

氏名(本籍)	うちだこうじ 内田煌二(茨城県)
学位の種類	博士(農学)
学位記番号	博乙第973号
学位授与年月日	平成6年3月25日
学位授与の要件	学位規則第5条第2項該当
審査研究科	農学研究科
学位論文題目	アイソザイムによるヒノキの遺伝育種に関する研究
主査	筑波大学教授 農学博士 大庭喜八郎
副査	筑波大学教授 理学博士 猪川倫好
副査	筑波大学教授 農学博士 高柳謙治
副査	筑波大学教授 農学博士 生井兵治
副査	筑波大学助教授 農学博士 荒木眞之

論文の要旨

ヒノキはスギと共に古くからわが国の重要な利用樹種であり、その人工造林の歴史も長い。昭和32年(1957)から全国規模で開始された精英樹選抜育種事業において、スギ・ヒノキなどで精英樹が選抜され、育種種苗が生産・利用されている。スギと比べヒノキでは遺伝育種に関する研究成果の蓄積が少ない現状にあった。

本論文はヒノキの遺伝研究・育種事業の推進のため、次の4項目などの諸研究結果をまとめたものである。

- 1) ヒノキのアイソザイム標識遺伝子の検出。
- 2) アイソザイム標識遺伝子によるヒノキのさし木在来品種(南郷檜)のクローン分析。
- 3) ヒノキ精英樹のアイソザイム遺伝変異の調査。
- 4) ヒノキ天然林のアイソザイム遺伝変異の調査。

まず、標識遺伝子座の探索のため精英樹間の交雑家系について針葉試料を用いポリアクリルアミド垂直平板電気泳動法によって12酵素種のアイソザイムの遺伝解析をした。その結果、10酵素種、すなわち①シキミ酸脱水素酵素・②6-ホスホグルコン酸脱水素酵素・③グルコース-6-リン酸脱水素酵素・④ジアホラーゼ・⑤パーオキシダーゼ・⑥アスパラギン酸アミノ転移酵素・⑦グルコキナーゼ・⑧ホスホグルコムターゼ・⑨エステラーゼおよび⑩ロイシニアミノペプチダーゼについて、計14遺伝子座(うち12遺伝子座は新知見)を検出した。

南郷檜は熊本県の阿蘇山周辺地域において200~300年前から、直ざしあるいはさし木苗で造林され

てきたヒノキでは唯一のさし木在来品種で、クローンの混合集団である。10箇所の社寺境内林で採穂母樹との言伝えがある樹齢100年以上の老齢樹43個体、樹齢50～100年の成熟5林分の331個体および3人の苗木生産者から購入したさし木苗216本からなる3樹齢群について、アイソザイム遺伝子型を判定し、総計32種類に区分した。そして同一遺伝子型をもった個体は同一クローンに属するとした。その結果、老齢樹群は10クローンに分別でき、そのうちの1クローン(No.14)が43個体の72.1%を占めていた。成熟林分では22クローンに分別でき、2つのクローン(No.14, 18)が331個体の67.9%と11.9%を占めていた。さし木苗は14クローンに分別でき、3クローン(No.14, 18, 8)が216本の47.7%・18.1%・16.3%を占めていた。したがって、各樹齢群とも特定のクローンが高い頻度を示した。

精英樹選抜育種事業では、育種種苗の環境適応性を確保するため、わが国を5つの育種基本区に、さらに育種基本区を立地条件などにより計19の育種区に細区分している。ヒノキ精英樹は13育種区で選抜され、1034個体のうち995個体が人工林から選抜されている。本研究では、12育種区で選抜された精英樹、878個体について針葉試料のアイソザイム分析を行い、育種区間の遺伝変異を集団遺伝学的手法で解析した。育種区ごとの遺伝的同一度は0.988以上であり、精英樹群間の遺伝的差異が少ないことが判明した。対立遺伝子頻度を用いた主成分分析の結果、北四国(育種区:以下省略)・南四国・瀬戸内海の3精英樹群が九州(北・中・南)・近畿・東海・関東・中部山岳・西日本海および北関東の9精英樹と第1主成分で、さらに西日本海と北関東の2群が第2主成分で分別された。これは主として6Pg-2・G6p・Podの対立遺伝子頻度によることが判明した。

ヒノキ天然林の8集団、すなわち、いわき(福島県、赤井岳)・今市(栃木県)・秩父(埼玉県、東京大学秩父演習林)・聖(静岡県、聖岳)・井川(静岡県、筑波大学井川演習林、2林分)・木曾(長野県、9林分)・魚梁瀬(高知県)・白髪山(高知県)において針葉試料を採取し、アイソザイム分析をした。集団遺伝学的手法による解析結果、井川および木曾の集団内の遺伝変異は少なく、均一な集団であることが判明した。8集団の解析結果、 H_T ・ H_S ・ G_{ST} はそれぞれ0.2008・0.1920・0.0299であり、オオシラビソ・ブナ・スギなどに比べ、ヒノキは全変異量、集団内と集団間の変異が共に大きかった。ヘテロ接合体率は四国から東日本へ行くにともない減少する傾向があった。さらにGot-1・Pod・Pgmの3遺伝子座で対立遺伝子頻度が南から北へ低下する遺伝的勾配が認められ、これはヒノキの過去の繁殖中心が日本の西南部にあったことと一致した。精英樹群と天然林集団のアイソザイム遺伝子頻度による主成分分析の結果、精英樹群と木曾集団は散布図の中央部に分布し、他の天然林集団は南の集団から北の集団と時計回りで周縁部に分布した。

審 査 の 要 旨

本研究はヒノキのアイソザイム標識遺伝子座12座、対立遺伝子、計19個を新たに検出した。これは既報告の2遺伝子座に比べて、大幅な増加である。ヒノキさし木在来品種(南郷檜)のクローン分析の結果、総計32種類の遺伝子型を認め、3樹齢群を通じて大きな構成比をもった3つの共通クローン

を同定した。このクローン構成は本研究による新知見である。さらに異なる樹齢・環境条件下の林分を選定し、このクローン分別を行うことにより南郷檜の各クローンの成長・材質・各種抵抗性を解析する道が開けたことは育種的に重要な成果である。

12育種区別のヒノキ精英樹群のアイソザイムの遺伝的差異は僅少で、現行の育種区をまたがる造林利用の可能性を示唆した。ヒノキの天然分布の南域（四国・瀬戸内）で特異的に高い対立遺伝子が存在することを示し、ヒノキの過去の繁殖中心との一致を明らかにした。これは自然選択にあずかる遺伝子近傍に偶然にアイソザイム遺伝子が存在しているためと解釈できる貴重な結果である。また、天然林集団のアイソザイム遺伝変異量と類縁関係を明らかにした。ヒノキについて、このような総合的な遺伝育種の研究成果は、著者によるものが初めてであり、今後のヒノキの遺伝研究および育種研究と育種事業ならびに遺伝資源保存事業に対して大きく寄与するものである。

よって、著者は博士（農学）の学位を受けるに十分な資格を有するものと認める。