標高の集団が同一流域内の近距離に分布している 3 つの流域を対象に、標高間および流域間の毛形質の変異、中立遺伝子から見た遺伝的分化、*GL1* 遺伝子の分化を調べた。ミヤマハタザオは沢沿いなどの攪乱地に分布しており、流域内の集団は遺伝的に近い可能性が高い。

北アルプス・中央アルプス・南アルプスから各 1 流域を選び、それぞれの流域から白馬鍾温泉・木曾駒ヶ岳・仙丈ヶ岳の高標高集団と、松川南俣・滑川・戸台の低標高集団を対象とした。南アルプスのみ、中標高集団（大平山荘）も対象とした。集団あたり 30 個体について、毛の有無、葉一枚あたりの毛数、毛の分枝タイプを調べ、葉を採集して DNA 抽出した。全個体のマイクロサテライト遺伝子型から集団間の遺伝的分化を、各集団 10 個体以上の *GL1* 遺伝子全長の塩基配列から集団間の *GL1* 遺伝子分化を明らかにした。

高標高ではいずれの集団も全個体が有毛だったが、低標高では有毛個体と無毛個体が混在していた (図)。毛の分枝

図 調査地ごとのトライコーム表現形



タイプ組成は、同じ集水域の集団間で類似していた。現在、マイクロサテライトと *GL1* 遺伝子の解析を行っている。集水域内の標高間で、中立遺伝子の分化よりも毛形質と *GL1* 遺伝子が分化が著しければ、毛の形質と遺伝子に対して標高による淘汰が働いていることが強く示唆される。