



研究トピックス

ケヤキの地理的変異

森林総合研究所林木育種センター 遺伝資源部 矢野 慶介

1 はじめに

ケヤキは、日本では青森県の下北半島から鹿児島県北部までの広い地域に天然分布し、沢沿いといった斜面下部などにしばしば小集団がみられます。材は環孔材で、木目がはっきりして美しく、建築材や家具材、器具材などとして利用され、高値で取引されています。近年、広葉樹造林に対する関心が高まっていますが、ケヤキも有用広葉樹の一つとして関心を集めています。現在、林木育種センターでは、主に育種素材の確保を目的として、ケヤキ遺伝資源の収集・保存や林木遺伝資源保存林のモニタリング調査などを通じて、ケヤキの遺伝資源の保全に取り組んでいます。

遺伝資源を効果的に保全・管理していくためには、その種の持つ遺伝変異を明らかにすることが重要です。現在、林木育種センターでは、林木遺伝資源保存林等を対象に、ケヤキの地理的変異の解明を進めています。平成18年度までに東日本の10集団と九州地方の2集団で調査を行いました。今回はこれまでに得られた結果について報告します。

2 材料と方法

調査したケヤキ天然林12集団の位置を図-1に示します。各集団において39~93個体のケヤキから冬芽を採取し、アイソザイム分析に供試しました。分

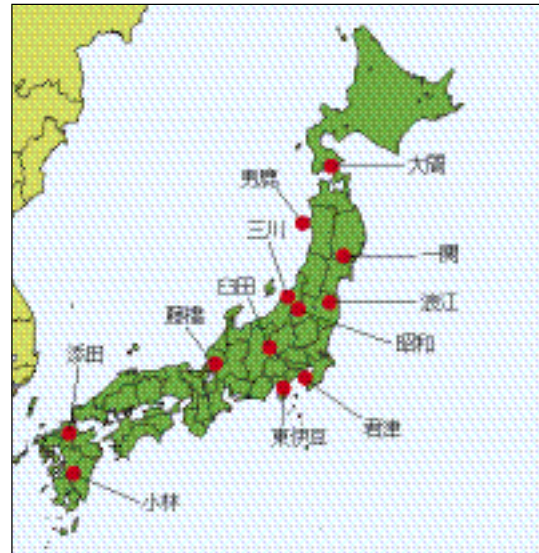


図-1 調査をした12集団の位置図

析には6酵素種8遺伝子座を用いました。これらの酵素種の電気泳動像から遺伝子座を推定し、遺伝子型を決定しました。決定された各個体の遺伝子型データから集団ごとの遺伝子型頻度および遺伝子頻度を算出し、ヘテロ接合体率の期待値(H_e)や遺伝分化係数(G_{ST})など、遺伝的多様性の指標となる指数の算出を行いました。

3 結果と考察

遺伝的多様性の指標の一つである H_e は12集団の平均で0.367となり、木本植物の中ではかなり高い傾



写真-1 天然林のケヤキ集団(福島県昭和村)

表-1 樹種別 ヘテロ接合体率の期待値と G_{ST}

樹種	分析集団数	分析遺伝子座数	H_e	G_{ST}
ケヤキ(本研究)	12	8	0.367	0.060
ハイマツ	18	19	0.271	0.170
ゴヨウマツ	16	11	0.272	0.044
クロマツ	22	14	0.259	0.073
エゾマツ	10	12	0.088	0.022
オオシラビソ	11	22	0.054	0.144
トドマツ	18	4	0.157	0.015
カラマツ	8	7	0.169	0.042
スギ	17	12	0.196	0.040
ヒノキ	11	12	0.202	0.045
ブナ	23	11	0.187	0.038
ヤブツバキ	60	20	0.265	0.144
木本植物平均	9.2	18.1	0.148	0.084

ケヤキ以外の樹種は津村(2006)より引用

【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。

向を示しました(表 - 1)。一方、集団間の分化の程度を示す G_{ST} は0.060となり(表 - 1)、木本植物の平均0.084よりも若干低い値でした。以上のことから、ケヤキの遺伝的多様性は比較的高い値を示すが、地域間での遺伝的な違いは木本植物の中ではやや小さい傾向であることが分かりました。

