

E - 4 熱帯域におけるエコシステムマネジメントに関する研究
(2)多様性評価のためのラピッドアセスメント開発に関する研究
熱帯雨林の遺伝的多様性の指標化に関する研究

独立行政法人森林総合研究所

森林遺伝研究領域 ゲノム解析研究室

津村義彦

谷 尚樹

<研究協力者>

独立行政法人国立環境研究所

熱帯林生態研究室

奥田敏統

沼田真也

西村 千

平成 14? 16 年度合計予算額 19,336 千円

(平成 15 年度合計予算額 5,668 千円)

[要旨]

これまでの 1~6ha の小面積調査地では樹木の遺伝子流動の実態が捕捉できないという問題に対応するため、2001 年度から熱帯林のフタバガキ科樹木の遺伝子流動解析のために大面積調査区の構築し、本年度はその解析と整備を行った。調査区としてマレーシアのパソ森林保護区において 500m×800m (40ha) のものを設置し、この 40ha 調査区に生育する胸高直径 30cm 以上のすべての個体に番号ラベルを付け、その中からフタバガキ科樹種だけを選び出し、位置及び樹種の同定を行った。同定された個体数は全部で 3064 個体で、そのうちフタバガキ科樹種は 835 個体であった。また、2001 年、2002 年には多種同調的な一斉開花が発生していた。そこで、本年度は 2001 年、2002 年におけるフタバガキ科樹種の開花、結実個体調査の結果を解析した。全体として開花したフタバガキ科樹種は 21 種 461 個体であり 2002 年の開花の規模が 2001 年より大きかった。また結実がみられたフタバガキ科樹木から母樹別に種子を収集した。遺伝子流動解析に十分な種子数が収集できたのは *Dipterocarpus crinitis*, *Hopea dryobalanoides*, *Shoera parvifolia*, *S. acuminata*, *S. bracteolata*, *S. hopeifolia*, *S. lepidota*, *S. leprosula*, *S. macroptera*, *S. maxwelliana*, *S. multiflora*, *S. ovalis*, *S. parvifolia*, *S. lepidota* の 14 種であった。このような大面積レベルにおける開花、結実フェノロジー情報や遺伝子流動研究用の情報ほとんどないため、本研究は東南アジア熱帯林の遺伝子流動の解明において重要な役割を果たすことが期待される。一方で、繁殖可能個体数の把握は現在のところ全個体調査(毎木調査)が必要であり、それには長い時間と費用がかかるという問題がある。そこで、繁殖可能個体数の把握手法のスケールアップとして、一斉開花の種子成熟期は特異な色特性(赤や黄色)を利用することで、広域的にフタバガキ科の繁殖を評価できる可能性を指摘した。

[キーワード] 遺伝子流動、フタバガキ科、マイクロサテライトマーカー、択伐

1. はじめに

種多様性及び遺伝子資源の宝庫であると言われている熱帯林も急速な開発とともに、その森林面積は減少の一途をたどってきた。熱帯林では種多様性の減少にとどまらず、種が長い時間をかけて蓄積してきた遺伝的多様性の消失も引き起こしている可能性がある。現在でも残った森林はその断片化により種多様性の減少が起こり生態系としての十分な機能さえもなくしている可能性がある。このような森林生態系は遺伝的な多様性も減少し、容易に衰退するため、健全な森林が失われてしまうことが危惧される。遺伝子資源としても貴重な熱帯林の質の低下をこれ以上引き起こさないためにも、また将来にわたって進化する可能性を含んだ遺伝的多様性を維持するために適切な保全方法が望まれている。

一方で、東南アジア熱帯林を構成する林冠木、突出木の多くが一斉開花・結実という現象を通して世代交代する。一斉開花とは隔年周期で多くの樹種、個体が同調的に開花、結実を行う現象であり、東南アジアにおいては、マレー半島からスマトラ、ボルネオ島が含まれる一年中降水の多い非季節性熱帯と呼ばれる地域で観察される。この一斉開花においては、フタバガキ科を中心に様々な種が同調的に開花、結実を行う。一斉開花の時にのみ開花、結実を行うフタバガキ科などの樹木は、この一斉開花において遺伝的多様性を決定されるものと考えられるが、一斉開花の開花、結実、及びその遺伝子流動に関する情報は非常に限られている。

