

# 林木遺伝資源情報

第5号 - 4 2004.1  
独立行政法人 林木育種センター



## トピックス

### サクラバハノキの遺伝構造

### 伐採による影響の一例

林木育種センター 北海道育種場 宮 本 尚 子

#### 1 はじめに

サクラバハノキ (*Alnus trabeculosa* Hand.-Mazz.) はカバノキ科ハノキ属に属し、日当たりの良い湿地に特異的に生育します。日本では、小数の集団が、岩手県湯田町を北限とする本州の各地と九州の宮崎県に分布しています。もともと集団数が少ないことに加え、湿地の乾性化や埋め立てにより集団の数が減少してきていることから、環境省によって「準絶滅危惧」にランクされています。

本誌第2号 - 7では、サクラバハノキにおける天然分布域の北限から南限までの7つの集団について、種内及び集団間の遺伝変異の特徴を調査・解析した結果を紹介しました。本号では、集団内の遺伝変異に関する研究のうち、伐採が遺伝構造に与える影響について調査・解析した例を紹介します。

#### 2 材料および方法

調査したのは岩手県湯田町のサクラバハノキの北限集団です(図 - 1)。本集団は50mほど離れた二

つの局所集団AおよびBで構成されています(図 - 2)。Aにおいては、約30年前に大半が伐採されており、このため、樹体の小さい多くの個体と樹体の大きい少数の個体で構成されています。一方、Bは、伐採を受けていないため、ほぼ全てが樹体の大きな個体で構成されています。

図 - 1 調査林分の位置( )

サクラバハノキは、種子による有性繁殖の他に萌芽による無性繁殖を行うことが知られていますが、A、Bとも、萌芽によって株立ち状に生育しているものがいくつもみられました。ここでは、このような一つの個体に属し

萌芽に由来するそれぞれの幹を「ラメット」と呼ぶことにします。なお、「個体」とは、有性生殖に由来し遺伝的に同じ組織体のことを言い、株立ち状の場合も単木状の場合もあります。

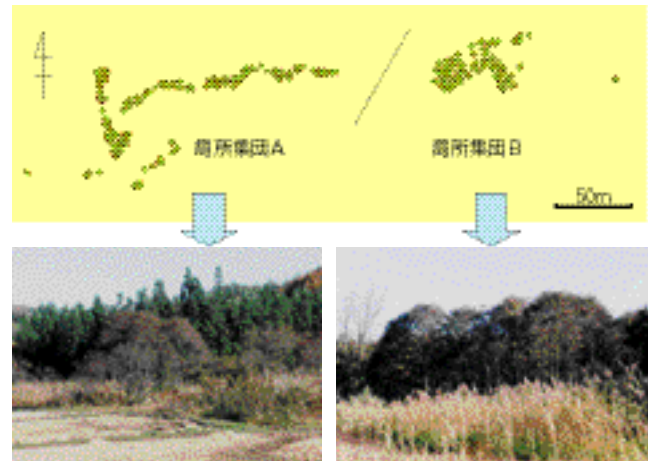


図 - 2 個体の配置(上段)と各局所集団の林相(下段)  
下段左：局所集団A(背景はスギ人工林)  
下段右：局所集団B

はじめに、高さが1m以上のラメットの位置を測定し、それぞれ樹高とともに胸高直径を測定しました。

次に8酵素種12遺伝子座を用いたアイソザイム分析を行い、この12座の遺伝子型の情報をもとに各ラメットを個体に整理しました。また、局所集団AおよびBについて遺伝的多様度を評価するため、多型的遺伝子座の割合( $P$ )等の遺伝パラメータを計算しました。

さらに、局所集団内の遺伝構造について、Cockerhamのコアンセストリー値を計算することにより分析しました。コアンセストリー値は、対象とする集団がハーディ・ワインベルグ平衡にあり、遺伝構造がない場合に期待値が0となる統計量です。計算は、個体間の距離(距離階級)ごとに各個体のアイソザイム遺伝子型データと位置データを使って行います。一方、各距離階級において、複数の対立遺伝子のデータを統合して、遺伝構造がないといえる信頼区間を計算します。そして、各コアンセストリー値がその信頼区間に入っているかどうかで遺伝構造の有無を判定します。

### 3 結果

調査の結果、湯田町の集団には532のラメットがあり、全ラメットの樹高および胸高直径の平均値は5.7 mおよび8.1cmでした。局所集団Aでのそれぞれの値は4.3mおよび6.2cm、局所集団Bでは8.1mおよび11.6cmとなり、Bの値はAのほぼ二倍の大きさでした。また、これらの値の違いはA、Bの2局所集団間で統計的に有意でした（図 - 3）。

