



トピックス

ケヤキ *Zelkova serrata* Makino 天然林の遺伝構造

林木育種センター 遺伝資源部 生 方 正 俊

1 森の中の血縁関係を探る

天然林の中のそれぞれの木は、どのような血縁関係にあるのだろうか？ 昔の日本のように親戚縁者がかたまって暮らしているのか？ それとも現在の都会のように、他人同士が混じり合っているのだろうか？これがわかれば、遺伝資源の保全や天然林施業に役立つに違いない....。

このような観点から、林木育種センターではブナ、ミズナラ、サクラバハノキといった様々な樹種を対象にして、天然林内の遺伝構造の解析を行ってきました。本稿では、ケヤキ天然林の遺伝構造について紹介しますが、まず初めに、調査区設定から解析までの流れを簡単に記します。

天然林に調査区を設定し、区内の全個体の位置をコンパス等で測量する。

各個体から実験用サンプルを採取する。

アイソザイム実験を行い、各個体の遺伝子型を決定する。

位置情報と遺伝子型情報から、遺伝構造を表す統計量 (Moran's *I* など) を計算する。

統計量をグラフ化し、遺伝構造の解釈を行う。

の計算は、エクセルなどの表計算ソフトを使うととても煩雑で時間がかかりますが、林木育種センター育種部の高橋誠博士が開発したソフトウェア PSAwinD ver. 1.1.1³⁾ を使うと簡単に実行することができます。このソフトは、フリーウェアで次の URL, http://homepage3.nifty.com/makotot_ftbc/index.htm から直接ダウンロードできます。

2 ケヤキについて

ケヤキは、日本人にもっともなじみの深い広葉樹の一つで、日本では青森県の下北半島から、九州の鹿児島県北部まで天然分布しています(図 - 1)。図鑑等には温暖な肥沃地や溪畔に生育するとありますが、天然林は、主に溪畔に面した急峻な岩れき地で



図 - 1 ケヤキの天然分布 (倉田²⁾ から転載)

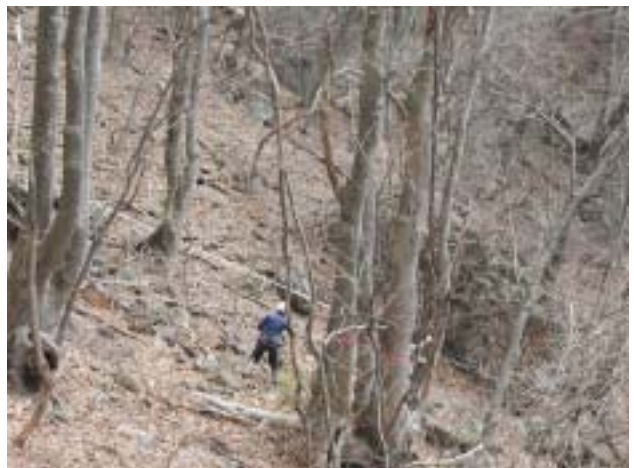


写真 - 1 調査したケヤキ天然林

みることができます。

林木育種センターでは、平成13年度からアイソザイム分析と主要な外部形態をもとに東日本に分布するケヤキの遺伝的変異を明らかにする研究を行っています。今回は、長野県白田町のケヤキ天然林(写真 - 1)を対象に行った天然林内の遺伝構造の解析結果を紹介します。

林木遺伝資源保存林 (長野クリ・コナラ・ケヤキ

【お知らせ】 林木育種センターでは、林木遺伝資源を試験研究用に種子、花粉、穂木、苗木などで配布しています。厳密に品種・系統が管理されており、皆様の研究材料として最適です。価格は1点あたり消費税込で3,349円です。詳しい内容や入手方法につきましては、本誌裏面に記載のホームページをご覧ください。メールまたは電話でお問い合わせください。

12) に指定されている、中部森林管理局東信森林管理署151林小班に50m×100mの調査区を設定しました。区内のすべてのケヤキの位置を測量し、アイソザイム実験用のサンプル(冬芽)を採取しました。実験室に帰り、アイソザイム実験、遺伝子型の決定を行い、遺伝構造を表す統計量(Moran's *I*)を算出しました。

