

氏 名	みやもと なおこ 宮 本 尚 子
学位(専攻分野)	博 士 (農 学)
学位記番号	論農博第2471号
学位授与の日付	平成15年3月24日
学位授与の要件	学位規則第4条第2項該当
学位論文題目	サクラバハンノキ (<i>Alnus trabeculosa</i> Hand.-Mazz) の保全に関する遺 伝・生態学的研究

論文調査委員 (主査) 教授 谷坂隆俊 教授 武田博清 教授 大西近江

論 文 内 容 の 要 旨

サクラバハンノキは、日当たりの良い湧水湿地に特異的に生育するカバノキ科ハンノキ属に属する落葉性小高木である。その分布域は中国大陸東南部と日本に限定されており、日本においては各地に隔離された小集団を形成している。元来、集団の数が少ないうえに、湿地の乾性化あるいは埋め立てによって集団の数が減少してきており、環境省によって「準絶滅危惧種」にランクされている樹種である。一般にハンノキ属樹種は、地力の乏しい場所においても生息できることから、その多くが緑化や地力回復に利用されており、したがって、それらの遺伝資源の収集と保存および育種が試みられている。サクラバハンノキは、他のハンノキ属樹種との間に種間雑種を作出することから、ハンノキ属樹種の貴重な育種素材になると考えられる。したがって、本種を保全することは、本種の絶滅を救うのみならず、ハンノキ属樹種の育種を実践する上できわめて重要である。本論文は、サクラバハンノキの遺伝および生態的特徴を解析してその保全に関する基礎的知見を得ようとしたものであり、その内容は以下のように要約できる。

1. サクラバハンノキの繁殖・個体維持の機構を推定するため萌芽特性を調査したところ、サクラバハンノキは同属で同様のニッチをもつハンノキに比べて、複幹個体率および1複幹個体当たりの幹数とも有意に大きかった。さらに、萌芽シュートを保有している個体の比率、および個体当たりの萌芽シュート数に関しても、サクラバハンノキはハンノキより大きな値を示し、高い萌芽能力をもつことが明らかになった。また調査した局所集団では、5成長期間を通して実生および萌芽による新規加入個体は観察されず、個体数が減少していることが認められた。しかし、幹が枯損していたにも関わらず、萌芽シュートが発生して生存を維持する個体も観察された。また、サクラバハンノキは、湿地を生育環境として選ぶことによって、他種との競争を避け、さらに生育場所に大きな攪乱がなければ、萌芽更新によるメリットをいかして生息場所の確保および個体の長寿命化を図っていることが明らかになった。また、攪乱が起こった場合にも、それが大きくなければ、これを実生による更新や萌芽による栄養繁殖の機会としていと考えられ、湿地の保全がサクラバハンノキの保全にきわめて重要であることが明らかになった。

2. サクラバハンノキがもつ遺伝的多様性を、日本の北限および南限集団を含む7集団を用いて、遺伝的多様度を示す4つの統計量、多型的遺伝子座の割合 (P)、1遺伝子座当たりの対立遺伝子数 (A)、1遺伝子座当たりの有効な対立遺伝子数 (A_e) およびヘテロ接合度の期待値 (H_e)、を集団および種レベルについて算出したところ、集団レベルでは $P_p=58.3\%$ 、 $A_p=2.14$ 、 $A_{ep}=1.35$ 、 $H_{ep}=0.199$ 、種レベルでは $P_s=75.0\%$ 、 $A_s=3.42$ 、 $A_{es}=1.35$ 、 $H_{es}=0.222$ となった。これらの値はいずれも本本植物の平均値より高かった。また、 F_{IS} を算出した結果、大半のサクラバハンノキ集団においてほとんどすべてのアロザイム遺伝子座の遺伝子頻度がハーディ・ワインベルグ平衡にあることが認められた。各集団の遺伝変異を表す統計量と緯度との関係を回帰分析したところ、日本の南部の集団は北の集団に比べて集団内の遺伝変異が高いことが明らかになった。また、遺伝的分化の程度を示す G_{ST} 値が高かった (0.146) ことから、サクラバハンノキの遺伝変異のかなりの部分は集団間の差に起因することが明らかになり、サクラバハンノキにおいては集団の分化が進んでいることが示唆された。したがって、サクラバハンノキの保全の際には、個体数が大きい集団を選ぶのはもちろんのこと、保全の対象とす

