

## 南極に飛来する花粉の起源推定を目的とした花粉1粒ずつのDNA分析

## DNA analysis of a single pollen grain to identify the provenance of pollen transported to Antarctica

# 中澤 文男 [1]; 植竹 淳 [2]; 神田 啓史 [1]

# Fumio Nakazawa[1]; Jun Uetake[2]; Hiroshi Kanda[1]

[1] 極地研; [2] 極地研

[1] NIPR; [2] National Insti. of Polar Res.

本研究では、南極雪試料に含まれる花粉一粒ずつを対象としたDNA分析を試みた。花粉のDNA分析により種が同定できれば、その植物の分布域を調べることにより、南極に飛来する花粉の起源を推定できる可能性がある。しかしながら、南極雪氷中の花粉については研究例が少なく、花粉の濃度や組成についてはほとんど知られていない。そこで、南極の3地点で採取した雪試料について花粉の濃度と組成を調べた。結果は、花粉濃度が0.2~1.2粒/kgの値をとり、その組成はマツ属花粉が最も多く50~100%を占めた。したがって、DNA分析はマツ属花粉を対象とした。本研究では、葉緑体DNA上の遺伝子領域：*rbcL*遺伝子(1331bp)、*rpl20-rps18*スペーサー領域(576bp)、*clpP*遺伝子(220bp)をポリメラーゼ連鎖反応(PCR)によって増幅し、DNA塩基配列を読みとることで種の決定を試みた。マツ(*Pinus resinosa*)の雄花から直接花粉を採取しPCRをおこなったところ、成功率は*rbcL*遺伝子で33.3%、*rpl20-rps18*スペーサー領域は75.0%、*clpP*遺伝子では100%であった。DNA増幅の対象領域が短くなると成功率が高くなる結果となった。次に、南極雪試料から花粉7粒を抽出し、*rpl20-rps18*スペーサー領域のPCRをおこなったが成功には至らなかった。同様の実験をロシア・アルタイ山脈の氷河雪試料についても実施した。6粒は*rpl20-rps18*スペーサー領域を、27粒は*clpP*遺伝子を対象としたが、成功には至らなかった。氷河雪試料の花粉は、DNA染色液によりDNAの残存が確認された。従って、雪試料中の花粉でPCRが失敗した要因は、反応条件に問題があると考えられた。そこで、氷河雪試料をもちいて多重PCRによる遺伝子増幅を試みた。その結果、約20%の確率で塩基配列データの取得に成功した。本手法は改良の余地があり、今後成功率を高めていくことも可能であると考えられた。