3 解析結果

調査区は落葉広葉樹を主体とした林で胸高断面積のおよそ半分をケヤキが占め、コナラ、クリ、ミズナラの順となっています。ケヤキの優占する天然林といえます。ケヤキを対象としたアイソザイム分析により、12遺伝子座の合計38対立遺伝子を推定し、それぞれについてMoran's *I*値を算出しました。Moran's *I*は、前述のとおり、PSAwinD ver.1.1.1を用いて計算しました。

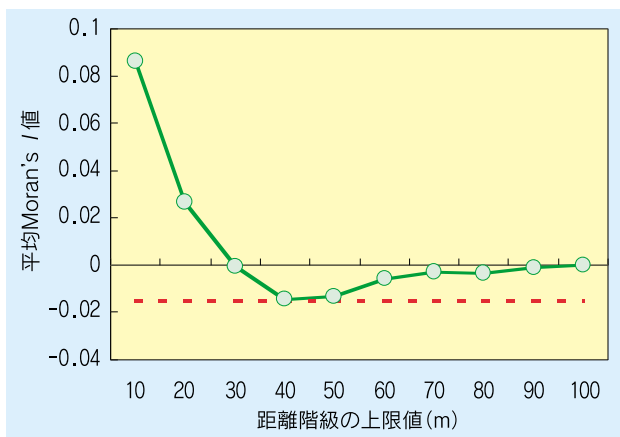


図 - 2 ケヤキの平均Moran's *I* の推移

Moran's *I*は、1 ~ -1の範囲をとり、期待値より有意に大きい場合、その距離階級で個体の持つ遺伝子の類似性が高いことを示し、有意に小さい場合、非類似性が高いことを意味しています。すべての値を距離階級ごとに単純平均したコアレログラムを図 - 2 に示します。近い距離階級で大きな値を示し、遠くなるにつれ徐々に減少していくという結果が得られました。これは、遺伝子が集中的に分布していると解釈できます。この平均Moran's *I*値が遺伝子がランダムに分布するとき期待される値を示す直線(図中の破線)と初めて交差する地点の距離が遺伝子の集中斑の直径であるとされています¹⁾。そうすると、今回の結果では、40m程度の大きさの集中斑が存在することになります。

4 まとめ

今回の結果では、このケヤキの天然林に遺伝子の集中斑が存在することがわかりました。遺伝的に近縁な個体同士は、多くの遺伝子を共有しています。遺伝子が集中的に分布することは、近縁な個体がまとまって生育していることを示唆しています。なぜ、このような構造を持つにいたったのでしょうか? 遺伝子が集中している原因には、何らかの理由で、遺伝子の移動が制限されていることが考えられます。樹木は、一度定着するとよほどのことがない限り移動することができません。遺伝子の移動は、花粉と種子の段階にほぼ限られます。近年のDNAマイクロサテライト分析を用いた報告によると、花粉の有効な飛散範囲は、我々が思っているよりずっと広いことが明らかにされつつあります。するとやはり種子の散布範囲の制限がこのような遺伝構造の原因と考えるのが妥当のようです。

我が国の主要な樹種には、天然林内には成木のみで稚樹や幼樹といった後継樹の欠落したものも少なくありません。このような樹種の遺伝資源の永続的な保存を図る場合、どのような更新補助作業が遺伝的に多様な次世代を更新させるために有効なのかを明らかにしていく必要があります。このためには、遺伝構造の解明は欠くことのできない情報です。また、遺伝資源の生息域外保存を行う場合の選木の仕方や、天然林施業を行う上での保残木の選定などにも効力を発揮することでしょう。

ケヤキ天然林の遺伝構造の解析は、まだ始まったばかりです。より多くの天然林を調査・解析することで、ケヤキの遺伝構造をより詳しく解明していく必要があります。

引用文献

- 1) Geburek, T. and Tripp-Knowles, P. (1994) Pl. Syst. Evol. 189: 63-74.
- 2) 倉田 悟 (1964) 原色林業樹木図鑑, 第一巻, 331pp
- 3) Takahashi, M. (2003) Journal of Heredity 94: 268-270