

氏 名 きた むら けい こ
北 村 系 子

学位(専攻分野) 博 士 (理 学)

学 位 記 番 号 論 理 博 第 1359 号

学位授与の日付 平成 11 年 3 月 23 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 Demographic Genetics of North American and Japanese Beech
Populations

(主査)

論文調査委員 教 授 河 野 昭 一 教 授 岡 田 清 孝 助教授 村 上 哲 明

論 文 内 容 の 要 旨

本論文は、冷温帯落葉広葉樹林の極相を構成する代表的高木生樹木であるブナ属集団の個体群統計遺伝学的解析に関する研究である。第一論文では、北茨城市小川学術参考林のブナ集団の個体群統計遺伝学的解析を行い、1543個体について、8酵素種11遺伝子座の同位酵素多型を用い、集団の遺伝的内部構造解析をととして集団の局所分化を引き起こす内的構造の分化と環境要因の相互作用を明らかにした。2つの局所集団について空間的な遺伝構造と定着サイトの環境条件の関係を主成分分析による多次元空間に展開することにより実態解明を試みた。空間的な遺伝変異の局所分布は顕著であり、遺伝的な不均質性がかなり小さなスケールで存在していることを見いだした。次に、樹齢が長い樹木集団の特徴である地域集団内の世代の重層構造に着目し、サイズ構造の上から長年月の出来事を現存する集団の世代・個体サイズの違いによる階層構造の中に遺伝変異の局在することから考察した。さらに広範囲の地域集団において繁殖個体の遺伝変異を分析することによって、遺伝子流動距離 (gene flow distance)、遺伝的近縁範囲 (genetic neighborhood area)、有効な集団サイズを推定した。

第二論文では、アメリカブナの地域集団における個体群統計遺伝学的解析の結果を報告した。北アメリカ東海岸の分布地域から21集団、5748個体について、その遺伝構造を解析した。アメリカブナの北限帯に分布する集団で特徴的なルートサッカーによる生育形態が地域集団の時間的空間的遺伝構造と集団の遺伝的内部構造の分化に及ぼす影響を評価した。ルートサッカー集団では、中間サイズに高い遺伝変異が蓄積されており、集団全体としての遺伝変異の維持に貢献している。また、ルートサッカーによって特定の個体がある範囲を占有しているために、遺伝的な集中分布の程度が高いことが明らかになった。バージニア州では、近接する山地尾根部と低地の集団で対照的な集団構造を示すアメリカブナ林について比較研究し、ルートサッカー形成の有無と集団の空間構造に顕著な違いを見いだした。第三論文では、典型的な海岸平野の集団について解析を行い、種子の散布範囲に関して有益な推定値を得た。ここでは、ルートサッカーはほとんど観察されず、有性生殖による実生繁殖によって集団が維持されている。比較的母樹の密度が高く、母樹の周辺に顕著な空間的な遺伝的局在分布が認められ、母樹からの距離と対立遺伝子の共相関によって母樹からの有効な遺伝的寄与の範囲は35-40mであった。母樹別の種子集団が保有する遺伝変異を解析することによって、アメリカブナの他殖率を推定した。他殖率が1.0であることから、完全他殖であることが明らかになった。アメリカブナの生態分布全体の地理的変異と古生態学および地理的分布の変遷と地域集団の遺伝的分化機構に関しては、アメリカブナの分布域から21集団を選び、地理的分布域における遺伝変異を解析した。これらの集団に関して、対立遺伝子頻度を比較した結果、地域的に顕著な遺伝的分化が観察された。主成分分析およびクラスター分析の結果、アメリカブナは遺伝的に異なる2つのグループ(海岸平野および内陸の低地集団と、北限帯および山地尾根部の集団)に分類され、このような遺伝的な分化は、氷河期以降の分布の変遷と、生育形態の違いに深く関連していることを考察した。

論文審査の結果の要旨

本論文は、ブナならびにアメリカブナという北半球冷温帯林極相構成種の代表的樹木種を研究対象に選び、その地域集団における空間分布の最小単位であるパッチ集団を対象に、空間および世代の違いによる遺伝的変異性を解析し、その動態と集団分化に関する注目すべき事実を提示している。

ブナおよびアメリカブナのすべての地域集団に共通して、まず時間的・空間的な遺伝変異の局在が顕著であることを明らかにしている。このような遺伝的構造は、時間的にも空間的にも相互に影響を及ぼし合い、地域集団中にさまざまな遺伝的な局所分布をもたらしている。特に、潜在的に時間的・空間的階層構造を持つ樹木の地域集団では、階層構造に内包された形で遺伝変異を保有・維持していることが、各地域集団を細かいスケールで解析することによってはじめて明らかになった。

また、植物集団の個体群統計遺伝的解析にあたっては、サンプリング方法が重要な決め手となる。本研究では地域集団の時空的遺伝構造を明らかにするために、従来の任意抽出法に加え、系統的サンプリング法、つまり、設定した試験地内に生育するあらゆる生育段階（実生、幼植物、成熟個体）を含むすべての個体、および試験地周辺の繁殖可能な個体について、位置図を作成し、生長・発育段階の指標となる直径サイズを測定した上で、遺伝構造の解析を行う方法を取り、詳細な解析結果を得ることに成功している。遺伝構造の解析に当たっては、集団遺伝学的パラメーターであるライトのF統計量を用い、また親植物よりの遺伝子の拡散範囲に関してMoran's I 指数、集団の空間構造の解析には、シャノン・ウィーバーの多様性指数、ファーガーの均等性指数などを駆使して、空間的・時間的にみた集団構造の分化を詳細に解析している。このように、樹木の局所集団を、時間軸と空間軸の両面から解析し、さらにメタ集団概念を適用して解析を行った例は過去にない、新しい視点より展開した集団生物学的研究であるとともに、個体群統計遺伝学Demographic Geneticsの有効性を遺憾なく示したオリジナリティーに富んだ研究であるといえる。

以上、平成11年1月20日論文内容とそれに関連した口頭試問を行った結果合格と認めた。