2. 研究目的

これまでの1~6haの小面積調査地では樹木の遺伝子流動の実態が捕捉できないという問題がある。そこで、大面積調査区(40ha)を設置、整備し、東南アジア熱帯林の遺伝子流動範囲や遺伝的多様度を把握、一般化することを目的とした。本研究では特に、東南アジア熱帯林の世代交代において中心的役割を担う一斉開花に焦点をあて、遺伝子流動や遺伝的多様度をマイクロサテライトマーカーにより把握し、択伐及び保全のための遺伝的ガイドライン作りの基礎データの収集を行った。また、同時に一斉開花が発生している森林を広域的に評価するための方法を検討する。

3. 研究方法

(1)大規模調査地の設定

遺伝子流動を正確に把握するためには大規模な調査プロットが必要不可欠である。このため2001年にマレー半島パソ森林保護区に40haの調査地の構築した(図1)。2001年、2002年に発生した一斉開花に対応するため、2001年に胸高直径30cm以上の母樹全てにラベルを付け、同時にフタバガキ科樹種の同定を実施した。なお、本年度はこれらのデータを修正、解析するため、フェノロジーデータ解析及び樹木のマッピングを実施し、冷凍保存していた種子サンプルの整理及びDNA抽出を行った。

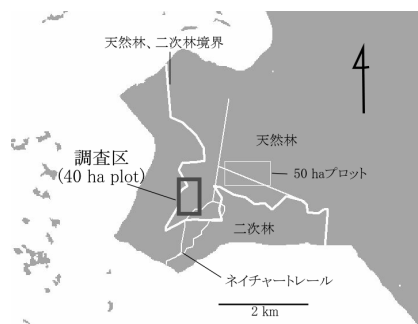


図1 マレー半島パソ森林保護区に構築した40haプロット

(2) 遺伝子流動用のマイクロサテライトマーカー開発

熱帯林の遺伝子流動研究においては、多型性が特に高いマイクロサテライトマーカーが有効である。これまでに *Shorea curtisii*¹⁾、*Neobalanocarpus heimii*²⁾ を対象にマイクロサテライトマーカーを開発したが、本研究のようなフタバガキ科樹木全般を対象とする研究に応用するには限界がある。そこで新たに *Shorea lepurosula*, *Shorea lumutensis*, *Hopea bilitonensis* を対象に濃縮法を用いたマイクロサテライトマーカーの開発を行った。

4. 結果・考察

(1) 大規模調査地の設定と開花結実

構築した40haプロットは800m×500mであり、40mグリッド単位で構築した(図2)。また胸高直径30cm以上の全個体について標識をつけ、その総個体数は3389個体のうち、フタバガキ科樹木は849個体であった。これらについて樹種の同定及び位置を地図上に落とす。

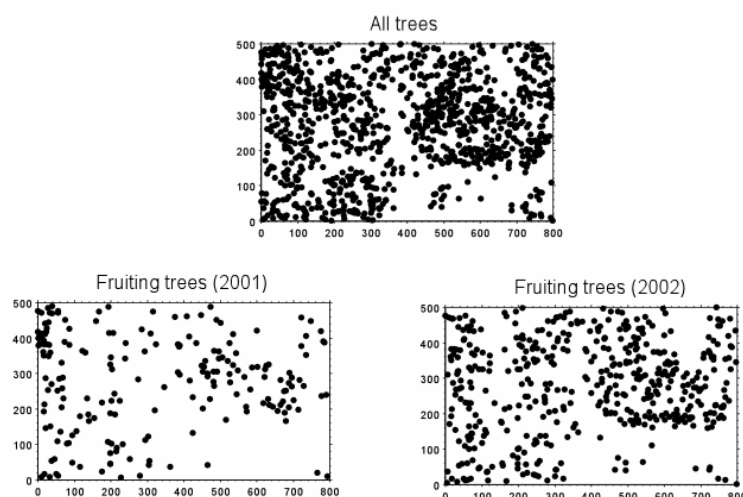


図2 対象区(40ha Plot)における対象木(フタバガキ科)の位置(上)、2001年における結実個体位置(下左)、及び2002年における結実個体位置(下右)。単位はmである。