各集団における遺伝的多様性を表す指標を表 - 2 に示します。 N_a 、 N_e 、 H_o 、 H_e (表 - 2の下部参照)では、産地の緯度とこれらの指標の間で一定の関係は見られませんでした。AR(表 - 2の下部参照)は南方の集団で高い傾向が見られました(図 - 2)。RAR(表 - 2の下部参照)も同様の傾向を示しており、南方の集団の方が出現頻度の低い遺伝子を多く保持していることが分かりました(図 - 2)。

遺伝的多様性は過去の分布変遷の影響を受けることが知られています。氷期、間氷期といった気候の変動に伴って植物は分布変遷をしてきましたが、氷期に分布していた地域をレフュージア(逃避地の意)といいます。ブナの場合、およそ1万年前まで続いたとされる最終氷期には伊豆や西日本などにレフュージアがあったと推定されており、最終氷期以降に東日本に分布を広げたとされています。ブナは東日本の集団で H_e が低い傾向であることが報告されていますが、ブナの遺伝的多様性が東日本の集団の方が低いのは、東日本の集団が最終氷期後に比較的少数の祖先から形成されたからと考えられています(戸丸2001)。ケヤキは東日本の集団でARが低い

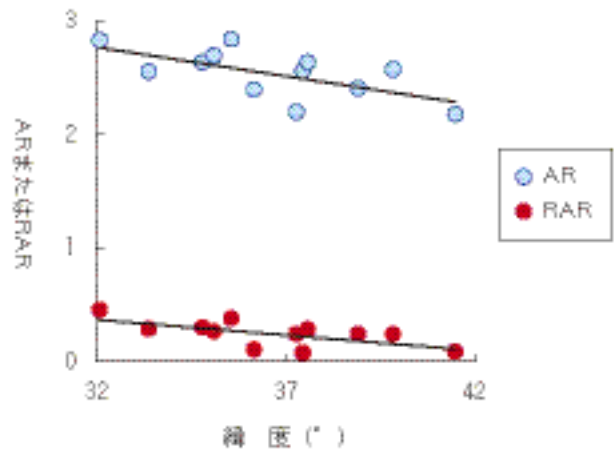


図 - 2 12集団における経緯とARおよびRARとの関係

傾向を示しました。過去に集団のサイズが小さくなるようなイベントがあるとレアアレルが失われてARは小さくなると考えられています。ケヤキも東日本の集団は、最終氷期以降に比較的少数の祖先から形成されたことを反映しているのかもしれませんが。

今後は、まだ調査を行っていない中国・四国地方を中心として各地のケヤキの遺伝的多様性の調査を進め、ケヤキの地理的変異の全体像を解明する予定です。

引用文献

- 戸丸信弘(2001) 種生物学会編、森の分子生態学、文一総合出版、85-109。
津村義彦(2006) 亀山章監修、生物多様性緑化ハンドブック、地人書館、59-73。

表 - 2 12集団における遺伝的多様性を示す指標

集団名	N_a	N_e	H_o	H_e	AR	RAR
大間	2.3	1.7	0.342	0.376	2.19	0.10
男鹿	2.6	1.7	0.417	0.385	2.59	0.25
一関	2.6	1.6	0.309	0.304	2.41	0.24
三川	2.8	1.8	0.434	0.389	2.64	0.29
昭和	2.3	1.5	0.281	0.270	2.20	0.25
浪江	2.6	1.9	0.419	0.419	2.57	0.08
臼田	2.6	1.6	0.348	0.346	2.40	0.10
君津	2.9	1.9	0.427	0.418	2.72	0.27
東伊豆	2.8	1.7	0.328	0.351	2.65	0.31
藤橋	3.0	1.7	0.358	0.366	2.86	0.38
添田	2.8	1.7	0.379	0.358	2.58	0.29
小林	2.9	1.7	0.362	0.350	2.83	0.47
平均	2.7	1.7	0.367	0.361	2.55	0.25

N_a ... 1 遺伝子座あたりの平均対立遺伝子数

N_e ... 1 遺伝子座あたりの有効対立遺伝子数

H_o ... ヘテロ接合体率の観察値

H_e ... ヘテロ接合体率の期待値

AR ... アレリックリッチネス(各集団から30個体抽出したときに含まれる対立遺伝子数の期待値)

RAR ... 出現頻度0.05以下のレアアレルのアレリックリッチネス