べき集団数を多くすることが望ましいことが明らかになった。

3. アイソザイムマーカーに基づく遺伝変異の分析情報と測量による集団内の個体の位置情報から、それぞれ対立遺伝子レベル、遺伝子型レベルおよび multilocus レベルでの遺伝構造を示す統計量、Moran's *I*, SND および NAC を算出して、樹齢や伐採歴の異なる集団間で集団内遺伝構造を比較したところ、いずれの統計量も同様の傾向を示し、若齢の集団あるいは過去に伐採歴のある集団でより強い集団内遺伝構造があることが明らかになった。集団内遺伝構造が強い集団は、遺伝的組成が酷似した個体が偏在して集中分布していることになるため、集団内遺伝構造の弱い集団を生息域内保全の対象として優先的に選抜することにより、効率的に遺伝的多様性が保全できると考えられた。また、集団内遺伝構造が強い集団では保全やサンプリングの際にその存在に留意する必要があることが示された。

論文審査の結果の要旨

サクラバハンノキは、カバノキ科ハンノキ属に属する落葉性小高木で、日当たりの良い湧水湿地に特異的に生育することが知られている。日本においては各地に隔離された小集団を形成しているが、もともと集団の数が少ないうえに、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「準絶滅危惧種」として認定されている。また、サクラバハンノキは他のハンノキ属樹種との間に種間雑種を作出することが知られており、緑化や地力回復に利用されている他のハンノキ属樹種の有用な育種素材となる可能性がある。本研究は、サクラバハンノキの保全に関する知見を得るために、その遺伝・生態学的特徴を明らかにしようとしたものであり、評価すべき点は、以下のとおりである。

1. サクラバハンノキが、実生更新の他に、根頸部からの萌芽によって個体を維持していることを確認した。サクラバハンノキは、同属で同様のニッチをもつハンノキと比べて大きな萌芽能力をもち、さらに萌芽シュートを備えることによって個体を長寿命化していること、また、偶発的な攪乱が発生した際に新個体から複数のクローンを分離、分散させることによって集団の維持を図っていることを明らかにした。従来、ほとんど研究がなされていなかったサクラバハンノキ集団の動態に関する情報を集積し、湿地の保全が集団の維持にとって重要な要因であることを示した。

2. サクラバハンノキの日本における北限および南限集団を含む7集団を用いて、遺伝的多様性に関する集団遺伝学的解析を行い、本種が種および集団レベルの両方において木本植物の平均より高い遺伝的多様性を有していること、また、大半の集団においてほとんどすべてのアロザイム遺伝子座に関して、遺伝子頻度がハーディ・ワインベルグ平衡にあることを明らかにした。さらに、各集団がもつ遺伝変異を表す統計量と緯度との関係について回帰分析を行い、日本の南部の集団は北の集団に比べて集団内遺伝変異が大きいことを明らかにした。また、サクラバハンノキでは集団の分化が進んでいることを認め、保全の際には個体数の大きい集団を選ぶことはもちろんのこと、保全の対象とすべき集団数を多くすることが望ましいことを示した。

3. アイソザイムマーカーに基づく遺伝変異の分析情報と測量による集団内の個体の位置情報から、Moran's *I*, SND および NAC の3つの統計量を用いて、樹齢や伐採歴の異なる集団の集団内遺伝構造を比較し、若齢の集団あるいは過去に伐採歴のある集団でより強い集団内遺伝構造があることを明らかにした。また、集団内遺伝構造が強い集団では、遺伝的組成がよく似た個体どうしが集中分布しているため、集団内遺伝構造が発達していない集団を生息域内保全の対象として優先的に選抜することにより、効率的に遺伝的多様性が保全できること、さらに、集団内遺伝構造が強い集団では保全やサンプリングの際にその存在に留意する必要があることを示した。

以上のように、本論文は、サクラバハンノキの遺伝、生態学的特性を明らかにし、同種の保全に関する多くの知見を提供したものであり、林木育種学、森林生態学、集団遺伝学等の発展に寄与するところが多い。

よって、本論文は博士（農学）の学位論文として価値のあるものと認める。

なお、平成15年1月16日、論文並びにそれに関連した分野にわたり試問した結果、博士（農学）の学位を授与される学力が十分あるものと認めた。