2001年8月から2002年2月まで発生した開花、結実と2002年3月から9月まで発生した一斉開花について、2週間に一度の頻度で個体レベルの開花、結実フェノロジーの調査を実施した。その結果、2001年の一斉開花では20種のフタバガキ科で232個体が開花したが、2002年の一斉開花では21種461個体となり2002年の開花の規模が大きかったことが示唆された(図2、3)。また、いずれの一斉開花においても開花期(3-4ヶ月)、種子成熟期(2-3ヶ月)、成熟種子散布期(1ヶ月)の3つ時期に分けられた。開花期においては、それぞれの種ごとに2-3週間程度の開花が順次みられ、3-4ヶ月を過ぎるとすべての種が種子成熟期となった。この種子成熟期には鮮やかな赤や黄色の未成熟種子が林冠にみられたため、森全体の結実状況を目視により確認することが可能であった。そこで、予備的調査として、2003年12月にパソ森林保護区近辺において散発的に結実した *Shorea* 属の個体の林冠の分光反射特性をスペクトルラジオメーターにより測定した結果、非結実個体のは500-550nmにピークあったが、結実個体では500-550nmのピークみられず、さらに近赤外域で低い値を示した。そのため、結実個体は特異な色スペクトル特性を持つことが示唆される。

また、これらの一斉開花では年、そして属や種ごとに開花、結実率の違いがみられたため(図3)、開花、結実個体密度や開花、結実量などが遺伝子流動に与える影響を検討することが可能であると考えられた。すなわち、Shorea 属や Dipterocarpus 属の多くは 2001 年と比べて 2002 年の結実個体密度が高い傾向にあったが、Hopea 属は両年通じて結実個体密度は高い傾向にあった(図3)。このような違いは、遺伝子流動に強く影響する送粉者競争や種子補食に対して影響を与える可能性が高いため、現在これらについて詳細に検討している。

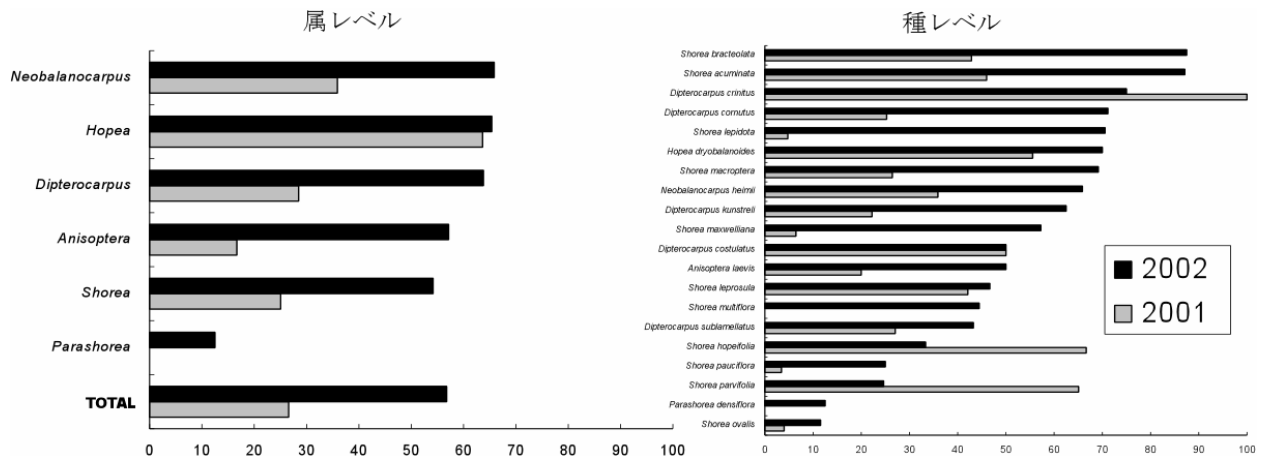


図3 各属(左)、各種(右)ごとの2001年、2002年における結実率。なお、観察対象が増えたため、2001年と2002年で対象個体数が異なる。また、種名が不確定のものは除いた。