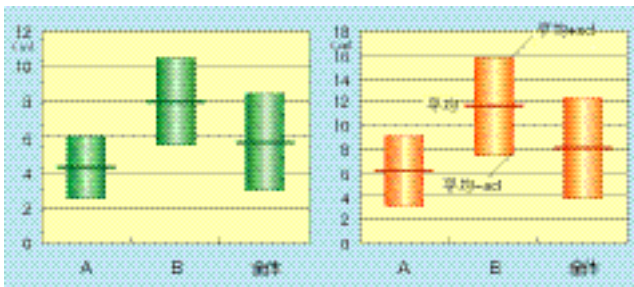


図 - 3 局所集団AおよびBにおける樹高(左)と胸高直径(右) sdは標準偏差

また、複数座のアイソザイム遺伝子型の情報（MLG：Multi Locus Genotypes）に基づき、532のラメットは57のMLG、225個体に識別できました。AおよびBではそれぞれ134および91の個体が検出できました。遺伝変異量には局所集団間で違いが見られませんでした（表 - 1）。

表 - 1 局所集団AおよびBにおける遺伝的多様度を示す統計量（ $PI$ ,  $Na$ ,  $Ne$ ,  $H_o$ および $H_e$ ）の値

集団	$PI$	$Na$	$Ne$	$H_o$	$H_e$
A	41.7	1.6 (0.229)	1.22 (0.120)	0.127 (0.059)	0.125 (0.056)
B	41.7	1.6 (0.193)	1.24 (0.119)	0.144 (0.067)	0.133 (0.060)
全体	41.7	1.7 (0.225)	1.23 (0.118)	0.134 (0.060)	0.129 (0.056)

( )の中は標準誤差、 $PI$ : 99%水準における多型遺伝子座の割合  
 $Na$ : 遺伝子座あたりの平均対立遺伝子数、 $Ne$ : 対立遺伝子の有効数  
 $H_o$ : ヘテロ接合度の観察値、 $H_e$ : ヘテロ接合度の期待値

一方、遺伝子の分布には大きな違いが見られました（図 - 4）。Bにおいては、コアンセストリーは全ての距離階級において99%の信頼区間内に収まりましたが、Aでは、5 mと10mの距離階級で期待されるよりも高い値をとり、15mより大きい距離階級では期待される範囲内の値をとりました。これは、Aにおける10m以内の個体は互いに遺伝的に似通っているが、Bにおいてはそのようなことは見られないということを示しています。

Aで現在みられる樹体の大きい個体は、伐採を免れた個体であると想像でき、樹体の小さい個体は、

伐採された個体または現在残っている個体からの実生由来個体、もしくは伐採された個体が萌芽したものである可能性が高いと思われます。

一方、Bの母樹については、現在残っている個体の場合もあると考えられますが、多くの場合は、母樹はBとは別の場所に生育しており、これらの母樹から水流や風によって散布された種子がBの場所に定着し、現在の集団を形作っていると考えられます。

Aで検出された遺伝子の集中は、伐採前および伐採後の限られた母樹集団の位置やその組成を反映したものであり、一方、局所集団Bで遺伝子の集中がみられなかったのは、母樹集団がより広い範囲に存在し、その組成も多様であったためと推察できます。

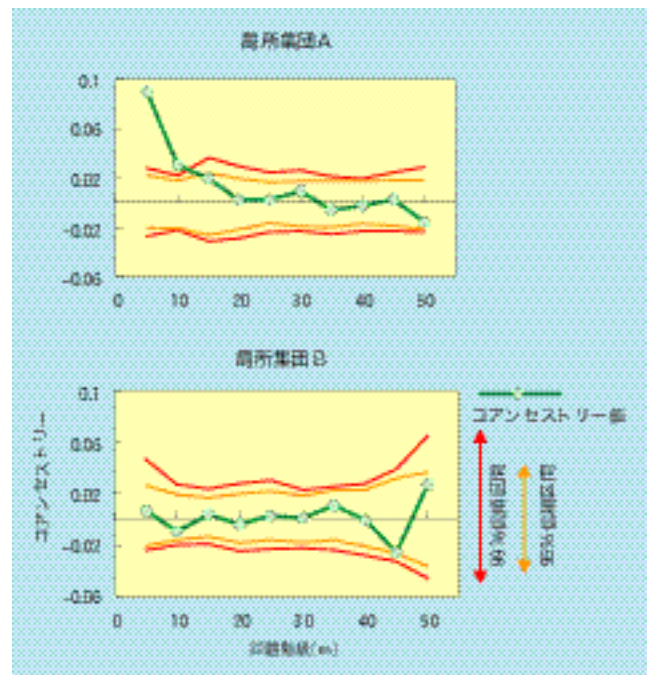


図 - 4 局所集団AおよびBにおけるコアンセストリーの値

サクラバハノキにおいては、種子散布の仕方や無性繁殖などが原因で、伐採歴のない天然林でも遺伝子の集中が認められることがあります。今回の調査からは、これまで知られていた原因に加え伐採も遺伝構造の形成に影響を与えることが示唆されました。

一般に、遺伝子の集中の程度が高い集団では、生息域内保存の際には、そうでない集団よりも広い面積が必要となり、生息域外保存の際には、より広い範囲からの採穂等が必要となります。伐採歴のある集団では遺伝子がより集中する可能性が高いため、伐採歴をもたない集団の方が生息域内保存の候補地としてより適しており、また、生息域外保存の際にも効率的な収集ができるものと考えられます。