一方で、一斉開花は数年に一度の頻度で、不定期に発生すると言われている。そのため、一斉開花は群集レベルでどの程度の結実が起こるのか、どのような個体が結実するのかという点はほとんど明らかにされていない。本研究では、それぞれの一斉開花における個体レベルの開花、結実フェノロジーを記録した結果、2001年、2002年いずれの年において、いずれのサイズクラスにおいても結実が確認されたが、サイズが大きな個体ほど結実している傾向が明らかになった(図4)。また、2001年のみ結実した個体は11%、2002年のみ結実した個体は38%、両年ともに結実した個体は15%、両年とも結実しなかった個体は34%であった。一斉開花は続けて発生したが、連続して結実した個体は15%であり、多くはどちらかの年に咲いたものであった。

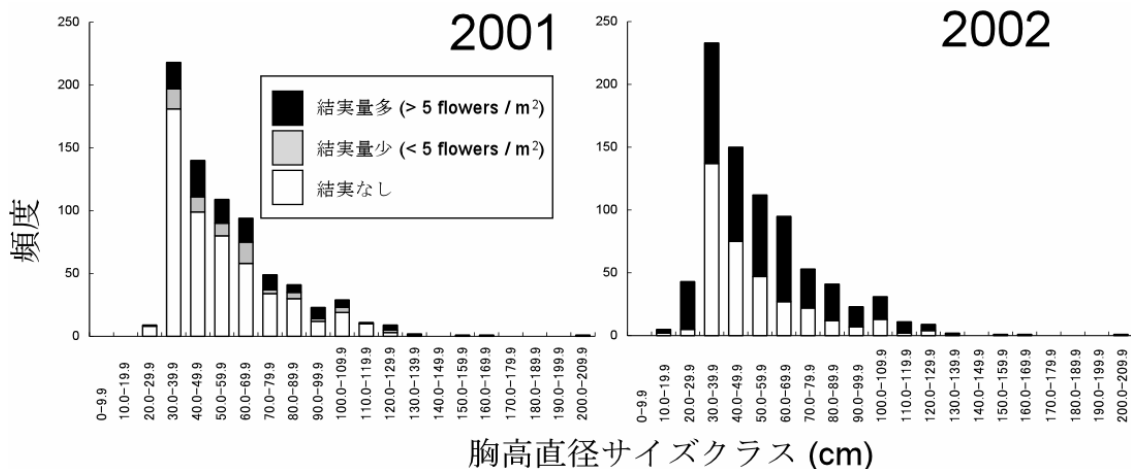


図4 2001年、2002年における直径階別結実個体の頻度。なお、観察対象が増えたため、2001年と2002年で対象個体数が異なる。

一方で、これら二回の一斉開花を利用して、フタバガキ科樹木の結実種子を収集した。両年とも多くの樹種で結実が見られたが、遺伝子流動を解析するために十分な母樹が確保できたのは 12 種程度であった (表 1、2)。本年度は収集した種子からは DNA を抽出し、現在も遺伝子型の決定を行っている。なお、遺伝子型の決定においては、セルティン森林保護区に設置した択伐林調査区 (12ha) との比較を行いながら実施する予定である。

表 1 二度の開花イベントで結実した解析可能な母樹数。カッコ内数字は母樹数を示す。

種	2001年結実		2002年結実	
	40haプロット	12haプロット (択伐林)	40haプロット	12haプロット (択伐林)
<i>D. crinitus</i>	+(3)			
<i>S. parvifolia</i>	+(4)	+(13)	+(8)	
<i>S. acuminata</i>	+(9)	+(7)	+(9)	
<i>S. bracteolata</i>		+(13)	+(9)	
<i>S. leprosula</i>	+(6)	+(3)	+(8)	
<i>S. macroptera</i>	+(6)		+(5)	
<i>S. maxwelliana</i>			+(10)	
<i>S. multiflora</i>	+(1)		+(8)	
<i>S. lepidota</i>		+(4)	+(8)	
<i>S. ovalis</i>		+(3)		
<i>S. hopeifolia</i>	+(2)	+(2)		
<i>H. dryobalanoides</i>			+(6)	

表 2 一回目の結実で集めることができたフタバガキ科樹木の種子由来の DNA 数。カッコ内数字は母樹数を示す。

種	40ha プロット	12ha プロット
<i>D. crinitus</i>	157(3)	
<i>S. parvifolia</i>	286(4)	776(13)
<i>S. acuminata</i>	160+ (9)	323(7)
<i>S. bracteolata</i>		134(13)
<i>S. leprosula</i>	445(6)	102(3)
<i>S. macroptera</i>	331(6)	
<i>S. multiflora</i>	44(1)	
<i>S. lepidota</i>		152(4)
<i>S. ovalis</i>		138(3)
<i>S. hopeifolia</i>	11(2)	71(2)
合計	1434	1696

②) 遺伝子流動用のマイクロサテライトマーカー開発

マイクロサテライトを含む領域をの濃縮し、効率的なマイクロサテライトマーカーの開発を行った。濃縮法は Armour et al. (1994)³⁾, Fleischer and Loew (1995)⁴⁾ 及び Fischer and Bachmann (1998)⁵⁾ により開発された。本研究ではこれらを改良し、その結果、表 4、5 の様な多型なマイクロサテライトマーカーを開発することができた。また他の 2 種についても幾つかのマーカー開発可能であることを明らかにし、現在、多型性等の調査中である。これらのマーカーを応用することで、本調査区におけるフタバガキ樹木の遺伝子流動調査が可能になると考えられる。

表 4 *Hopea bilitonensis* で開発できた 15 種のマイクロサテライトマーカーの PCR プライマー配列とその多型性

Locus	Primer sequence (5' - 3')	Repeat	T	A	Size	H _o	H _e	Acces. no.
<i>Hbi 016</i>	F: TTC CAT CCA TTA CCC AAA AG R: TAG ACA AAA CAT CCC ACA TC	(GA) ₇	52	2	116-120	0.167	0.337	AJ582737
<i>Hbi 019</i>	F: GCT CTT CCT CAA CCA TAG R: CAAAGT GTG GAT TAT TGT TAC	(GA) ₁₇	52	5	99-123	1.000	0.756*	AJ582738
<i>Hbi 022</i>	F: CTT TTT ACG CTT TCA GTT CC R: TGT CCT CGC ACC CAT CA	(CT) ₉	52	2	133-135	0.208	0.361	AJ582739
<i>Hbi 055</i>	F: GCC GAG AGA TTT TTG TTT CC R: TCC GCA CCT ACC TCC ACC	(GA) ₁₁	52	3	160-166	0.583	0.547	AJ582740
<i>Hbi 116</i>	F: GTT AGG AIT TTG TGG TTG GT R: ATT CCA GAG TTG GTA ATA GTT G	(CT) ₆ T ₉	52	2	118-120	0.417	0.337	AJ582741
<i>Hbi 159a</i>	F: TTG TCC GTC CTT CAC CCA TC R: CCA CCA CTT TCC CTT TGT TAT C	(GT) ₁₀ T ₁₂	52	2	125-127	0.273	0.406	AJ582742
<i>Hbi 160</i>	F: TTC TAC TAT TGC TTT TAC AGG GA R: TAA CTT TAG ACG ACG CCA TT	(GA) ₁₀	52	3	119-123	0.667	0.531	AJ582743
<i>Hbi 161</i>	F: ATG AGT GAT GCT GTT GAA GG R: TCG CTT ACA CTG TGT TCG TC	(GGA) ₇	52	4	110-128	0.875	0.614*	AJ582744
<i>Hbi 204</i>	F: AAG ACC ATC AGG AGG TAT AG R: ATT AAC ACT CAC AAC ATT CA	(CT) ₃₀	50	5	100-142	0.042	0.561*	AJ582745
<i>Hbi 221</i>	F: TGG TTC AAT GAC AAA AAT G R: CAA GTG TGA GAA GGG TTA G	(CT) ₁₀ (TCT) ₃	50	4	173-187	0.870	0.610*	AJ582746
<i>Hbi 247</i>	F: CAAAAT CAC AAT CAA ATA AAC R: CGA GTT CCT GGC GGT TC	(GA) ₁₇	52	4	131-145	0.833	0.723	AJ582747
<i>Hbi 303a</i>	F: TAA AAC TCA AAA GAG GGA AC R: CCG CCA TTA TCT GAA GC	(CT) ₁₇	50	5	122-136	0.875	0.774*	AJ582748
<i>Hbi 316</i>	F: TTG GAG TTT GTT AGC CTA TG R: CAA TTT AGT CCC TAA TTC ACA	(GA) ₁₉	50	8	165-198	0.250	0.757*	AJ582749
<i>Hbi 325a</i>	F: ACC CGT TCT TCC AGT CC R: ATT TAG TTG TAT CC CTT TTA TC	(GT) ₁₇	50	6	165-184	0.667	0.796*	AJ582750
<i>Hbi 329</i>	F: AGA GCG GGG AAG CAC TGT GG R: AGG AAA GAA TGG CGA GGT GG	(CT) ₁₄	58	6	137-157	0.875	0.769*	AJ582751

表 5 *Shorea leprosula* で開発できた 20 種のマイクロサテライトマーカーの PCR プライマー配列とその多型性

Locus	Sequence (5' - 3')	Repeat	T	A	Size ^a	H _o	H _e	P _e	Acc
<i>Sle 074a</i>	F: ATC ACCAAG TACC TA TCATCA R: GCAATG GCA CAC AGT CTA TC	(CT) ₁₁	52	11	110-130	0.792	0.824	0.650	AJ6
<i>Sle 079</i>	F: GT T GTC TGTTCT TAC CAG GA AG R: GCATAAGTA TCG TCG CCA	(CT) ₁₁	52	13	155-198	0.625	0.830	0.662	AJ6
<i>Sle 105</i>	F: CTG TGT CAAAAT CAG TTAGG ACTTACG AG R: GAG TCG ATT GCT TGT CTT CAC CC	(GA) ₁₂	55	7	132-146	0.652	0.734	0.485	AJ6
<i>Sle 111a</i>	F: GG AAAC TACTGG AGCAGA GAC R: GGT GGG TTA TGG AGAATG AG	(GA) ₁₄	52	12	138-154	0.792	0.855	0.689	AJ6
<i>Sle 118</i>	F: AAA CGTACAAA TTC ATCA R: CTATTG GT T GGG TCA GAA GG	(GA) ₁₆	52	15	145-176	0.833	0.892	0.750	AJ6
<i>Sle 216</i>	F: AGA GAA CCC AGACCC CAG AC R: TTT GAG AAG AAC CCA GAA CC	T ₁₂ (CT) ₆	50	7	93-112	0.565	0.834*	0.635	AJ6
<i>Sle 267</i>	F: CTT AAT TGT GAT GCC TGT TG R: TCT TGT ATT TAT GCT TCT CC	(GA) ₁₇	50	7	106-128	0.792	0.746	0.521	AJ6
<i>Sle 271a</i>	F: CAG GAA CCG ACT ATCTGC C R: TCA TTC AAATCA AAC TAATTT C	(GA) ₇	50	5	122-132	0.636	0.507	0.285	AJ6
<i>Sle 280</i>	F: GCAACT AAAATG GA CCAG A R: GAG TAA GGT GGCAGA TAT AGA G	(CT) ₇	52	11	107-137	0.833	0.851	0.681	AJ6
<i>Sle 290</i>	F: TTT TGC TCT TTC TTC TGT TGT CA R: ATT TGG CTG TTT GGT CCG AT	A ₂₁ N ₆ (GA) ₅ (GA) ₁₈	52	14	195-211	0.571	0.912*	0.784	AJ6
<i>Sle 291a</i>	F: GT C CA GAT GTAGT CTC TGT TTG C R: TTG CAT ACT CTC GAT TCC ATG TTG	(GA) ₈	55	8	157-183	0.333	0.732*	0.487	AJ6
<i>Sle 294</i>	F: AAC TAAATG TAAAAT CTT CC R: CTT TTG AGA TAT AAT GTT GA	(GA) ₁₂	50	6	107-118	0.667	0.653	0.410	AJ6
<i>Sle 303a</i>	F: TCC TTA CAT GGA CTG AGATT C ACC R: GTT TCAATTATG AGG GG AACT GAT TTAC	(GA) ₁₂	55	11	145-169	0.783	0.909*	0.776	AJ6
<i>Sle 384</i>	F: CCAAGA CAA CTC AAT CCT CA R: AGATGAAGG TGT TGC TGT G	(CT) ₁₃	58	14	191-219	0.625	0.657	0.473	AJ6
<i>Sle 392</i>	F: ATG TCC TTG AAG ATG TAAAGT GGG TG R: AAT AAT GGAAG T GAG ACGAGG CTG	(GA) ₁₁	55	15	161-231	0.789	0.899	0.759	AJ6
<i>Sle 465</i>	F: CAAAG T TGAACC TTG AAT CT R: ATTTAG AAG CCG TCC AGC	(CT) ₁₄	50	6	64-76	0.652	0.790	0.558	AJ6
<i>Sle 475</i>	F: AGC GAAACC CTT GTG GAG A R: GAG ACT ACG GTG GCG ACGA	(GA) ₁₀	50	9	129-139	0.875	0.848	0.668	AJ6
<i>Sle 562</i>	F: TGATTT GGG TGG TIG TAG R: TAT TAC ATT TTT CAA GT CAAG TC	(GT) ₈	52	12	154-180	0.750	0.883	0.737	AJ6
<i>Sle 566</i>	F: TGAGTA ACAAGT AAT GAG GG R: GCA GAG ATT GAAACAGA AG	(GA) ₁₃	52	15	59-104	0.727	0.878*	0.729	AJ6
<i>Sle 605</i>	F: GTG CAT TTA TTG CCT GAG TAA GGT GG R: CAA CTA AAATGG ACC AGA CCG GAT G	(GA) ₁₃	55	8	125-147	0.739	0.833	0.641	AJ6

^a Allele size range of all loci were determined using ABI PRISM 3100 Genetic Analyzer (Applied Biosystems), except for *Sle 105*, *Sle 291a*, *Sle 303a*, *Sle 392*, and *Sle 605*, which were determined using ABI PRISM 377 DNA Sequencer (Applied Biosystems)

5. 本研究により得られた成果

フタバギ科樹木の遺伝子流動を研究するための大面積調査地を設置、整備し、2001 年、2002 年

に発生した一斉開花の結実フェノロジーを明らかにした。同時に、多くのフタバガキ科樹木から種子を収集しDNAを抽出し、遺伝子流動調査用のマイクロサテライトマーカーを開発した。来年度は、これらを組み合わせることにより、効率的に遺伝子流動調査が実施できると期待される。

昨年度の交配距離に関する結果では、森林伐採等による繁殖個体数の減少が交配相手数の減少をもたらした。長期的には近親交配あるいは自殖の増加を招くことが示唆されている。本年度得られた成果から、一斉開花の規模(繁殖個体密度)に応じて、それぞれの種がどの程度の遺伝的交流を行い、遺伝的多様性が維持されるかを明らかにする準備が整ったといえる。そこで、来年度は自立的に更新可能な集団を維持するための繁殖個体数、ひいては持続的な森林管理を行うためには繁殖可能個体数を評価する予定である。

繁殖可能個体数の把握は、現在のところ全個体調査(毎木調査)が必要であり、それには長い時間と費用がかかる。しかし、本研究で示したように、一斉開花は開花期、種子成熟期、成熟種子散布期の3つ時期に分けられ、このうち種子成熟期には赤や黄色の未成熟種子をつけた林冠が森全体に広がり、結実個体を目視により確認することが可能であり、一斉開花の時の分光反射特性は熱帯林の通常状態(緑色)とは大きく異なっていた。これらの特性を利用すれば、既存衛星画像のアーカイブ(特にマルチスペクトルセンサーを持つもの)により広域的にフタバガキ科の繁殖状況を評価することが可能になるものと考えられる。

6. 引用文献

- 1) Ujino, T., T. Kawahara, Y. Tsumura, T. Nagamitsu, Wickneswari R. and H. Yoshimaru (1998) Development and polymorphism of simple sequence repeat DNA markers for *Shorea curtisii* and other Dipterocarpaceae species. *Heredity* 81: 422-428.
- 2) Iwata, H., A. Konuma, and Y. Tsumura 2000. Development of microsatellite markers in the tropical tree *Neobalanocarpus heimii* (Dipterocarpaceae). *Molecular Ecology* 9:1684-1685
- 3) Armour, J. A. L., Neumann, R., Gobert, S., and Jeffreys, A. J. (1994) Isolation of human simple repeat loci by hybridization selection. *Hum. Mol. Genet.* 3, 599-605.
- 4) Fleischer, R. C., and Loew, S. (1995) Construction and screening of microsatellite-enriched genomic libraries. In: *Molecular Zoology: Advances, Strategies and Protocols* (eds. Ferraris J, Palumbi S), pp. 459-468. Wiley-Liss, New York.
- 5) Fischer, D., and Bachmann, K. (1998) Microsatellite enrichment in organisms with large genomes (*Allium cepa* L.). *Biotechniques* 24, 796-802.

[国際共同研究の状況]

この研究はすべてマレーシア森林研究所との共同研究により行なわれた。

カウンターパート: Norwat Muhammad, Lee Chai Ting, Lee Soon Leong, Kevin K. S. Ng

[研究成果の発表状況]

(1) 誌上発表(学術雑誌)

Y. Takeuchi, S. Ichikawa, A. Konuma, N. Tomaru, K. Niiyama, S. L. Lee, N. Muhammad and Y. Tsumura: *Heredity* 92: 323-328 (2004)

“Comparison of the fine-scale genetic structure of three dipterocarp species ”

S. L. Lee, N. Tani, K. K. S. Ng and Y. Tsumura: Molecular Ecology Note 4:147-149 (2004)
"Characterization of 15 polymorphic microsatellite loci in an endangered tropical tree *Hopea bilitonensis* (Dipterocarpaceae) in Peninsular Malaysia "

Y. Tsumura, Ujino-Ihara, T., Obayashi, K., Konuma, A., and Nagamitsu, T.: In T. Okuda, N. Manokaran, Y. Matsumoto, K. Niiyama, S.C. Thomas and P.S. Ashton [eds.], Pasoh -Ecology of a Lowland Rain Forest in Southeast Asia, 285-292. Springer-Verlag, Tokyo (2003).
"Mating system and gene flow of Dipterocarps revealed by genetic markers "

T. Kajita, and Y. Tsumura : In T. Okuda, N. Manokaran, Y. Matsumoto, K. Niiyama, S.C. Thomas and P.S. Ashton [eds.], Pasoh -Ecology of a Lowland Rain Forest in Southeast Asia, 285-292. Springer-Verlag, Tokyo (2003).

"Molecular phylogeny of Dipterocarpaceae "

(2)口頭発表

Y. Naito, M. Kanzaki, S. Numata, A. Konuma, S. Nishimura, S. Ohta, Y. Tsumura, T. Okuda, S. L. Lee, and N. Muhammad 種生物学会 (2003) 札幌

"Reproductive ecology of *Shorea acuminata* (Dipterocarpaceae): Comparisons of intra-specific variation and factors affecting fruit set between two mass fruiting seasons "

(3)出願特許

なし

(4)受賞等

なし

(5)一般への公表・報道等

なし

9.成果の政策的な寄与・貢献について

本研究の結果は、これまで熱帯域の多様性保全機能やそのメカニズムを、遺伝学的手法を用いて評価するための手法を確立した点において重要な成果をもたらした。今後は、森林の外形や内部構造の要素を更に詳細かつ迅速に評価する技術開発(スケールアップ技術開発とラピッドアセスメント)を同時並行的に進め、森林の外部や構造から、ある程度の遺伝的多様性の状態が把握できるような技術開発を行い、様々な関係機関を通じ、成果の広報・普及に努める。